

Comparison between the Y-chromosome STR Profiles of Hughes de Bourbon and other Members of the House of Bourbon

G rard Lucotte¹ , Bruno Roy-Henry¹

¹Institute of Molecular Anthropology, 75005 Paris, France

R sum : Nous avons obtenu un profil   haute r solution, du chromosome Y-STR de Hugues de Bourbon, le descendant m le, fran ais, vivant, de la famille issue de Naundorff. Ce profil STR a  t  compar    ceux r cemment publi s de trois membres de la maison de Bourbon (Larmuseau et al, Eur J Hum Genet 2013; oct.9). Dans notre propre syst me de comparaison bas  sur 27 STRs le profil Hugues de Bourbon est tr s semblable   ceux des autres de Bourbon publi s, diff rant d'eux par six mutations seulement. Hugues de Bourbon poss de aussi le m me STR de diff renciation sub-terminal (S21), et appartient au sub-haplogroup du chromosome Y R1b1a2a1a1. Ces donn es sont suffisantes pour inclure Hugues de Bourbon comme un membre de la Maison de Bourbon.

Mots-cl s: chromosome Y haplotype, les membres de la famille de Bourbon; polymorphismes bi-nucl otidiques (SNP), courtes r p titions en tandem (STR)

INTRODUCTION

Karl Wilhelm Naundorff (initialement  crit Naundorf) est mort en 1845   Delft (Pays-Bas) , o  il a  t  enterr  sous le nom de Louis - Charles , duc de Normandie , « Louis XVII » ; sur sa tombe on peut lire : « Ici repose Louis XVII , Roi de France et de Navarre, n    Versailles le 27 mars 1785 , D c d  le 10 ao t 1845 , » Louis XVII  tait le nom de Louis - Charles (1785-1795 ?) , le deuxi me fils de la famille royale fran aise : Louis XVI (1754-1793) et Marie-Antoinette (1755-1793) . Selon les documents officiels, Louis - Charles est mort de la tuberculose dans la prison du Temple (  Paris) le 8 Juin 1795.

Au d but du 19 me si cle, plusieurs dizaines de personnes ont pr tendu  tre le fils de Louis XVI. Le plus c l bre d'entre eux est Naundorff, qui est venu   Paris en mai 1833. Il a vraisemblablement r ussi   pr senter des preuves suffisantes pour convaincre les anciens membres de la cour de Versailles de son illustre ascendance (et en particulier Mme de Rambaud, berceuse du Dauphin). Naundorff a  t  expuls  vers l'Angleterre par les autorit s fran aises, apr s 26 jours de prison, en juillet 1836.

Il y a une quinzaine d'années, Jehaes et al ¹ excluait Naundorff comme fils de Marie-Antoinette sur la base des séquences de l'ADN mitochondrial (ADNmt) à partir de ses restes par rapport aux séquences obtenues à partir de cheveux de deux sœurs de Marie-Antoinette, de Marie-Antoinette elle-même, et avec les séquences obtenues à partir des échantillons d'ADN de deux descendants maternels vivants. Très récemment ² le même laboratoire a produit les profils STR du chromosome Y de trois membres différents de la Maison de Bourbon. L'objectif du présent article est de comparer ces profils à celui d'Hugues de Bourbon, descendant direct, français, de Naundorff, afin d'élucider les relations patrilinéaires entre lui et ces membres de la famille de Bourbon.

Hugues de Bourbon (né en 1974) est le descendant vivant de la 4^{ème} génération (figure 1) de Karl Naundorff. La descendance de Naundorff porte aujourd'hui légalement (arrêt confirmatif du Tribunal de la Seine, le 26 Novembre 1913) en France, le nom «de Bourbon»; initialement avaient eu lieu les jugements de Bois-le-Duc (12 mars 1888) et de Maëstricht (20 mai 1891) Les tribunaux ont accordé l'usage du nom «de Bourbon» aux membres de la famille de Naundorff. Hugues de Bourbon est le fils unique de Charles-Louis-Edmond de Bourbon (Charles XII de jure) dernier dynaste de la branche aînée, de sorte Hughes pourrait être l'actuel roi de jure, depuis 2008. Hugues de Bourbon lui-même, intéressé par sa propre ascendance masculine, nous a contacté en Juin 2011.

MATÉRIEL ET MÉTHODES

Hugues de Bourbon (**H**) est le proposant pour cette étude. Des échantillons de frottis buccal de cet ADN ont été recueillis après consentement éclairé du donneur. L'extraction d'ADN a été effectuée en utilisant la méthode manuelle classique décrite précédemment. ³

Le procédé de transfert sudiste a été utilisé à l'aide de la sonde p49f, TaqI ⁴ pour la détermination à faible résolution de l'haplotype du chromosome Y de **H**. Les SNPs M343, P25, P297, M269, L23, L51, L11 et S21 / U106 ont ensuite été successivement génotypés sur l'échantillon par PCR en temps réel, afin d'établir son haplogroupe initial et les sous-haplogroupes ultérieurs; Les sous-clades successifs R1b ont été caractérisés selon les règles (dernière mise à jour en 2013) de la société Internationale de Généalogie génétique (ISOGG) ⁵. Les profils Y-STR à haute résolution ont été obtenus en utilisant le kit (FTDNA) Y-ADN 67 et le kit Genetrack-Biolabs (GB) Y-ADN 66, selon les instructions données par ces deux sociétés. L'haplotype composite obtenu a été soumis au prédicteur de Whit Athey ⁶, pour obtenir des probabilités pour les haplogroupes présumés.

RÉSULTATS

Par l'analyse en transfert sudiste, nous avons montré que **H** appartient à haplotype XV (A3, C1, D2, F1, I1). Selon nos publications antérieures ⁷⁻⁹, l'haplotype XV est l'haplotype principal en Europe de l'Ouest, atteignant plus de 70% des hommes français Basques.

L'haplotype XV correspond ¹⁰ au grand haplogroupe R1b, déterminé par le SNP M343 et décrit comme tel dans le premier arbre de cet haplogroupe publié ¹¹.

SNP successifs testés

Le tableau 1 montre les huit SNPs successifs (après M343) génotypés comme positifs pour **H**. Le SNP final de cette liste (S21 / U106) correspond au clade R1b1a2a1a1. Les cartes de fréquence publiées pour l'Europe occidentale ^{12,13} concernant les fréquences de S21 montrent des concentrations relativement élevées (environ 35%) de ces marqueurs génétiques dans les Pays-Bas, au Danemark et en Allemagne du Nord ; En France, les fréquences baissent de 5-10% dans l'Est à 1-5% dans le reste du pays, tombant à moins de 1% dans le Bassin d'Aquitaine.

Les Bourbons étudiés par Larmuseau et al ² ont été tous les trois assignés au SNP Z381 et à son sous-haplogroupe correspondant. Nous avons génotypé **H** pour ce SNP particulier: il est Z381- ; par conséquent, contrairement aux autres Bourbons testés, **H** appartient au sous-haplogroupe R1b1a2a1a1 (l'ISOGG clade équivalent à celui trouvé par Larmuseau et al ² pour Z-381 * est R1b1a2a1ac). La fréquence du sous-haplogroupe Z381 * n'est pas connue jusqu'à présent pour la plupart des régions de l'Ouest-Europe ; en Flandre ¹⁴, les fréquences estimées varient entre 5,5% et 12,9% selon les différentes régions.

Un profil Y-STR complet

Nous avons obtenu un profil complet du chromosome Y-STR de **H** en utilisant les kits FTDNA Y-ADN 67 et Y-ADN 66 . **H** appartient au clade R1b1a2a1a1 (dans la nomenclature précédente d'ISOGG 2012) par calcul avec le prédicteur d'haplogroupe Whit Athey .

Nous avons comparé les profils Y -STR (tableau 2) entre **H** et les trois Bourbons déjà publiés ² : Axel de Bourbon - Parme (**A**) , Sixte -Henri de Bourbon - Parme (**SH**) et Joao Henrique d'Orléans - Bragance - (**JH**) . Un nombre total de 27 marqueurs STR-Y ont été comparés.

Les marqueurs palindromiques STR DYS385.a et .b, et b DYS459.a et .b, DYS464.a , b, c et d, et DYS724 = CDY .a et .b ont été exclus des comparaisons , en raison de notre expérience personnelle relatives aux familles royales en France , (de Napoléon 1^{er} ¹⁵) : ces marqueurs STR palindromiques ne sont pas si faciles à utiliser pour comparer des valeurs d'allèles pour les branches latérales . En fait, les mécanismes précis de la variation individuelle pour ces sortes de marqueurs sont mal comprises (K

Norwed , communication personnelle) . Nous n'avons pas de données pour comparer pour ce qui concerne DYS365.

Le tableau 2 montre, dans notre propre système de comparaison pour 27 marqueurs génétiques STRs, qu'il y a un allèle variable (DYS570 = 16) sur 27 entre **A** et **SH** (séparés par 5 méïoses) . Il existe deux allèles variables (DYS389. I = 14 et DYS449 = 29) entre **JH** et les deux autres profils **A** et **SH**, respectivement séparés par, 23 et 22 méïoses. Six allèles variables seulement (DYS390 = 24 , DYS391 = 12 , DYS447 = 24 , DYS456 = 15 , DYS607 = 16 et GATA- H4 = 10) distinguent **H** et **SH** , si nous prenons **SH** comme le Bourbon de référence : BOR (parce qu'il n'a aucune mutation , par rapport aux autres , dans ce système de comparaison) .

Parmi les allèles variables entre **H** et **SH** , deux (allèles 24 pour DYS390 et pour DYS447) correspondent à un gain ou une perte d'une unité de répétition (1 étape de mutation) pour ces STRs , trois (allèles 12 pour DYS391 , allèle 15 pour DYS456 et allèle 10 de GATA- H4) correspondent à un gain ou une perte de deux unités répétées (à 2 étapes de mutations) et un (allèle 16 pour DYS 607) correspond à une perte de trois unités de répétition (3 étapes de mutation) . Nous ignorons le nombre de méïoses entre **H** et le dernier ancêtre commun Louis XIII, si c'est le cas, mais si Naundorff est Louis XVII, ce nombre est de 11.

Les taux de mutation¹⁶ pour les loci variables sont toujours dans la gamme 10^{-3} (tableau 2) ; l'allèle variable = 29 pour les **JH** et **H** (pour DYS449) correspond au taux de mutation le plus élevé pour des STRs observés jusqu'à présent ¹⁶ . Nous ne connaissons pas les taux de mutation de YCAII .a et .b, mais, en raison de la fiabilité observée de ces marqueurs génétiques à ce STR palindromique dans nos enquêtes précédentes ^{15, 17} , nous les avons inclus dans la présente étude .

Caractère unique de ce profil Y-STR

Le profil de 67 STR de **H** est unique, car n'a pas été trouvé dans la base de données FTDNA. Nous avons constaté par eSearch que la personne la plus proche trouvée dans cette base de données (ID: HMTT2) diffère de **H** pour 12 allèles, mais son haplogroupe est inconnu pour le moment. Le tableau 3 donne la liste des quatre individus dans la base de données, différents de **H** par 14, 15, 16 et 18 allèles seulement. Les deux premiers (un individu en Ecosse et l'autre d'origine inconnue) diffèrent de **H** par 14 et 15 allèles, respectivement ; les deux sont R1b1a2a1a. Le troisième individu proche (16 allèles de différence) originaire de l'Italie, appartient à l'haplogroupe R1b1a2a1a1b3c1 (L21) et le quatrième (différence de 18 allèles), d'Italie aussi, appartient à l'haplogroupe R1b1a2a1a1b (P312). Ainsi, une valeur de différence allélique jusqu'à 14-15 délimite les 67 profils Y-STR correspondant à l'haplogroupe R1b1a2a1a1

DISCUSSION

Karl Wilhelm Naundorff n'a pas été retenu de la Maison de Bourbon à l'occasion d' une étude génétique initiale ¹, sur la base de non- correspondance de ses séquences ADN mitochondriales hypervariables HVR1 et HVR2 détectées dans son présumé humérus droit, et les séquences obtenues d' Anne de Roumanie, liée à Marie- Antoinette par sept étapes de transmission génétique en lignée féminine. Un autre argument dans la

même direction concerne la perte d'un site intermédiaire (situé dans l'ADNmt entre HVR1 et HVR2) *Haelll* à partir de l'os de Naundorff, par rapport à son gain chez Anne de Roumanie et dans les cheveux de Marie -Antoinette et de ses sœurs.

Mais à présent , de nouvelles informations sur les polymorphismes de l'ADN du chromosome Y semblent bien nous raconter une autre histoire : l'ADN du chromosome Y de Hugues de Bourbon , descendant vivant à la 4ème génération de Naundorff , montre de très fortes similitudes avec ceux des trois membres de la Maison de Bourbon (Axel de Bourbon -Parme , Sixte -Henri de Bourbon -Parme et Joao Henrique d'Orléans - Bragance) publiés récemment ² : Son profil STR (courtes répétitions en tandem), dans notre système de comparaison de 27 marqueurs génétiques, ne diffère que par six mutations de celui des trois autres Bourbons .

En outre, Hugues de Bourbon appartient au même sous-clade de SNP différenciation (clade R1b1a2a1a1) que celui des trois autres Bourbons étudiés précédemment ; le sous-haplogroupe R-Z381 est un sous-groupe de R-S21 (S21 étant l'antépénultien SNP génotypé dans la lignée), un haplogroupe trouvé à des fréquences relativement élevées aux Pays-Bas et en Allemagne du Nord.

Six mutations de différences (résultats obtenus ici), pour 27 STRs comparés entre Hugues de Bourbon et les trois autres de Bourbon précédemment génotypés ² , est un critère pertinent pour inclure (génétiquement) Hugues de Bourbon dans la famille de Bourbon: en utilisant leur propre lot de marqueurs STR testés ¹⁸ , Larmuseau *et al* ¹⁹ , dans leurs études pilotes en Belgique sur les familles d'origines récentes (principalement depuis la Révolution Industrielle au début du 19e Siècle) ont retenu un nombre de ≥ 6 différences (sur 38) comme borne de référence pour exclure certains individus issus de familles identifiées par leurs noms de famille (ou des noms voisins) . Un autre aspect apparent de certaines divergences entre le profil de STR de Hugues de Bourbon et ceux des trois autres Bourbons étudiés est l'observation qu'il en diffère par trois mutations « 2 étapes » pour DYS391 , DYS456 , et pour GATA- H4 et même par « 3 étapes » pour DYS607 , alors que, pour Hughes par rapport aux autres pour DYS90 et DYS447 , comme pour les Bourbons comparés entre eux pour le DYS389 . I, DYS449 et DYS510 - c'est le mode « 1 étape » pour les mutations correspondantes. Mais le modèle (connu) à une étape de variation pour les marqueurs STR n'est certainement pas aussi simple pour les SNPs . Dans notre expérience sur la famille Napoléon ¹⁵ , par exemple, nous avons établi que DYS454 (initialement considéré comme le marqueur le plus stable à ce moment ²⁰) change de « 4 étapes » en une seule génération, étant identifié comme un marqueur génétique caractéristique de la lignée « Jérôme (le plus jeune frère de Napoléon) ».

Mais le biais le plus important dans ce genre de comparaisons entre le profil de STR de Hugues de Bourbon et ceux des trois autres de Bourbon publiés récemment est due au choix (P Delorme ; communication personnelle) des Bourbons utilisés pour les comparaisons, et par conséquent du Bourbon de référence (BOR). Si , probablement , le dernier ancêtre commun dans l'arbre généalogique (voir Larmuseau *et al* . ²) est Louis XIII , Sixte-Henri de Bourbon -Parme n' est en fait certainement pas le BOR (il a été artificiellement choisi ici en tant que tel , car il n'avait pas de mutations par rapport à tous les autres) ; Sixte-Henri est séparé d' Axel de Bourbon -Parme par cinq méioses

seulement , et il n'est pas surprenant que les deux aient pratiquement le même profil Y - STR . Axel dérive latéralement à partir de la racine principale au niveau sous Louis le Grand Dauphin, et est séparé de l'ancêtre commun par treize méïoses. Joao Henrique d'Orléans - Bragance, le plus éloigné des trois, est un descendant de Philippe, duc d'Orléans (latéralement, le frère de Louis XIV) et est séparé de Louis XIII par douze méïoses. Si Naundorff est Louis XVII, il est en lignée directe, séparé de Louis XIII par 11 méïoses.

La conséquence pratique de ces résultats est que, dans cette hypothèse, les trois profils Bourbons déjà publiés doivent être comparés par rapport à Hughes de Bourbon, et non le contraire. Pour d'autres comparaisons, il serait nécessaire d'étudier d'autres membres de la Famille de Bourbon, situés plus près de la branche principale. Une autre nécessité pour des comparaisons efficaces est de les génotyper avec un ensemble complet de marqueurs génétiques STR, comme nous le faisons pour Hugues de Bourbon.

La découverte de nouveaux marqueurs SNP dans l' haplogroupe R1b1a2 (M269) est maintenant un domaine en pleine expansion. En conséquence du «1000 Génomes Project», un ensemble de nouveaux SNPs situés au-dessus et au-dessous de Z381 a été récemment décrit ²¹. Leur utilisation pourrait nous permettre de détecter le point de branchement précis dans l'arbre où Hugues de Bourbon se sépare des autres membres de Bourbon.

Mais l'information la plus importante à vérifier est l'affirmation initiale ¹, sur la base de l'ADNmt, que Naundorff n'est pas Louis XVII. En fait, une telle affirmation repose sur la constatation par ces auteurs d'une non-concordance entre les variations de la séquence de l'ADN mitochondrial entre Anne de Roumanie (un échantillon de sang) et Naundorff (échantillons osseux), mais les échantillons osseux de Naundorff proviennent du cercueil qui a été ouvert à l'occasion de la restauration de son lieu de sépulture en 1950 à Delft, et ses échantillons de cheveux - dont les auteurs n'ont jamais réussi à obtenir des séquences d'ADN mitochondrial – ont été conservés dans des enveloppes scellées prises comme échantillons à la même occasion (donnée par l'archiviste de la ville de Delft).

Si Naundorff est Louis XVII, l'haplogroupe ADNmt de ses cheveux doit être de type maternel «Habsbourg» (P Germain; communication personnelle). Nous sommes maintenant engagés dans une étude, basée sur des cheveux de Naundorff authentifiés prélevés après sa mort, afin de clarifier ce point important.

CONCLUSION

Les résultats présentés dans la présente étude sur la comparaison des marqueurs génétiques du chromosome Y entre Hughes de Bourbon et trois descendants actuels vivant de la maison de Bourbon récemment publiés (Larmuseau et al ²) établissent que: 1 / Hughes de Bourbon appartient au même sous-clade de patrilignage SNP de différenciation actuelle (clade R1b1a2a1a1, marqueur SNP de sous-terminal S21) que les autres Bourbons étudiés (ces Bourbons n'ont pas été testés pour S21 mais, étant Z381 +, sont obligatoires S21 +). 2 / Le profil haute résolution (dans notre propre système de 27 STR de comparaison) de Hugues de Bourbon est grandement similaire à ceux des autres Bourbons, différents d'eux par six mutations seulement. 3 / Sur la base de ce critère de six mutations, Hugues de Bourbon peut être considéré comme

étant un membre de la famille de Bourbon, selon les règles établies de relations généalogiques dans des familles avec des noms de famille identiques. Il faut noter que ce seuil de six mutations de différences concerne les familles d'origines relativement récentes¹⁹. Ainsi, parce que la famille de Bourbon est très ancienne (elle peut être retracée au moins depuis Henri IV, pour les dynasties royales françaises), un tel critère de six mutations de différences correspond à une valeur minimale.

Liste des abréviations

SNP: simple nucléotide polymorphisme; STR: répétition en tandem court; ADNmt: l'ADN mitochondrial, ISOGG: Société Internationale de Généalogie Génétique, FTDNA: Family Tree DNA; GB: Genetrack-Biolabs.

Remerciements

Nous remercions Hugues de Bourbon pour le don de son échantillon d'ADN. Merci aux laboratoires FTDNA et GB pour leurs résultats concernant les SNPs et STRs du chromosome Y; nous remercions beaucoup Peter Hrechdakian qui était notre expert dans ce domaine. L'historien indépendant Bruno Roy-Henry a été à l'origine du projet. Cette étude fait partie des enquêtes génétiques développées à l'Institut d'anthropologie Moléculaire sur les familles royales en France.

References

- 1 Jehaes E, Decorte R, Peneau *et al* : Mitochondrial DNA analysis on remains of a putative son of Louis XVII, King of France and Marie-Antoinette. *Eur J Human Genet* 2001 ; **9** : 185-190.
- 2 Larmuseau MHD, Delorme P, Germain P *et al* : Genetic genealogy reveals true Y haplogroup of House of Bourbon contradicting recent identification of the presumed remains of two French Kings. *Eur J Human Genet* 2013 ; oct 9 doi : 10. 1038 / ejhg. 2013. 211.
- 3 Gautreau C, Rahuel C, Cartron JP, Lucotte G : Comparison of two methods of high-molecular-weight DNA isolation from human leucocytes. *Analyt Biochem* 1983 ; **134** : 320-324.
- 4 Lucotte G, Ngo KY : P49, a highly polymorphic probe that detects *Taq* I RFLPs on the human Y chromosome. *Nucl Acids Res* 1985, **13** : 8285.
- 5 Y-DNA haplogroup R and its subclades : http://www.isogg.org/tree/ISOOG_HapgrpR.html.
- 6 Athey WT : Haplogroup prediction from Y-STR values using a Bayesian-allele-frequency approach. *J Genet Genealogy* 2006 ; **2** : 34-39.
- 7 Lucotte G, Hazout S : Y-chromosome DNA haplotypes in Basques. *J Mol Evol* 1996 ; **42** : 472-475.
- 8 Lucotte G, Loirat F : Y-chromosome DNA haplotypes in Europe. *Hum Biol* 1999 ; **71** : 431-437.
- 9 Diéterlen F, Lucotte G : Haplotype XV of the Y-chromosome is the main haplotype in West- Europe. *Biomed Pharmacol* 2005 ; **59** : 269-272.
- 10 Jobling MA. A survey of long-range DNA polymorphisms on the human Y-chromosome. *Hum Mol Genet* 1994 ; **3** : 107-114
- 11 Y-chromosome Consortium. A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups. *Geome Res* 2002 ; **12** : 339-348.
- 12 Myres NM, Rootsi S, Lin AA *et al* : A major Y-Chromosome haplogroup R1b holocene era founder effect in Central and Western Europe. *Eur J Hum Genet* 2011 ; **19** : 95-101.
- 13 Busby GBJ, Brisighelli F, Sanchez-Diz P *et al* : The peopling of Europe and the cautionary tale of Y chromosome lineage R-M269. *Proc Roy Soc B* 2012 ; **279** : 884-892.
- 14 Larmuseau MHD, Vanderheyden N, Van Geystelen A, van Oven M, Kayser M, Decorte R : Increasing phylogenetic resolution still informative for Y chromosomal studies on West-European populations. *Forensic Sci Int Genet* 2013 (<http://dx.doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.04.002>).
- 15 Lucotte G, Macé J, Hrechdakian P : Reconstruction of the lineage Y chromosome haplotype of Napoléon the First. *Int J Sci* 2013 ; **2** : 127-139.
- 16 Burgarella C, Navascues M : Mutation rate estimates for 110 Y-chromosome STRs combining population and father-son pair data. *Eur J Hum Genet* 2011 ; **19** : 70-75.
- 17 Lucotte G, Thomasset T, Hrechdakian P : Haplogroup of the Y chromosome of Napoléon the first. *J Mol Biol Res* 2011 ; **1** : 12-19.
- 18 Larmuseau MHD, Vanderheyden N, Jacobs M, Coomans M, Larno L, Decorte R : Micro-geographic distribution of Y-chromosomal variation in the central-western European region Brabant. *Forensic Sci Int Genet* 2011 ; **5** : 95-99.
- 19 Larmuseau MHD, Ottoni C, Raeymaekers JAM, Vanderheyden N, Larmuseau HFM, Decorte R : Temporal differentiation across West-European Y-chromosomal cline ; genealogy as a tool in human population genetics. *Eur J Hum Genet* 2012 ; **20** : 434-440.
- 20 Redd A, Agellon ALB, Kearney VA *et al* : Forensic value of 14 novel STRs on the human Y chromosome. *Forensic Sci Int Genet* 2002 ; **130** : 97-111.
- 21 Rocca RA, Magoon G, Reynolds DF *et al* : Discovery of Western European R1b1a2 Y chromosome variants in 1000 Genomes Project data ; an online community Approach. *PLOS ONE* 2012 ; **7** : e41634.

Tableau 1 : marqueurs SNPs successifs testés pour Hugues de Bourbon et (en gras) les haplogroupes et sous haplogroupes correspondants.

Table 1. Successive SNPs markers tested in Hugues de Bourbon and (in bold) the corresponding haplogroup and sub-haplogroups.

<i>Successive SNP numbers</i>	<i>SNPs</i>	<i>Haplogroups</i>
1	M343	R1b
2	P25	R1b1
3	P297	R1b1a
4	M269	R1b1a2
5	L23	R1b1a2a
6	L51	R1b1a2a1
7	L11	R1b1a2a1a
8	S21/U106	R1b1a2a1a1

Tableau 2 : Profils Y-STRs comparés pour 27 STRs entre Hugues de Bourbon et trois autres membres de la famille Bourbon analysés précédemment ; les allèles variables sont indiqués en italique et les taux de mutations correspondants en gras.

Table 2. Compared 27 Y-STR profiles between Hughes de Bourbon and the three previously analyzed members of the Bourbon family; variable alleles are indicated in italics and the corresponding mutation rates in bold.

<i>Nbrs STRs</i>	<i>Bourbons</i> ²				<i>Mutation rates</i> ¹⁶
	<i>H</i>	<i>A</i>	<i>SH</i>	<i>JH</i>	
1. DYS19 = 394	14	14	14	14	2.8 x 10 ⁻³
2. DYS388	12	12	12	12	4.6 x 10 ⁻⁴
3. DYS389.I	13	13	13	<i>14</i>	2.2 x 10⁻³
4. DYS389.b (= DYS389.II minus DYS389.I)	16	16	16	16	2.5 x 10 ⁻³
5. DYS390 = 708	24	23	23	23	4.7 x 10⁻³
6. DYS391	<i>12</i>	10	10	10	2.0 x 10⁻³
7. DYS392	13	13	13	13	4.8 x 10 ⁻⁴
8. DYS393 = 395	13	13	13	13	2.6 x 10 ⁻³
9. DYS426 = 483	12	12	12	12	4.6 x 10 ⁻⁴
10. DYS437 = 457	15	15	15	15	2.3 x 10 ⁻³
11. DYS438	12	12	12	12	7.5 x 10 ⁻⁴
12. DYS439 = GATA-A4	12	12	12	12	2.9 x 10 ⁻³
13. DYS442	18	18	18	18	1.9 x 10 ⁻³
14. DYS447	24	25	25	25	7.4 x 10⁻⁴
15. DYS448	19	19	19	19	1.7 x 10 ⁻³
16. DYS449	29	28	28	29	9.6 x 10⁻³
17. DYS454 = 639	11	11	11	11	2.2 x 10 ⁻³
18. DYS455	11	11	11	11	2.2 x 10 ⁻³
19. DYS456	<i>15</i>	17	17	17	3.3 x 10⁻³
20. DYS458	18	18	18	18	4.8 x 10 ⁻³
21. DYS460 = GATA-A7.1	12	12	12	12	2.5 x 10 ⁻³
22. DYS570	17	<i>16</i>	17	17	4.2 x 10⁻³
23. DYS576	16	16	16	16	4.2 x 10 ⁻³
24. DYS607	<i>16</i>	19	19	19	3.7 x 10⁻³
25. GATA-H4	<i>10</i>	12	12	12	2.2 x 10⁻³
26. YCAII.a	19	19	19	19	
27. YCAII.b	23	23	23	23	

Tableau 3 : Les quatre individus les plus proches de H trouvés dans la banque de données FTDNA

Table 3. The four more proximal from **H** genotyped individuals found in the FTDNA database.

<i>User ID</i>	<i>Pedigree</i>	<i>Origin</i>	<i>Haplogroup</i>	<i>Genetic distance</i>
QQE37	unknown	Scotland	R1b1a2a1a1a1a	14
NPJPS	known	unknown	R1b1a2a1a1a1a	15
DG5V7	unknown	Italy (Lombardy)	R1b1a2a1a1b3c1	16
9UBN2	partially known	Italy (Perledo)	R1b1a2a1a1b	18

Figure 1 : Vue générale des relations patrilinéaires – sur cinq générations successives- des hommes de Bourbon (dates de naissance et de mort) depuis l’ancêtre paternel commun Karl Naundorff. Le cadre correspondant à l’actuel Hugues de Bourbon, étudié ici, est en grisé.

Figure 1. Overview of the patrilineal relationships – in five successive generations – of de Bourbon males (birth and death dates) since the paternal ancestor Karl Naundorff. The living Hugues de Bourbon, studied here, is given in grey.

