

couche de cellules qui, chez nos ancêtres, devint sensible à la lumière n'était pas disposée de la même façon que la couche équivalente des calmars. Les deux structures ont alors évolué chacune à leur façon, et il n'existe aucun moyen de revenir en arrière.

Cette interdépendance des mécanismes évolutifs explique, par exemple, que l'on risque de s'étouffer quand des aliments solides obstruent nos bronches : les voies respiratoires et digestives se croisent parce que, chez un ancêtre des poissons à poumons, l'air était inspiré par un orifice situé sur le dessus du museau et aboutissait dans un espace localisé sur le trajet des aliments.

Des organes inutiles et qui risquent d'entraîner la mort ont même parfois été sélectionnés : c'est le cas de l'appendice, vestige d'une cavité que nos ancêtres utilisaient au cours de la digestion. Aujourd'hui, l'appendice ne sert plus à rien : pourquoi la sélection naturelle ne l'a-t-elle pas éliminé ? Une appendicite résulte d'une inflammation, et d'un gonflement qui comprime l'artère irriguant l'appendice. Quand le sang circule normalement, les bactéries ne peuvent se développer. En revanche, toute réduction du débit risque de favoriser une infection, donc un gonflement, lequel comprime l'artère et diminue encore le débit sanguin. Quand le sang cesse de circuler, les bactéries se multiplient jusqu'à ce que la paroi de l'appendice se rompe. Un petit appendice risque plus d'être infecté, et c'est pourquoi, paradoxalement, la pression de sélection favorise les gros appendices. L'organisme humain n'est pas parfait, et une analyse évolutive révèle que certains des organes ou des mécanismes physiologiques hérités de nos ancêtres sont néfastes ; nous avons même un certain nombre de « talons d'Achille » soigneusement épargnés par la sélection naturelle.

Évolution de la médecine darwinienne

Malgré la puissance du modèle darwinien, la biologie évolutionniste s'est difficilement imposée. La plupart des maladies diminuent la capacité de transmission des gènes : la sélection naturelle semble expliquer la santé, mais pas la maladie. L'approche darwinienne n'a de sens que si l'on se demande pourquoi l'on est sensible aux maladies. De surcroît, il est erroné de croire que la sélection naturelle privilégie la santé :

elle ne fait qu'optimiser le succès reproducteur des gènes. Les gènes qui augmentent le succès reproducteur sont de plus en plus nombreux, même s'ils compromettent la santé des individus qui les portent.

Ainsi, l'histoire et diverses conceptions erronées ont entravé le développement de la médecine darwinienne. Une approche évolutionniste ne sera pas acceptée avant d'avoir été débarrassée de certaines idées reçues : par exemple, chaque fois que l'évolution et la médecine sont associées, le spectre de l'eugénisme réapparaît. Or, même si l'approche darwinienne montre que tous les organismes humains sont également vulnérables face à la maladie, nous ne pouvons envisager, ni *a fortiori* même mettre en œuvre une quelconque tentative d'amélioration de l'espèce. En revanche, notre approche souligne que des défauts génétiques apparents ont parfois une utilité adaptative méconnue, qu'un génome « normal » n'existe pas, et que la notion de « normalité » est même simpliste.

L'application systématique de la biologie évolutionniste à la médecine est une entreprise toute nouvelle. Comme la biochimie au début du XX^e siècle, la médecine darwinienne devra démontrer son utilité. Il faudra du temps et des moyens aux spécialistes de cette nouvelle discipline pour tester leurs hypothèses et les valider.

La perspective évolutionniste relie la maladie et le fonctionnement normal, fédère des voies de la recherche médicale jusqu'alors disjointes et ouvre de nouveaux domaines aux biologistes. Si ces recherches sont fructueuses, la biologie évolutionniste devrait devenir une science médicale fondamentale à part entière.

Randolph NESSE est professeur de psychiatrie à la Faculté de médecine du Michigan. George Williams est professeur émérite d'écologie et d'évolution à l'Université de Stony Brook.

P.W. EWALD, *Evolution of Infectious Disease*, Oxford University Press, 1994.

M.T. McGUIRE et A. TROISI, *Darwinian Psychiatry*, Harvard University Press, 1998.

Evolution in Health and Disease, sous la direction de S. Stearns, Oxford University Press, 1998.

W.R. TEVATHAN et al., *Evolutionary Medicine*, Oxford University Press, à paraître.

L'instructive histoire des noms de familles

JEAN-MARIE LEGAY • MICHEL VERNAY

La transmission des noms de familles obéit à des lois génétiques. Leur histoire renseigne sur l'Histoire des hommes, sur leur origine géographique et sociale, ainsi que sur les migrations.

En France, les patronymes se transmettent par le père, et cette transmission est analogue à celle d'un gène porté par le chromosome Y (chromosome sexuel présent uniquement chez l'homme). Associant ainsi patronymie et génétique, les noms de familles constituent un outil efficace de connaissance de l'histoire migratoire et démographique depuis leur émergence, il y a environ sept siècles.

Aucun autre marqueur n'offre une telle possibilité : dans le meilleur des cas, les généalogies ne remontent guère au-delà du XVI^e siècle, quant aux analyses à partir des allèles (des variantes de gènes), d'une part, elles ne sont disponibles que pour les populations contemporaines et, d'autre part, les allèles ont émergé il y a trop longtemps pour permettre une exploration efficace de notre histoire récente. Aussi l'analyse de la dynamique et de la dispersion géographique des

patronymes est-elle devenue un axe important de recherche en génétique des populations.

Après avoir analysé les mécanismes d'apparition, de transmission et de disparition des patronymes, nous examinerons comment, dans quelques départements, la répartition des patronymes renseigne sur l'immigration, ainsi que sur les mécanismes de

diffusion des patronymes. Lorsque l'on étend la zone de couverture, la répartition des variantes orthographiques ou de prononciation d'un patronyme permet de retrouver son origine géographique, alors qu'à l'examen de la répartition du patronyme lui-même, cette information n'apparaissait pas. Enfin, nous verrons comment l'isonymie matrimoniale (les mariages entre personnes qui portent le même nom) renseigne sur la parenté généalogique.

Le besoin d'identification a conduit les hommes à se donner des noms. Dans des groupes peu nombreux, l'identification n'était pas difficile et, aujourd'hui encore, certaines populations emploient des procédés simples. Selon Roberte Tomassone, les Pygmées Aka de la région de Basse Lobaye, en

République centrafricaine, désignent le nouveau-né du nom d'un objet caractéristique (plante, animal) de l'environnement où sa mère lui a donné le jour. Les Esquimaux de Thulé se servent du nom d'un parent connu et apprécié qu'ils réutilisent pour le nouveau-né, espérant ainsi lui donner les qualités de l'ancêtre. Les Touaregs du Hoggar tirent à la courte paille après la naissance un nom parmi plusieurs considérés comme convenables et choisis avant la naissance ; on y accole le nom du père et on y ajoute parfois un surnom.

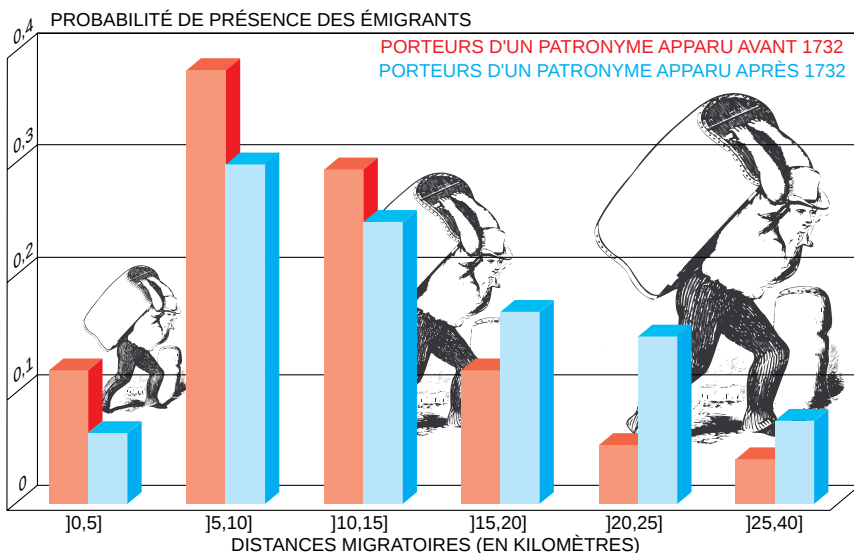
Les premiers noms

Dans la plupart des populations, ce premier nom, qui est définitif, va devenir un prénom (un nom de baptême dans le monde catholique) qui ne peut rester seul, car les possibilités sont trop peu nombreuses pour ne pas entraîner répétitions et donc confusions : seules quelques centaines de prénoms existaient et les plus usités étaient moins d'une centaine. En France, dès le IX^e siècle, on commence ainsi à associer un deuxième qualificatif au prénom en se fondant sur l'origine géographique locale (Jean du Pré, Jean de la Plaine),

sur le métier (Jean le Maçon), sur une caractéristique physique marquante (Jean le Rouge, en raison de la couleur des cheveux), intellectuelle ou morale (Jean le Goupil, rusé comme un renard) et, d'une façon générale, sur toutes sortes de sobriquets plus ou moins durables (Charles le Mauvais, Pierre le Hardi, etc.).

L'usage du deuxième nom s'établit progressivement au XII^e siècle, un peu plus vite en ville qu'à la campagne. Cette pratique se généralise en France au XIII^e siècle. Pour ce nom, la parenté entre en jeu dans le repérage de l'individu. On dit explicitement que telle personne est le fils ou la fille de l'autre. Toutes les langues conservent des traces de cette pratique : Gustavson était le fils de Gustav, Ivanovitch, le fils d'Ivan, Ibn Hazm le fils d'Hazm, etc. Ce repérage par la parenté va rapidement prendre une importance considérable, car le nom passe ainsi de l'individu à la famille, et finalement, le nom devient héréditaire, d'abord dans les familles royales, puis ailleurs. Il s'accompagnera de la propriété d'une terre, d'un château, mais aussi de biens plus modestes comme une échoppe ou une maison.

1. PHOTOGRAPHIE DE MARIAGE du début du siècle. Les mariages entre cousins plus ou moins éloignés, mais portant le même nom, et l'absence de descendants, renforcent certains patronymes et en éliminent d'autres. Sur les 488 000 patronymes différents répertoriés en France, entre 1891 et 1915, 152 000 disparaissent dans la période 1916-1940, dont 115 000 étaient portés par un seul individu.



2. L'ÉVOLUTION DE LA PROBABILITÉ DE PRÉSENCE des individus nés dans quatre communes rurales de la vallée de la Valeserine (Ain,) entre 1871 et 1910, fait apparaître que les porteurs d'un patronyme apparu dans la vallée après 1732 sont moins enracinés : ils migrent plus loin que les porteurs d'un patronyme apparu antérieurement.

Les règles déterminant l'héritage d'un nom ont posé des problèmes, mais c'est la voie patrilinéaire (les enfants prennent le nom de famille de leur père) qui l'a finalement emporté, avec des tentatives diverses de modulations, plus ou moins heureuses. Par exemple, dans le monde hispanique, on associe le nom du père et le nom de jeune fille de la mère : les enfants portent simultanément les patronymes des grands-pères paternels et maternels. Par exemple, l'auteur de *Cent ans de solitude* se nomme Gabriel Garcia Marquez, où Garcia était le nom de son père et Marquez celui de sa mère. En revanche, l'association de plus de deux noms est matériellement trop lourde.

La féminisation des noms est un moyen complémentaire de différen-

ciation des personnes. Dans la région lyonnaise, au XV^e siècle, un Gonthier est devenu Gonthière : il désigne la femme dans cette famille.

Les exigences économiques et sociales vont conforter l'évolution vers une meilleure reconnaissance individuelle. L'organisation administrative de la société requiert des évaluations démographiques, des décomptes, et, finalement, de véritables recensements. Dès 1539, l'ordonnance de Villers-Cotterêts (établie par François I^{er}), qui impose le français comme langue officielle, donne naissance à l'état civil en obligeant les curés à tenir des registres de baptême et de décès. Toutefois, ce n'est qu'après la Révolution, en 1803, que l'héritage patronymique devient patrilinéaire.

Auparavant, les gens étaient libres d'adopter le nom de leur choix, interdisant les recherches de filiation.

L'étude des noms de personnes (l'anthroponymie) a montré que, pour la France, leur origine (l'ononastique) pouvait être latine, gallo-latine, gallo-germanique, puis plus proprement française ; à ces patronymes se sont mêlées des introductions étrangères, italienne, flamande, allemande, ou des influences confessionnelles, chrétienne et juive. Les interactions entre l'anthroponymie, l'histoire, la sociologie et, bien entendu, la linguistique, sont fortes et extrêmement instructives.

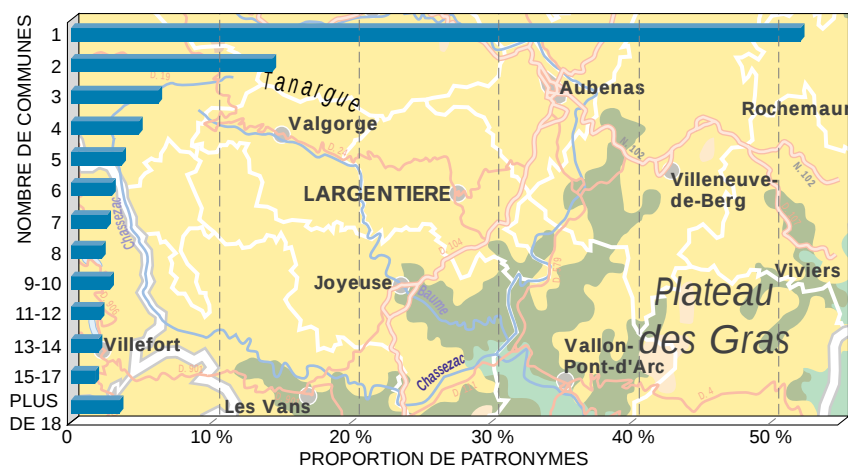
Lorsque le nom devient héréditaire, l'analogie avec l'hérédité génétique est patente. Le patronyme est alors un marqueur de l'hérédité patrilinéaire. Dès lors, l'étude des patronymes n'est plus seulement une curiosité historique sur l'origine des familles, mais elle devient un moyen d'investigation de la biologie et de la génétique des populations humaines. Nous en verrons quelques illustrations.

Variations des fréquences des patronymes

Les patronymes sont très variés. Parmi les naissances enregistrées en France métropolitaine entre 1891 et 1915, l'équipe de Pierre Darlu, du Laboratoire d'épidémiologie génétique de l'INSERM, a dénombré environ 489 000 patronymes différents, dont plus du tiers (174 000) ne sont représentés qu'une seule fois. Mais ces décomptes sont très discutés en raison des erreurs dans les registres et des modifications orthographiques. En 1986, la Société France Télécom recensait 800 000 patronymes distincts parmi près de 30 millions d'abonnés au téléphone.

Si leur caractère héréditaire confère aux patronymes une certaine stabilité, plusieurs phénomènes modifient leur fréquence. Ainsi, au cours du temps, l'ensemble des patronymes n'est pas figé : certains patronymes se sont éteints, d'autres ont fait leur apparition, d'autres encore ont seulement vu leur importance augmenter ou se réduire, au gré des crises démographiques.

Par quels mécanismes les fréquences patronymiques sont-elles modifiées ? La disparition d'un patronyme résulte de l'arrêt de certaines lignées porteuses de tel ou tel patronyme, par l'absence totale de descendants ou par l'absence



3. RÉPARTITION DES PATRONYMES en fonction du nombre de communes où ils sont présents, dans l'arrondissement de Largentière (Ardèche), entre 1891 et 1915. La plupart des patronymes présents dans une seule commune sont des patronymes portés par une seule famille. Ainsi, la proportion de ces patronymes est un indicateur de l'immigration.

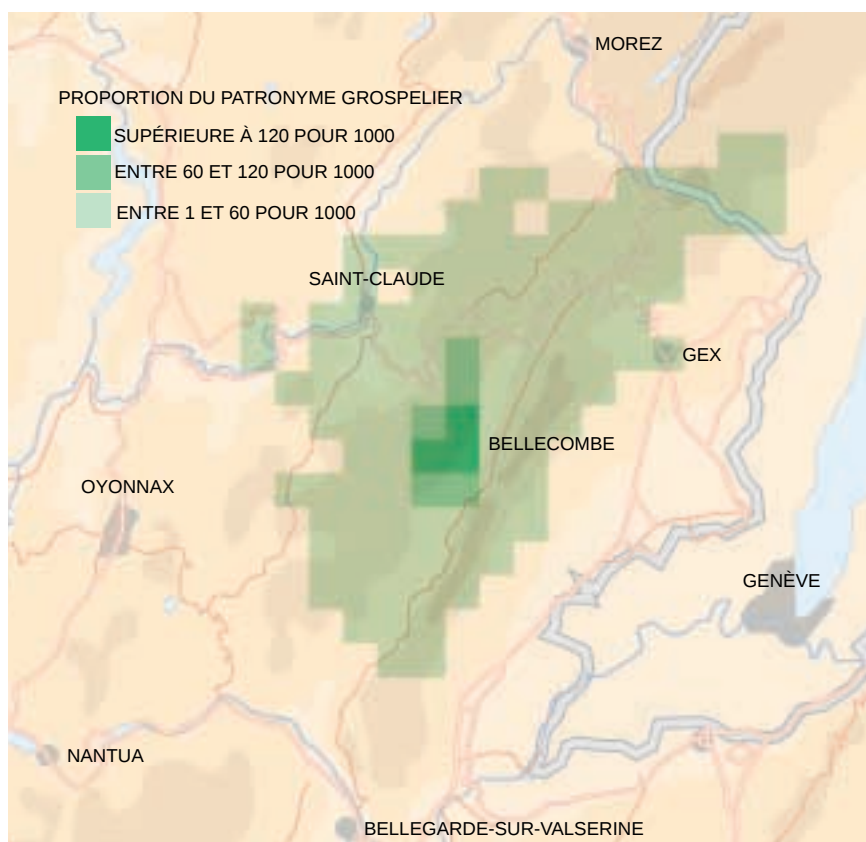
de descendants de sexe masculin. La disparition de patronymes est attestée par les tombes abandonnées dans les cimetières et par l'étude d'arbres généalogiques. Selon certains généticiens des populations, en raison de ces disparitions de lignées, les Français actuels descendraient d'une dizaine de familles seulement du temps de Charlemagne!

Au-delà des différences individuelles de fertilité (quelle que soit l'époque, environ dix pour cent des couples n'ont pas de descendants), d'autres facteurs, comme la mortalité infantile, le taux de nuptialité, les obligations de célibat dans certaines religions et la mobilité géographique ont également joué sur le nombre final de descendants et, par conséquent, sur le devenir des patronymes d'une génération à l'autre. Aux facteurs biologiques influant sur la fertilité, s'ajoute une très forte sélection sociale : on se marie avec des personnes qui ont les mêmes revenus, les mêmes possessions agricoles ou le même niveau d'instruction. Cette endogamie joue sur la répartition des patronymes dans les différentes couches sociales.

Lors de l'analyse des émigrants qui quittaient quatre communes rurales de la vallée de la Valserine (département de l'Ain), il nous est ainsi apparu que la migration dépendait de l'«enracinement» généalogique des individus, enracinement révélé par la durée de présence dans la vallée du patronyme porté (voir la figure 2). La probabilité de rester sur place est d'autant plus élevée et le rayon de migration est d'autant plus court (si un départ survient) que le patronyme porté est apparu tôt dans les registres de baptême.

La différence de fécondité entre les groupes renforce la ségrégation géographique de certains individus et, en conséquence, augmente, dans certaines régions, le poids démographique, génétique, mais aussi social et culturel de certains groupes au détriment d'autres groupes. Par exemple, dans la vallée de la Valserine, on observe que les émigrés récents ont, en moyenne, moins d'enfants que les natifs, peut-être en raison d'une crainte de l'avenir qui n'existe pas chez les plus anciens habitants.

Les apparitions de nouveaux patronymes résultent essentiellement de trois mécanismes. Le premier est dû à un choix délibéré : les porteurs de patronymes incongrus, de prononciation difficile, ou encore donnant des indices



4. LA RÉPARTITION GÉOGRAPHIQUE des naissances des individus du nom Grospeilier dans la région du Haut-Jura pour la période 1891-1915 est typique d'une diffusion suivant le modèle de l'isolation par la distance : très élevé dans la commune jurassienne de Bellecombe (17 pour cent des patronymes), le nombre de porteurs de ce nom diminue à mesure que l'on s'éloigne du foyer principal.

d'origines (ethniques ou confessionnelles) non souhaitées, demandent officiellement à modifier leur nom, ce qui est souvent accepté. Le deuxième mécanisme est involontaire : c'est celui des erreurs de prononciation ou de transcription, encore fréquentes aujourd'hui, même dans une administration d'état civil qu'on pourrait croire au-dessus de toute faiblesse. Enfin, le troisième mécanisme résulte d'échanges migratoires plus ou moins anciens avec d'autres pays ou régions. Par exemple, au lendemain de la Première Guerre mondiale, on note, dans les registres des naissances des agglomérations de la vallée du Rhône, l'apparition de nombreux patronymes d'origine arménienne (tels Aznavourian ou Dolabjian), jamais enregistrés auparavant, conséquence de l'exode des Arméniens à la suite du génocide perpétré par la Turquie, en 1915.

Le bilan des mécanismes d'émergence et de disparition que nous venons d'évoquer est aujourd'hui négatif. Le système anthroponymique actuel entraîne un appauvrissement du capital de patronymes. Depuis l'ordonnance de

Villers-Cotterêts, les noms fréquents sont avantagés aux dépens des noms rares.

Les noms se raréfient

L'historien Michel Tesnière évalue les pertes séculaires à environ 8 000 patronymes. D'autres historiens, dont Anne Lefèvre-Teillard, de l'Université Paris 2, vont jusqu'à proposer un assouplissement du régime actuel de l'état civil, et la possibilité d'une «mutabilité contrôlée» pour sauvegarder la fonction sociale des noms. Ainsi, on autoriserait, par exemple, la transmission du patronyme du grand-père maternel lorsque celui-ci est menacé d'extinction.

Ces énoncés des phénomènes d'apparition et de vie des patronymes montrent que des questions aussi anodines que : pourquoi ne nous appelons-nous pas tous Martin (le nom français le plus fréquent aujourd'hui) ou pourquoi tel patronyme n'est-il présent que dans telle région, renvoient à des interrogations plus générales sur la structure et sur le fonctionnement des populations humaines.

Faute d'un enregistrement spécifique, l'estimation de l'orientation et de l'intensité des flux migratoires, notamment à l'intérieur d'une même région, demeure un problème délicat. Ce n'est qu'après la Seconde Guerre mondiale que l'Institut national de la statistique et des études économiques (INSEE) a introduit, dans les formulaires de recensement, une rubrique relative à la localisation géographique des individus lors du précédent recensement, permettant ainsi de mesurer les mouvements migratoires.

Les patronymes, marqueurs migratoires

L'utilisation des patronymes comme marqueurs migratoires dépend étroitement de leur spécificité géographique : peut-on distinguer les individus selon l'aire géographique

d'origine de leurs ancêtres paternels, alors même que le souvenir de cette origine a probablement disparu ? Nous allons examiner cette question. Avant de pouvoir utiliser les patronymes comme marqueurs migratoires, nous devons répondre à deux questions portant sur l'origine géographique des patronymes. D'abord les patronymes étudiés ont-ils une origine multiple ou unique ? Ensuite, quelles sont les similitudes entre la répartition géographique des patronymes observée à un instant donné, et l'orientation et l'intensité des flux migratoires intervenus par le passé.

La première question n'a pas de réponse directe, car, d'une part, les patronymes sont apparus bien avant la promulgation de l'ordonnance de Villers-Cotterêts et, d'autre part, la mise en place du recueil systématique des données démographiques n'a pas été

immédiate partout. Ainsi, hormis quelques généalogies de familles nobles, on ne dispose pas de généalogies anciennes, contemporaines de l'émergence des patronymes.

En revanche, l'analyse de la dispersion géographique des patronymes permet de retracer l'origine des patronymes, car la répartition par commune des porteurs d'un même patronyme est extrêmement inégale. L'étude des patronymes figurant dans les actes de naissance des communes de l'arrondissement de Largentière (département de l'Ardèche) entre 1891 et 1915 illustre cette grande hétérogénéité géographique (voir la figure 3).

Parmi les 25 118 actes de naissance répertoriés, 2 128 patronymes différents ont été dénombrés : pour 1 000 naissances, on ne décompte en moyenne que 85 patronymes différents, ce qui est relativement peu. Il serait pourtant erroné d'en déduire que tous les Ardéchois portent le même nom de famille, car plus de la moitié des patronymes (1 106) ne sont présents que dans une seule commune et les deux patronymes les plus répandus (Martin et Reynaud) ne sont présents que dans 45 des 110 communes de l'arrondissement, c'est-à-dire dans moins de la moitié de l'arrondissement. Dans le même temps, à peine dix pour cent des patronymes sont simultanément présents dans plus de dix communes. Ainsi, la spécificité géographique et la diversité des patronymes se révèlent beaucoup plus importantes qu'on ne le suppose généralement, y compris pour des aires géographiques limitées.

Peut-on approfondir la constatation selon laquelle les noms de familles sont inégalement distribués sur le territoire ? La cartographie des aires géographiques où résident les porteurs d'un patronyme constitue une méthode d'investigation plus fine des mécanismes migratoires, utilisée depuis longtemps en écologie et en épidémiologie. Ainsi, l'étude de 175 communes réparties entre la région montagnarde et rurale du Haut-Jura (en limite des départements de l'Ain et du Jura) et les proches alentours précise quelques aspects de la diffusion géographique des patronymes.

Sur les 170 patronymes les plus fréquents analysés (entre 1891 et 1915), 80 patronymes se répartissent de manière caractéristique : ils n'apparaissent que dans un nombre réduit de

L'évolution génétique

En se fondant sur les mécanismes de l'évolution génétique, on peut examiner les mécanismes de l'évolution des patronymes. Entre deux générations successives, les variations des fréquences patronymiques (ou des allèles) résultent de quatre mécanismes distincts.

Premièrement, la dérive génétique. La constitution d'une nouvelle génération relève d'un processus d'échantillonnage du stock d'allèles des parents. La dérive génétique recouvre les fluctuations aléatoires de fréquence qui se produisent à cette occasion : certains allèles parentaux disparaissent, tandis que d'autres sont fixés. Ce phénomène amplifie progressivement la différenciation génétique entre les populations. À l'échelle des communes, l'amplitude des fluctuations des fréquences patronymiques est importante, car le nombre des patronymes est élevé (les fréquences correspondantes sont donc faibles) et le nombre des naissances est généralement réduit.

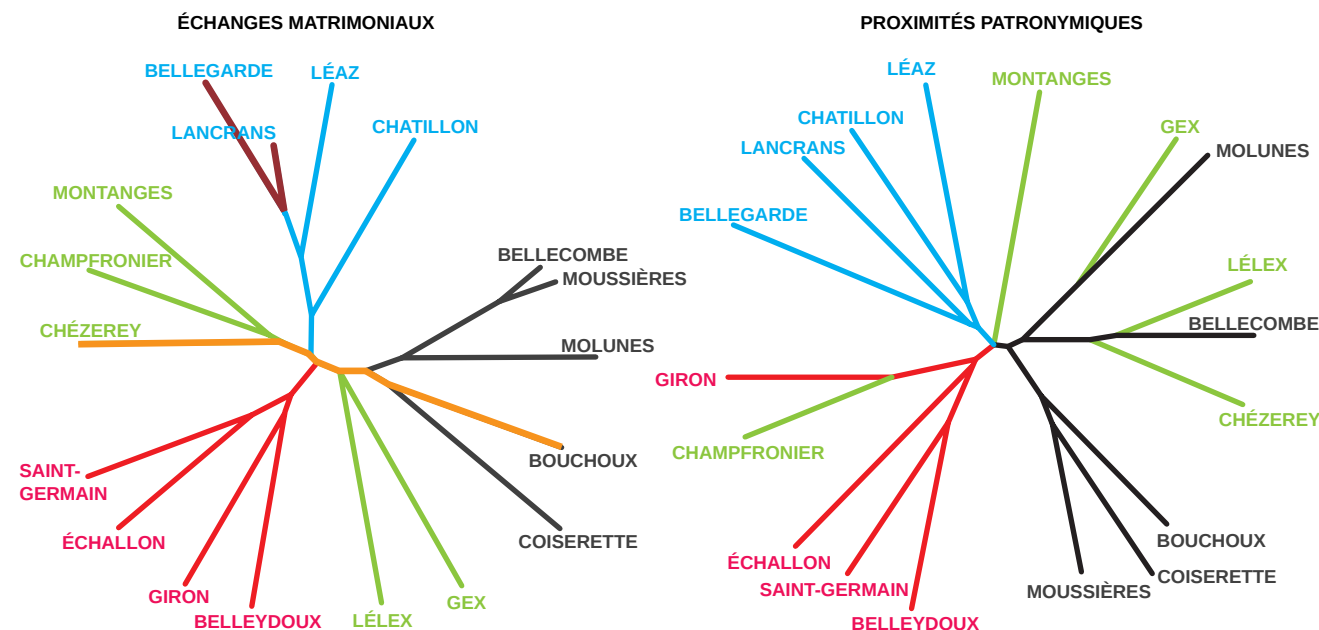
Deuxièmement, les migrations entraînent la diffusion géographique des allèles. En cela, elles s'opposent à la différenciation induite par la dérive génétique. À côté des grands mouvements historiques, comme les grandes migrations du Néolithique, qui portent sur de grandes distances et de longues périodes (entre -7600 et -4000, la culture néolithique a diffusé à travers toute l'Europe à partir du Moyen-Orient), les migrations locales (à l'échelle d'une région) dépendent de l'éloignement, car l'intensité des échanges de gènes diminue très rapidement avec la dis-

tance. Par exemple, la probabilité pour que deux personnes se marient diminue avec la distance entre les habitations initiales des futurs conjoints.

Troisièmement, la sélection recouvre les processus d'origine biologique ou sociale (fécondité différentielle, mortalité périnatale et infantile...) qui affectent la descendance finale des couples et entraînent à terme la disparition de certains allèles au profit d'autres. Les patronymes sont généralement assimilés à des allèles sélectivement neutres, dont la répartition géographique ne dépend que de la dérive génétique et des migrations. Ils sont en revanche dépendant d'autres caractéristiques individuelles (catégorie socioprofessionnelle, appartenance ethnique ou religieuse...) qui ont probablement une incidence sur le nombre final de descendants. Par exemple, dans la vallée de la Valserine, le nombre d'enfants moyen d'un couple dépend de l'enracinement du couple dans la région.

Enfin, les mutations constituent le seul mécanisme susceptible d'engendrer de la diversité génétique ou patronymique. Le très grand polymorphisme patronymique et ses causes multiples (erreurs de transcription, modifications orthographiques) représentent encore une difficulté, et les tentatives d'analyse systématique des « mutations » patronymiques demeurent peu nombreuses (voir la figure 6).

Dans les populations, la répartition géographique observée à un instant donné d'un allèle ou d'un patronyme résulte de ces phénomènes antagonistes.



5. CARTOGRAPHIE SOUS FORME DE DENDROGRAMMES des échanges matrimoniaux (à gauche) et des proximités patronymiques (à droite) pour 18 communes du Haut-Jura durant la période 1801-1830. Sur le diagramme de gauche, la longueur du chemin entre deux communes est inversement proportionnelle à l'intensité des échanges matrimoniaux entre les personnes de ces communes (le nombre de mariages entre ces communes). Par exemple, le nombre des mariages entre les habitants de Bellegarde et ceux de Lancrans (*chemin marron*) est supérieur aux mariages entre les habitants de Chézerey et ceux de Bouchoux (*chemin orange*). Sur le diagramme de droite, la

longueur du chemin est inversement proportionnelle à la proximité patronymique, la probabilité pour que deux individus de ces communes portent le même nom. Chaque couleur correspond à une vallée. Ainsi, la proximité patronymique et les échanges matrimoniaux sont similaires. Les rares différences résultent de problèmes spécifiques, essentiellement dans la vallée de la Valserine (*en vert*). Par exemple, la commune de Lélex, créée au début du XVIII^e siècle, résulte en partie d'un essaimage d'individus originaires de Chézerey, ce qui explique leur proximité patronymique malgré des échanges matrimoniaux relativement faibles.

communes et les communes où ils sont présents ne sont pas distribuées au hasard (ces communes sont souvent limitrophes). À mesure que l'on s'éloigne de la zone où le nombre de patronymes est maximal, la fréquence des porteurs diminue (*voir la figure 4*).

La diminution de cette fréquence, en fonction de l'éloignement géographique de la zone principale, obéit au modèle de l'isolation par la distance, énoncé par Gustave Malécot en 1955 (ce mathématicien français, mort en 1998, est l'un des pionniers de la génétique des populations), qui prédit une décroissance exponentielle de la fréquence patronymique en fonction de la distance géographique. Cette dispersion est typique d'une diffusion progressive et isotrope à partir d'un foyer unique.

Répartition des patronymes et flux migratoires

La question des similitudes entre la répartition géographique des patronymes et l'intensité des flux migratoires anciens est également délicate. D'abord, ces deux notions ne se réfèrent pas au même intervalle de temps. En général, les données migratoires

portent sur des périodes courtes (en démographie historique, les migrations sont souvent estimées en comparant les lieux de naissance et de mariage des conjoints qui figurent sur les actes de mariage). Les flux migratoires sont donc une mesure instantanée dont la valeur ne reflète pas nécessairement les flux antérieurs.

En revanche, la dispersion géographique d'un caractère comme les patronymes reflète l'ensemble des phénomènes qui ont affecté la répartition des porteurs depuis leur émergence, c'est-à-dire les flux migratoires contemporains et passés. Mais cette dispersion reflète aussi d'autres phénomènes, comme la sélection (les mécanismes sociaux qui modifient la descendance des couples) ou la dérive patronymique, susceptibles d'avoir modifié la survie des patronymes.

Pour comparer la dispersion géographique et l'intensité des flux migratoires, nous avons entrepris, dans le Haut-Jura, l'estimation de l'intensité des flux migratoires entre les 18 communes de la région, à partir des registres de mariages de la période 1801-1890 : on mesure le nombre de mariages entre natifs de ces communes. Nous avons ensuite déterminé la

«proximité patronymique» entre les villages, en nous fondant sur la probabilité moyenne pour que deux individus portent le même patronyme (deux populations sont alors d'autant plus proches que cette probabilité est élevée). Après comparaison, nous avons établi qu'au XIX^e siècle, la proximité patronymique et l'intensité des flux migratoires sont très similaires (*voir la figure 5*).

En général, l'intensité des échanges matrimoniaux et les proximités patronymiques dépendent étroitement de l'éloignement géographique entre les communes. De surcroît, au-delà d'un rayon moyen de 15 kilomètres, les échanges sont quasiment inexistantes et la probabilité de rencontrer deux individus portant le même patronyme est quasi nulle. Localement, un patronyme peut être porté par un tiers (voire plus) des natifs, et les aires de répartition des patronymes sont de taille limitée, conséquence ancienne d'une mobilité géographique limitée et de relations confinées à un voisinage proche.

L'élargissement de la zone d'étude soulève de nouvelles difficultés, car certains patronymes sont alors trop fréquents pour qu'ils aient une origine géographique unique.

La répartition des variants

À titre d'exemple, la répartition géographique des individus porteurs du patronyme Legay, tels qu'ils apparaissent dans l'annuaire du téléphone de l'année 1975, met en évidence l'existence de trois aires de prévalence maximale (voir la figure 6). L'absence complète du patronyme dans 30 départements, à la date indiquée, montre la présence et la persistance d'une forte hétérogénéité géographique qui va à l'encontre de l'idée communément admise selon laquelle le mode de vie contemporain aurait entraîné un brassage général de la population.

La persistance actuelle, récemment observée par Nicholas Mascie-Taylor et ses collaborateurs de l'Université de Cambridge, d'une répartition géographique inégale des allèles sanguins, en Grande-Bretagne, corrobore d'ailleurs cette observation (les allèles sont différentes versions du même gène, par exemple les allèles A, B et O qui s'expriment dans les cellules sanguines).

Par ailleurs, on ne peut éviter de s'interroger sur un lien de parenté entre tous les porteurs d'un même patronyme. Nous avons déjà évoqué, comme cause possible de l'émergence de nouveaux patronymes, la déformation progressive d'un nom, suite à des erreurs de transcription ou de prononciation.

Ce mécanisme est bien connu en génétique et en linguistique : qu'elles soient dues à une erreur de réplication de l'ADN ou à une modification de la prononciation, les mutations sont à la base de l'évolution biologique et linguistique. Généticiens et linguistes savent également qu'elles s'accumulent dans les zones les plus anciennement peuplées, c'est-à-dire là où elles ont eu le plus de temps pour survenir. Inversement, les régions où la diversité génétique ou linguistique est la plus importante peuvent être considérées comme des foyers originels (c'est d'ailleurs ce type de raisonnement qui permet aujourd'hui de conclure au foyer originel unique de l'homme moderne).

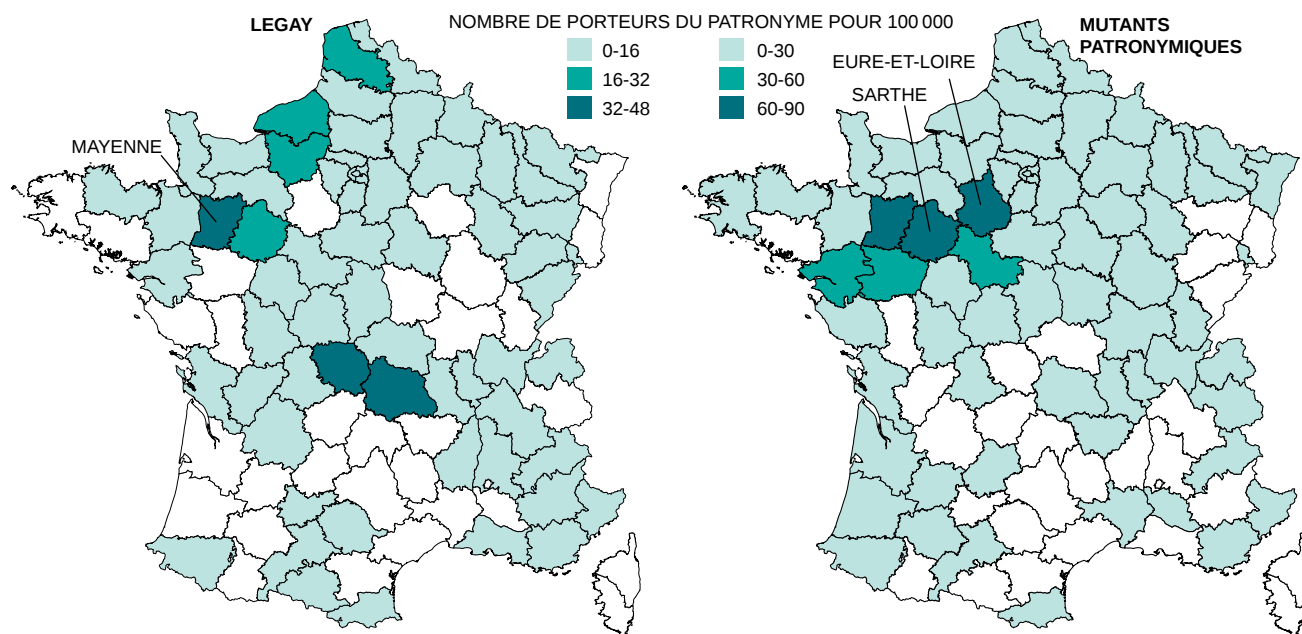
Dans le cas du patronyme Legay, nous avons étudié la répartition de tous les individus porteurs d'une forme patronymique voisine et susceptible d'avoir dérivée de la forme principale (voir la figure 6). Cette étude aboutit de fait à des conclusions assez différentes de l'étude faite sur le patronyme «non muté». Les formes mutantes présentent un foyer principal unique (situé dans le Nord du Val de Loire) qui recoupe l'un des trois foyers identifiés pour la forme principale du patronyme. Des trois aires principales de répartition du patronyme Legay, une seule serait donc suffisamment ancienne pour avoir permis

l'accumulation, au cours du temps, de formes mutantes ; les deux autres ne seraient que des aires secondaires, correspondant à des régions où le patronyme a été introduit plus tardivement.

L'éventuelle hypothèse d'une introduction ultérieure du patronyme, à partir d'un foyer originel unique, soulève évidemment de nombreuses interrogations quant à la nature (déplacements ponctuels ou grégaires) et à la date (nous savons déjà qu'elle est antérieure à l'exode rural) de cette diffusion géographique.

La transmission patrilinéaire des noms de familles (analogue en partie à celle du chromosome Y) a suggéré aux généticiens des populations que les patronymes seraient de bons marqueurs de la parenté généalogique. En 1965, James Crow, de l'Université du Wisconsin, et Arthur Mange, de l'Université d'Amherst, établissent les premiers modèles de cette transmission. Deux individus porteurs du même patronyme sont alors non seulement supposés avoir des ancêtres originaires de la même région, mais également avoir au moins un ancêtre commun.

Selon ce modèle, la fréquence des mariages isonymes (c'est-à-dire conclus entre deux conjoints portant le même patronyme) permet d'estimer le nombre d'unions entre apparentés (voir l'encadré ci-contre). Ces unions résultaient souvent de règles matrimoniales



6. RÉPARTITION GÉOGRAPHIQUE des porteurs du patronyme Legay (à gauche) et des formes «mutantes» de ce patronyme (dont l'orthographe ou la prononciation sont voisines, comme Legeay) (à droite). Alors que le patronyme possède trois zones de prévalence principales (Région du Centre, Val de Loire et Nord-Pas-de-Calais / Haute-Nor-

mandie), les formes mutantes se concentrent principalement dans la partie septentrionale du Val de Loire (Mayenne, Sarthe et Eure-et-Loir). Ainsi, le département de la Mayenne, qui possède simultanément une proportion élevée de la forme principale et des formes mutantes, constituerait le foyer du patronyme.

strictes : c'était autrefois le cas chaque fois que le mariage servait un dessein politique dans les familles royales et nobles, un dessein économique ou social, par exemple, pour éviter le morcellement des terres cultivables, ou dans certains pays musulmans où, par exemple, une veuve ne peut épouser en seconde noce qu'un membre de la famille de son mari (frère, oncle, etc.). À cette composante «volontaire» (qualifiée de non aléatoire) de la consanguinité, que l'on peut mesurer, s'ajoute une composante aléatoire. Dans un système où seul le hasard serait à l'origine des unions, l'isonymie aléatoire dépendrait uniquement de la fréquence du patronyme parmi les femmes et les hommes. En pratique, l'isonymie «aléatoire» n'est jamais uniquement due au hasard, mais reflète aussi les contraintes du milieu, comme l'âge, l'éloignement géographique, le rang social, ou tout simplement la démographie.

Patronymes et consanguinité

L'isonymie matrimoniale fournit des estimations de consanguinité pour des périodes reculées, à des époques où les généalogies sont trop incomplètes pour rendre compte de l'ensemble des liens généalogiques, notamment ceux qui relèvent de la parenté éloignée.

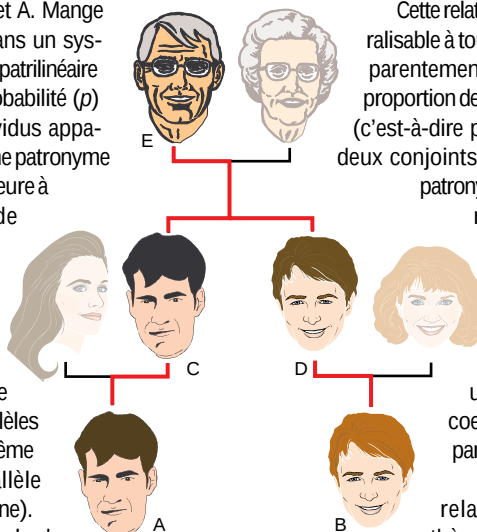
L'analyse de l'évolution temporelle de l'isonymie matrimoniale dans 18 communes du Haut-Jura met en évidence des aspects inattendus de la dynamique de la population. La fréquence des unions isonymes varie fortement dans le temps : dans les communes étudiées, elle est particulièrement élevée au début du XIX^e siècle. S'agit-il là d'une spécificité locale ou d'un phénomène plus général ? La réponse n'est pas claire. En général, il semblerait en effet que les unions entre apparentés constituent une mesure de protection de populations humaines en situation de crises (guerres, situation de grande instabilité, etc.).

Historiquement, le modèle de l'isonymie est la plus ancienne tentative d'exploitation de l'information patronymique. S'il a été souvent décrié en raison de la grande méconnaissance de la dynamique des patronymes, aujourd'hui, les différentes observations sur la dispersion géographique des noms de familles rendent vraisemblable l'hypothèse d'une origine généalogique commune à tous

Le modèle de l'isonymie

En 1965, J. Crow et A. Mange montrent que, dans un système de transmission patrilinéaire du patronyme, la probabilité (p) pour que deux individus apparentés portent le même patronyme est quatre fois supérieure à leur coefficient de parenté généalogique (f), c'est-à-dire à la probabilité pour que les deux individus possèdent, dans la même partie de leur génome, deux allèles qui proviennent du même allèle ancêtre (un allèle est une variété de gène).

Prenons l'exemple de deux cousins germains A et B (voir la figure). Chaque enfant a une chance sur deux de recevoir un allèle donné de son père. Ainsi, la probabilité que les cousins possèdent un allèle commun qui provient de leur grand-père (E) est le produit de la probabilité de transmission de E à C par celle de C à A par celle de E à D par celle de D à B. Le coefficient de parenté entre ces cousins est alors de $1/2^4$, soit $1/16$. De son côté, la probabilité pour que les deux cousins portent le même patronyme hérité de leur grand-père commun est seulement de $1/4$, car l'événement est réalisé lorsque les deux ancêtres intermédiaires (C et D) sont de sexe masculin.



Cette relation $f = p/4$ est généralisable à tous les degrés d'apparentement simple. Ainsi, la proportion des unions isonymes (c'est-à-dire pour lesquelles les deux conjoints portent le même patronyme) ou, plus généralement, la probabilité pour que deux individus pris au hasard portent le même patronyme, est une estimation du coefficient moyen de parenté généalogique. Pour établir cette relation, trois hypothèses simplificatrices sont toutefois nécessaires.

Premièrement, on suppose que les patronymes sont monophylétiques, c'est-à-dire que tous les porteurs d'un même patronyme sont apparentés et ont hérité leur patronyme d'un ancêtre commun unique. Deuxièmement, on suppose que les hommes et les femmes participent de manière identique aux migrations (en général, les sociétés rurales sont virilocales : le couple s'installe dans la commune d'origine du mari). Troisièmement, on suppose que la transmission du patronyme coïncide avec la transmission biologique, ce qui, dans ce modèle, interdit la prise en compte de l'existence d'enfants adoptés ou illégitimes.

les porteurs d'un même patronyme. Finalement, contrairement aux idées reçues, toutes ces observations montrent la forte localisation géographique des patronymes et les grands contrastes patronymiques qui existent entre les communes.

Au-delà de la petite histoire et des anecdotes sur tel ou tel nom de famille, les questions soulevées lors de l'analyse des patronymes deviennent vite complexes, renvoyant à des interrogations beaucoup plus vastes sur les

structures démographiques, sociales, spatiales et génétiques des populations humaines et sur leur évolution dans le temps.

Ces études patronymiques existent dans beaucoup de pays où la transmission patrilinéaire est la règle. Dans quelques siècles, si la transmission patrilinéaire perdure, les comparaisons des patronymes européens permettront peut-être de quantifier les migrations européennes qui se dessinent à l'aube de l'Europe.

Jean-Marie LEGAY et Michel VERNAY travaillent au Département de génétique et biologie des populations de l'Université Lyon 1 et au Centre d'études démographiques de l'Université Lyon 2.

Jacques CELLARD, *Trésors des noms de familles*, Belin, 1983.

Anne LEFEBVRE-TEILLARD, *Le nom, droit et histoire*, PUF, Paris, 1990.

C.G.N. MASCIE-TAYLOR et G. LASKER, *Further Note on Possible Changes in the Geographic Distribution of ABO and RH Blood Groups in Great Britain*, in *Human Biology*, vol. 68, pp. 473-478, 1996.

Michel VERNAY, Thèse de doctorat de l'Université Claude Bernard (Lyon 1), 1997.

Paul FABRE, *Les noms de personnes en France*, PUF, 1998.

L'asymétrie de la matière

Dans quelques semaines, de nouveaux accélérateurs de particules rechercheront les violations d'une symétrie fondamentale de la nature et repousseront ainsi les limites de la physique.

HELEN QUINN • MICHAEL WITHERELL

En 1932, Carl Anderson détecte pour la première fois une antiparticule dans les rayons cosmiques. L'existence de ce type d'objet avait été prédite quatre ans plus tôt par Paul Dirac, mais l'antimatière est rare dans l'Univers. Aujourd'hui encore, malgré les perfectionnements des techniques de détection, les astronomes n'observent que des objets faits de matière. Pourquoi cette asymétrie de l'Univers, alors que les quantités de matière et d'antimatière étaient égales aux premiers instants de l'Univers?

Ce déséquilibre est-il fortuit? Ou est-il la conséquence inévitable d'une asymétrie des lois de la nature? Les physiciens théoriciens pensent aujourd'hui qu'il résulte des comportements différents de la matière et de l'antimatière; une symétrie nommée inversion de charge-parité, ou symétrie CP, n'aurait pas cours dans notre Univers.

Dans les années 1960, les théoriciens et les expérimentateurs ont découvert un moyen naturel de décrire cette brisure de la symétrie CP dans le cadre de la théorie des particules aujourd'hui dominante, le «Modèle standard». Cependant, la violation ainsi prédite ne suffit pas à expliquer l'excès de matière dans l'Univers: le Modèle standard est insuffisant, parce que des phénomènes restent inconnus.

En Californie et au Japon, deux nouveaux accélérateurs de particules étudieront bientôt les violations de la symétrie CP, afin de révéler si le Modèle standard doit être amélioré ou remplacé. Ils produiront des quantités considérables de particules nommées mésons, qui sont constitués d'un quark et d'un antiquark, c'est-à-dire d'une quantité égale de matière et d'antimatière.

Le Modèle standard décrit les centaines de particules connues ainsi que leurs interactions, à partir des familles

fondamentales des quarks et des leptons. Les six quarks – nommés *top*, *bottom*, *charm*, *strange*, *up* ou *down* – sont 100 fois plus massifs que les leptons, tels l'électron, le neutrino et leurs cousins. En outre, à chaque quark ou lepton est associée une antiparticule de masse identique, mais dont les caractéristiques, nommées nombres quantiques, telle la charge électrique, sont de signe opposé. Ces particules se classent en trois «générations» de masses croissantes (voir les encadrés des pages 68 et 72), dont la première compose les constituants élémentaires de la matière habituelle.

Le Modèle standard décrit trois types d'interactions, ou forces, entre les particules: les interactions électromagnétiques, les interactions fortes et les interactions faibles (la gravitation n'est pas incluse dans le Modèle standard). L'interaction forte regroupe les quarks en objets composés, tel le proton. Aucun quark isolé n'a jamais été observé. L'interaction faible provoque une instabilité: elle est notamment responsable de la lente désintégration des quarks et des leptons les plus massifs en objets de masse inférieure.

En outre, le Modèle standard prédit que toutes ces interactions correspondent à l'échange de particules nommées vecteurs: le photon, le gluon et les bosons W^+ , W^- et Z^0 . Enfin, cette théorie est fondée sur l'existence d'une particule, le «boson de Higgs», encore non observée, qui serait responsable de la masse des quarks et des leptons.

Les mésons sont des particules essentielles pour l'étude de la violation de la symétrie CP. En particulier, les mésons *K*, ou kaons, se composent d'un quark ou antiquark *strange* et d'un quark ou antiquark *up* ou *down*. Les mésons *B*, composés d'un quark ou antiquark *bottom*, apparié à des partenaires *up* ou *down*, ont de nombreux points

