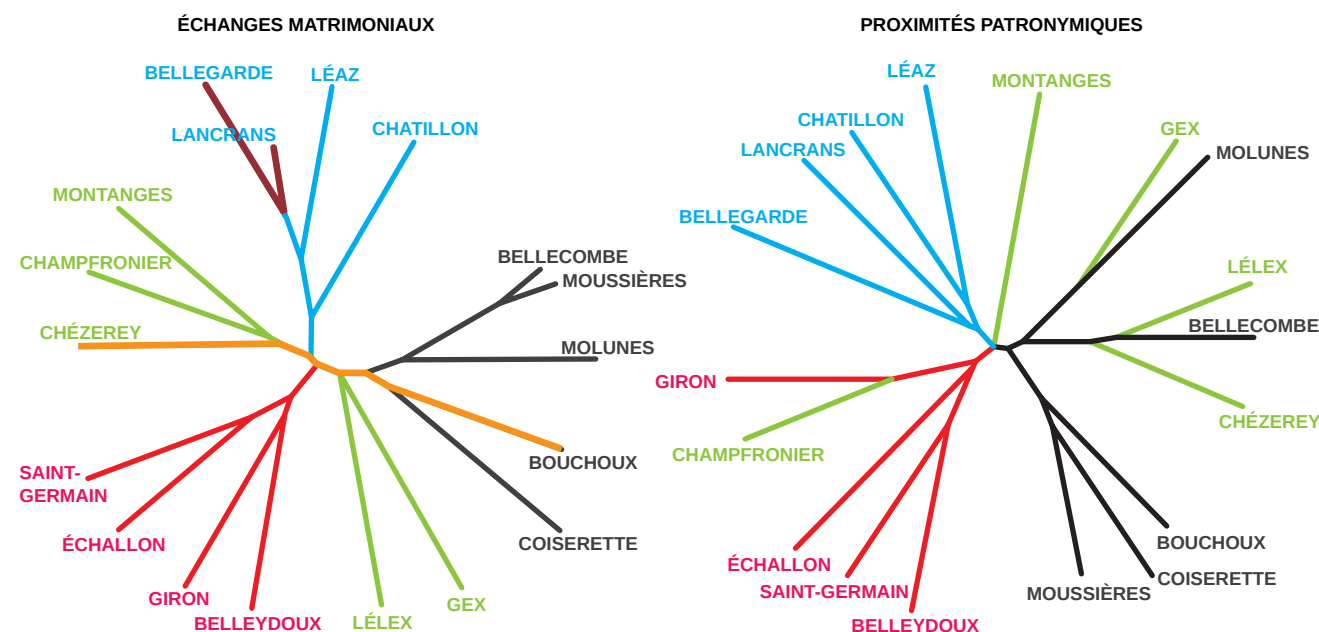




5. CARTOGRAPHIE SOUS FORME DE DENDROGRAMMES des échanges matrimoniaux (à gauche) et des proximités patronymiques (à droite) pour 18 communes du Haut-Jura durant la période 1801-1830. Sur le diagramme de gauche, la longueur du chemin entre deux communes est inversement proportionnelle à l'intensité des 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 Lèlex, 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).

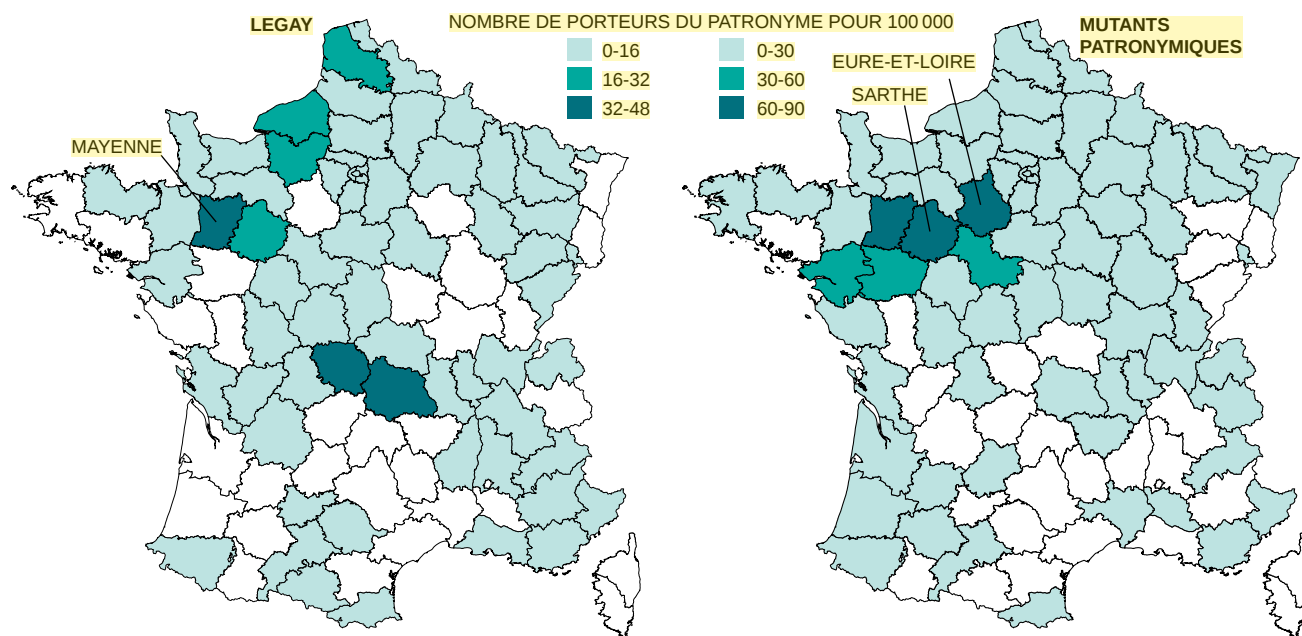
Dans le cas du patronyme Legay, nous avons étudié la répartition de tous les individus porteurs d'une forme patronymique voisine et susceptible d'avoir dérivée de la forme principale (voir la figure 6). Cette étude aboutit de fait à des conclusions assez différentes de l'étude faite sur le patronyme «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.