

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.

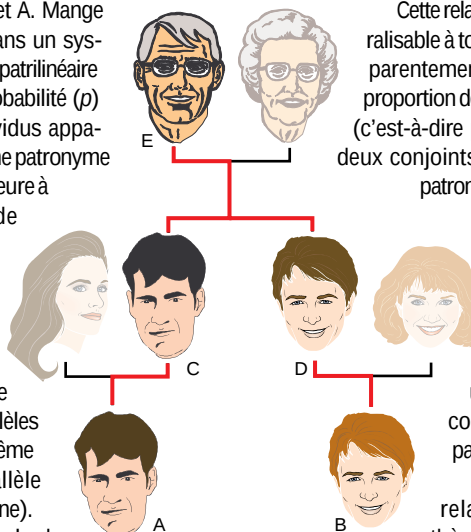
L'analyse de l'évolution temporelle de l'isonymie matrimoniale dans 18 communes du Haut-Jura met en évidence des aspects inattendus de la dynamique de la population. La fréquence des unions isonymes varie fortement dans le temps : dans les communes étudiées, elle est particulièrement élevée au début 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

