

Zeitschrift: Revue vaudoise de généalogie et d'histoire des familles
Herausgeber: Cercle vaudois de généalogie
Band: 34 (2021)

Artikel: Voie des mères et mitochondries : 150'000 ans d'histoire contre l'oubli
Autor: Gendreau-Hétu, Pierre
DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-1085113>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. [Mehr erfahren](#)

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. [En savoir plus](#)

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. [Find out more](#)

Download PDF: 03.02.2026

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>

Voie des mères et mitochondries : 150 000 ans d'histoire contre l'oubli

Pierre Gendreau-Héty

La généalogie génétique contribue à l'étude des populations par des recherches qui se font pour la plupart en marge de l'université¹. Participative et interdisciplinaire, cette pratique portée par l'industrie génomique invite à revoir une histoire de la parenté marquée par le sexisme systémique du nom de famille et de sa transmission. L'emploi des données ADN en généalogie favorise une méthodologie non seulement égalitaire mais féministe en raison d'une réalité matrilineaire inscrite dans le génome des mitochondries. À la tradition patronymique répond ainsi une filiation biologique spécifique à la voie des mères. Tantôt essai et commentaire, tantôt médiation scientifique, cet article s'appuie moins sur des références que sur une expérience personnelle de ce domaine en forte croissance. Le propos introduit aux tests génétiques, en distingue des usages, et illustre avec trois études de cas l'utilité généalogique de données ADN propres au matrilineage. Chaque individu hérite par sa mère d'une signature phylogénétique qui remonte jusqu'aux origines de l'espèce en Afrique.

¹ Le contreexemple de Strathclyde University (Glasgow) témoigne que n'est pas en cause la légitimité académique de la généalogie, qu'elle soit classique ou génétique. Voir le site web de ce programme universitaire de généalogie : <https://www.strath.ac.uk/studywithus/centreforlifelonglearning/genealogy/>. Page consultée le 13 mars 2022.

1. Révolution génomique en généalogie

La révolution génomique que traversent nos sociétés a bouleversé notre relation au vivant. Le séquençage complet du génome humain, finalisé en 2003 au terme du *Human Genome Project*, a ouvert un monde d'une richesse scientifique inouïe. Les chercheurs multiplient les découvertes, les unes plus saisissantes que les autres, et ce progrès rapide semble encore devoir s'accélérer. Une publication n'attend pas l'autre et il suffit de signaler, entre toutes les avancées fulgurantes, ce que la lecture de l'ADN ancien a révélé sur l'évolution biologique de l'homo sapiens et sa diffusion planétaire, jusqu'aux migrations des derniers millénaires. L'impact de cette révolution en sciences de la vie amène un changement de paradigme philosophique qui s'exprime à satiété dans la langue courante par la fréquence des références métaphoriques à « l'ADN ».

Le contemporain doit composer avec cette nouvelle donne qui conditionne notre rapport à l'identité. La génétique pose crûment le problème du déterminisme et de la nature biologique qui fait de chaque individu un individu, nommément. Cette interrogation s'est traduite de façon concrète par le recours enthousiaste aux tests génétiques en libre accès, qui se chiffrent par dizaines de millions de trousseaux de prélèvement vendues. Bien que le développement commercial de ces analyses se soit largement étendu aux questions de santé, d'alimentation et de prédisposition aux pathologies, c'est néanmoins la « question des origines » qui a constitué leur premier vecteur populaire ainsi qu'un champ d'application possiblement spectaculaire.

Les avancées fondamentales de la génétique des années 1990 dans les universités ont créé les conditions propices au développement d'un marché pour la généalogie par ADN. Plusieurs entrepreneurs s'y sont alors aventurés, avec des fortunes diverses. Les travaux du généticien Bryan Sykes, chercheur de renom et professeur à l'université d'Oxford, ont par exemple présidé à la conception d'Oxford Ancestors, société anglaise de généalogie génétique dont les activités ont débuté en avril 2000. L'année d'après, Bryan Sykes publiait *The Seven Daughters of Eve*², dont le succès en librairie a témoigné de l'appétit du public pour l'histoire des populations au prisme de la génétique. Cet ouvrage pionnier, à la fois science et fiction, explore l'identité d'une poignée de matriarches aux origines du peuplement européen. La vertu durable de cette œuvre a été de mettre en évidence l'ADN hérité des mères et sa pertinence pour la généalogie.

Oxford Ancestors a émergé d'un ferment académique qui a porté plus d'un fruit. Conçue en collaboration avec l'université d'Arizona, la société FamilyTreeDNA se constitue au même moment d'autre part de l'Atlantique. Si Oxford Ancestors a fermé boutique après deux décennies – l'avance n'aura pas suffi à dominer la concurrence –, le laboratoire américain s'est quant à lui maintenu parmi les joueurs importants de la généalogie génétique. Il a notamment bénéficié d'un partenariat décisif avec National Geographic, dont le défunt programme de recherche GENO aura recueilli près d'un million d'adhérents entre 2005 et 2020. L'implication de cette institution réputée n'aura pu que rassurer les intéressés et contribuer à l'adoption de l'ADN en généalogie. La généalogie s'est enrichie d'une portée temporelle inédite grâce à la génétique, alors qu'en retour la génétique gagnait un accès massif aux populations.

Les tests conçus dans le giron d'Oxford Ancestors ou de FamilyTreeDNA ont en commun d'avoir d'abord

œuvré avec des données ADN de type uniparental. Cet ADN est ainsi qualifié parce que sa transmission à l'enfant ne provient que d'un seul parent, lui-même l'ayant hérité du parent du même sexe, et ainsi de suite le long d'une chaîne d'ancêtres qu'identifie une succession de marqueurs génétiques. Cet ADN se résume au chromosome Y et aux mitochondries, deux éléments de la biologie humaine n'impliquant chacun qu'une seule ascendance. La dérivation archaïque de l'ADN uniparental contraste de ce fait avec l'ADN de l'autosome, qui lui résulte de la recombinaison à chaque génération des deux génomes parentaux. Plus complexe, cet ADN s'avère aussi plus sensible au niveau éthique. Il domine néanmoins la généalogie génétique commerciale, alors que demeurent méconnus les atouts de l'ADN uniparental.

2. L'ADN uniparental

Les ascendances uniparentales sont marquées d'une hérédité leur conférant une exceptionnelle profondeur phylogénétique. Cette portée chronologique a stimulé la recherche universitaire en anthropologie et alimenté d'influents travaux en génétique des populations. La découverte de marqueurs ADN toujours plus nombreux et raffinés a révélé une macrogénéalogie archaïque établie sur la seule base de la biologie. Cette échelle inédite de parenté se développe au niveau des populations et s'inscrit dans un cadre de recherche hétéroclite qui agrège la généalogie à des dimensions «anthropo» et «démographique» en constante expansion. L'application rapide des tests génétiques à la sphère publique a de plus ouvert un champ empirique pratiquement illimité. La commercialisation s'explique également par les moyens financiers de l'industrie et du marché de la généalogie, qui ont en retour permis la constante amélioration des analyses génétiques. On peut difficilement imaginer cette progression des techniques issues des travaux académiques sans l'exploitation marchande qui a pris le relais.

Les travaux en généalogie patronymique ont typiquement relégué la femme à un rôle subalterne, voire accessoire.

² SYKES, Bryan, *The Seven Daughters of Eve: The Science That Reveals Our Genetic Ancestry*, New York: W. W. Norton, 2002, 320 p.

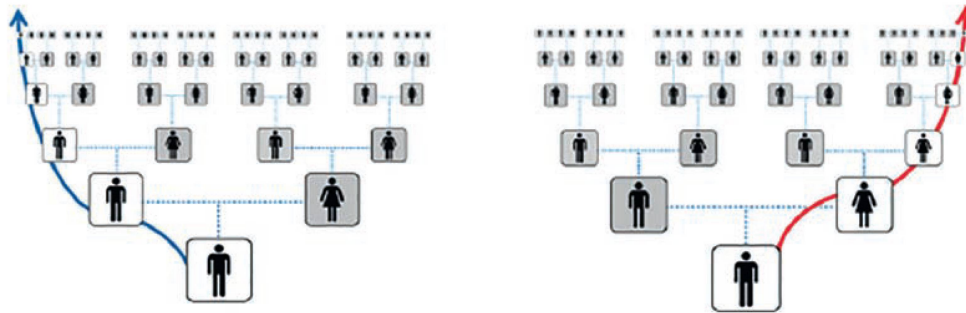


Figure 1. ADN uniparental : rétrospectivité du chromosome Y (ADN-Y à gauche) et d'une mitochondrie (ADNmt à droite). Image FamilyTreeDNA.

Ce mauvais pli de la tradition trouve un certain correctif dans la réalité biologique uniparentale des mitochondries (=ADNmt). C'est d'ailleurs par un curieux clin d'œil du vivant que l'ADN matrilineaire répond à la réalité patrilineaire du chromosome Y (=ADN-Y), bien que jusqu'à un certain point seulement: l'ADN-Y se compose d'environ 60 millions de paires de bases contre 16 569 pour l'ADNmt. La figure 1 illustre la symétrie de ces deux phénomènes. Le parallèle étroit de l'ADN-Y avec la transmission masculine des noms de famille fait assurément du chromosome Y un privilégié de la généalogie génétique. L'ADNmt possède en revanche l'atout de se trouver chez les descendants des deux sexes et d'ainsi doubler le nombre de porteurs d'une signature génétique donnée. La mère transmet en effet l'ADNmt à ses enfants sans égard au genre, à la différence du chromosome Y que seul le garçon reçoit du père.

L'analyse ADN uniparentale renverse la perspective héréditaire et retrace les trajectoires lignagères de manière rétrospective. Les ensembles ADN-Y et ADNmt constituent par conséquent deux arbres généalogiques géants de l'humanité. Toute signature uniparentale représente un itinéraire particulier dans une arborescence phylogénétique déployée sur plus de 150 000 ans. Les résultats indivi-

duels récapitulent des successions de mutations cumulatives, chaque séquence particulière s'avérant caractéristique d'une lignée. Les mutations correspondent concrètement à autant d'ancêtres ponctuant la chaîne des générations dans un horizon biologique balisé avec plus ou moins de régularité. Cette qualité a fait de l'ADN uniparental un matériau moléculaire d'abord exploité par l'anthropologie dans l'étude temporelle, spatiale et migratoire des populations, bien que l'obtention de données toujours plus précises ait logiquement débouché sur des applications généalogiques.

Effet pervers d'une consommation de tests ADN d'abord et surtout motivée par la tradition patrilineaire du patronyme, l'analyse des mitochondries n'a pas connu la même progression que celle observée pour les tests du chromosome Y. La comparaison des banques de données ADN-Y et ADNmt de FTDNA mesure indirectement l'intérêt de la population pour chacun: 797 998 résultats pour le premier et 220 548 pour le second³. Cette différenciation commerciale était sans doute prévisible,

³ Site web de FamilyTreeDNA. « Why choose FamilyTreeDNA », <https://www.familytreedna.com/why-ftdna>. Page consultée le 15 mars 2022.

par simple travers culturel déterminé par le nom de famille et conforté par son usage. L'intérêt du public et l'investigation participative reflètent encore le poids du patriarcat traditionnel sur l'histoire des familles, une inertie d'autant plus pesante qu'elle se nourrit de la transmission patronymique. Une réflexion épistémologique s'avère probablement nécessaire quant à l'usage des données mitochondriales en généalogie et la régularité de son omission dans la pratique. La conséquence de cette négligence méthodologique est que l'histoire de la parenté se prive encore trop souvent d'une lumière unique sur l'ascendance matrilineaire.

Le recours à l'ADN particulier hérité par la voie des mères, qu'on évalue sans peine à une fraction du total des tests vendus en ADN uniparental, s'explique mal autrement que par le sexisme inhérent à l'ascendance patronymique. Même si le droit du nom a peu ou prou évolué depuis une génération ou deux dans la plupart des pays occidentaux, la pression séculaire de la transmission patrilinéaire du nom de famille n'a pu que marginaliser l'attention portée aux femmes par la recherche en généalogie. Un dicton ne proclame-t-il pas toujours que la femme donne la vie et l'homme le nom? Celui-ci intéresserait donc plus que celle-là? Il faut y voir l'effet de l'inertie et de la force des choses. Le sexe qui ne transmettait pas le nom a pâti de la tradition occidentale dominée par l'hérédité patronymique. À nos sociétés toujours en mal d'égalité la biologie oppose pourtant une avenue naturelle et objective que devrait emprunter sans hésitation la généalogie non seulement égalitaire mais simplement scientifique. Il peut être utile de savoir à cet égard que les mitochondries n'occupent qu'une infime portion dans l'ADN. Ces organites se trouvent en périphérie du noyau cellulaire qui loge l'ADN principal auquel correspond l'autosome (voir figure 2).

La pertinence de l'ADN mitochondrial demeure d'actualité pour des questions ciblées qui comprennent entre autres les questions d'origines et d'ascendance.

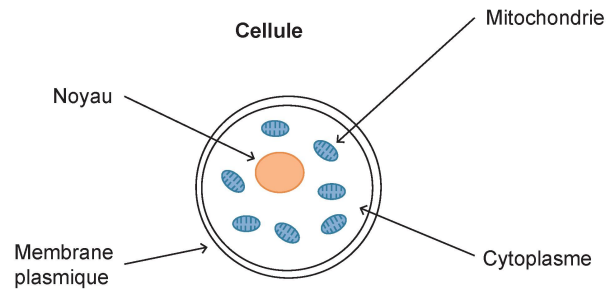


Figure 2. La cellule : ADN dans les mitochondries et dans le noyau. Image : Écoles des mines ParisTech.

L'ADNmt repose sur 16 569 paires de bases, soit seulement le 1/200 000^e du génome nucléaire d'un individu. Le noyau en comporte pour sa part quelque trois milliards distribués dans les 23 paires de chromosomes. L'ADN des mitochondries conserve néanmoins de précieuses informations, dont celle indiquant que les humains modernes remontent à une seule femme archaïque d'Afrique. On estime que cette femme surnommée «Ève mitochondriale»⁴ y vécut il y a 150 000 ans environ. L'âge de cette matriarche reste encore imprécis en raison des taux de mutation toujours incertains. Une déduction capitale de cette découverte en phylogénie est l'invalidation des origines multirégionales de l'humain moderne comme hypothèse : toutes les populations contemporaines ne peuvent en vérité dériver que de cette seule souche africaine. Il aurait fallu sinon que l'âge mitochondrial commun soit dix fois plus ancien afin de rejoindre la période de diffusion de l'homo erectus. Ce résultat ADNmt constitue à lui seul un repère majeur de l'évolution.

⁴ REICH, David, *Who We Are and How We Got Here. Ancient DNA and The New Science of the Human Past*, New York : Pantheon, 2018, p. 5.

3. Dans l'ombre de l'autosome

L'organisation patronymique de la généalogie classique omet une évidence biologique : un individu se compose d'une moitié du génome nucléaire de chacun de ses parents. Cette recombinaison de l'ADN reçu de chaque géniteur comprend un sous-ensemble génomique désigné par le terme « d'autosome » et composé des 22 paires de chromosomes non sexuels du noyau cellulaire. C'est l'analyse de l'autosome qui a amorcé la période faste de la généalogie génétique et permis l'émergence dans ce domaine de géants industriels en seulement quelques années. Les ventes par 23andMe (2006), Ancestry (2012) et autres MyHeritage (2016) se comptent par dizaines de millions de trousseaux. Cette puissance commerciale confirme que le test ADN s'est généralement imposé à la population comme démarche généalogique normale. La biologisation de l'histoire des familles ne va cependant pas sans bousculer les traditions académique et savante qui ont régné sur cette question.

La généalogie a longtemps été contrainte par la documentation civile, dont le biais masculin tombe sous le sens. L'étude de la parenté devrait en conséquence accueillir des données ADN qui mettent le principe objectif d'égalité au premier plan. L'autosome se subdivise et s'analyse en segments génétiques qui permettent d'identifier des relations de parenté jusqu'à sept générations environ le long de toutes les lignées, sans égard au sexe. Ce court horizon historique contraste radicalement avec la dimension anthropologique des tests ADN uniparentaux d'abord présentés par les précurseurs tels que Oxford Ancestors ou FamilyTreeDNA. Le monopole méthodologique de cette première généalogie génétique, dominée par le temps long et la profondeur des ascendances uniparentales, n'aura cependant duré qu'une décennie environ. Le premier test portant sur l'ADN recombiné, développé par la société californienne 23andMe et commercialisé à partir de 2007,

s'est ensuite mérité le prix d'invention de l'année et a connu un succès qui ne s'est jamais démenti⁵.

Le test de 23andMe sur l'autosome a redéfini le marché de la généalogie génétique et été imité par les compétiteurs de l'industrie. La recherche sur l'ADN uniparental s'est dès lors peu à peu réfugiée dans un marché de niche occupé par des questions telles que l'émergence des noms de famille au Moyen Âge, la phylogénie et les mouvements préhistoriques des populations. D'intérêt autrement scientifique, ce mode moins accessible et populaire de la généalogie génétique a néanmoins poursuivi son développement. Bien qu'un laboratoire comme FamilyTreeDNA en ait fait sa spécialité et n'a donc jamais cessé de s'y investir, d'autres s'en sont en revanche totalement dissociés : on doit citer par exemple la compagnie Ancestry, qui a abandonné l'analyse de l'ADN uniparental moins de deux ans après son entrée en généalogie génétique en 2012. L'entreprise 23andMe, propulsée par le succès de son test sur l'autosome, avait pour sa part ciblé d'entrée de jeu le créneau de la santé. Ce choix explique le traitement marginal accordé à la généalogie par ses analyses.

Les tests sur l'autosome ont comme caractéristique générale de mettre en relation généalogique les échantillons d'ADN testés. Une mesure de parenté proximale, le centimorgan (cM), lit les segments d'ADN partagés sur quelques générations seulement. Cet horizon est le même pour tous les tests autosomiques, quel que soit l'accent mis sur la généalogie dans les résultats de chaque laboratoire. Ce calcul des rapports de parenté n'a en outre jamais fait de doute quant à sa fiabilité scientifique. Exception parmi les analyses génétiques commerciales, le laboratoire 23andMe combine dans un même test général des résultats pour l'autosome ainsi qu'une analyse partielle

⁵ « 23andMe ». *Wikipédia*. Consulté le 17 mars 2022. <https://en.wikipedia.org/wiki/23andMe>.

de l'ADN uniparental. Cette seule mention possède le mérite de signaler la pertinence des ADN-Y et ADNmt en généalogie. Il appartient alors au client de recourir à un laboratoire spécialisé comme FamilyTreeDNA pour approfondir ces types d'ADN particuliers.

4. Ethnicité n'est pas généalogie

La flambée du marché pour les tests génétiques implique qu'une part significative de la population soit habitée de curiosité scientifique. Cette réceptivité peut rassurer, alors qu'une crise de confiance semble fragiliser l'autorité de la science dans nos sociétés : retour inquiet vers le religieux, scepticisme face aux crises sanitaires, déni climatique, etc. Il faut s'étonner à cet égard que les qualités scientifiques des tests ADN aient régulièrement été malmenées par les médias. C'est du moins le cas en francophonie, où la culture des sciences a sa propre sociologie, distincte de celle du monde anglo-saxon. Plusieurs seront tentés de relier cette mauvaise disposition à l'interdiction de la généalogie génétique en France. Cette mesure législative est exceptionnelle dans le monde, autant que son maintien, et il est difficile en ce sens de ne pas soupçonner un regard de langue française sous influence : aussi la couverture médiatique a-t-elle principalement passé sous silence l'exactitude technique de la généalogie proximale et des liens qu'elle identifie pour focaliser à répétition sur les errements ethniques « des tests ADN ».

Les résultats aberrants de plusieurs tests autosomiques ont nourri la polémique au sujet des tests génétiques et de leur commerce. Une bonne part de l'explication se trouve dans l'attention abusive portée à la composition par type ethnique, alors qu'on omettait curieusement la visée généalogique de ces tests. On n'aura considéré que les pourcentages probabilistes de l'ethnicité, souvent de fiabilité scientifique très médiocre. La critique s'est contentée de constater les fréquentes incohérences dans l'attribution de proportions ethniques pour mettre en doute la scientificité même de ce type de test *dans*

son ensemble. Or les mesures de l'ethnicité n'ont pas de prétention à la conclusion scientifique, contrairement aux données génétiques brutes de l'autosome desquelles procèdent ces prédictions probabilistes. Les pourcentages ethniques identifiés relèvent de l'interprétation et varient en fonction de populations de référence, chaque laboratoire commercial constituant ses propres profils. Aussi les résultats peuvent-ils varier considérablement entre compagnies.

Les résultats d'un même individu pourront différer si on en compare les profilages ethniques produits par les différents laboratoires. Des jumeaux identiques auront de même la surprise de recevoir des profils distincts à la suite d'un même test... Cet aspect s'avère en vérité sans intérêt scientifique, le seul résultat qui compte étant leur identification génétique comme frères. C'est la seule mesure exacte du test sur l'autosome et il n'y a que celle-ci qui relève de la généalogie. La rigueur empirique des tests ADN sur l'autosome n'appartient qu'à la parenté, qui est mesurée avec précision, par opposition au caractère fort approximatif de l'ethnicité. La critique de tests dits généalogiques se sera cependant souvent limitée à cette seule spéculation. Les origines géographiques ancestrales et les pourcentages ont en vérité peu à voir avec les rapports généalogiques entre individus. La preuve en est que les résultats d'analyse de parenté sur l'autosome sont constants, quel que soit le laboratoire à leur origine.

Cet amalgame commercial avec l'ethnicité a exposé la généalogie génétique à de nombreuses critiques mal avisées. Il suffit de retenir en conclusion que deux applications autonomes composent les tests ADN les plus courants. La valeur scientifique des résultats en généalogie s'impose du moment que l'on fait la part des choses. Aussi la justesse des résultats ADN pour la parenté explique-t-elle plusieurs faits d'actualité des dernières années. Les événements parlent d'eux-mêmes, avec la multiplication de ces cas où les tests génétiques maison ont éclairé des histoires d'adoptions, de substitutions de nouveau-nés, de

fécondations in vitro ou de scandales liés à des cliniques de fertilité. Ces cas fréquents et bien diffusés mettent en évidence le paradoxe de l'autosome: sa fiabilité dans la détection des rapports familiaux n'a d'égale que son imprécision à prédire l'ethnicité, même si les prédictions se raffinent toujours plus avec la croissance soutenue des banques de données.

5. Richard III dans l'ADN des mitochondries

La popularité des tests ADN aurait partout bénéficié d'une médiation adaptée au nouvel environnement scientifique toujours plus complexe de nos sociétés. La distinction brouillée entre les dimensions généalogique et ethnique dégagées de l'autosome n'est qu'un aspect de la question et s'ajoute au besoin de mieux comprendre la panoplie technique élaborée depuis deux décennies. Les données génétiques représentent un défi pour quiconque s'intéresse à la généalogie mais n'a pas été formé en biologie. C'est le cas de nombreux amateurs comme de chercheurs issus des humanités. Soulignons que le contraire est aussi vrai, et que le biologiste ne peut traiter de généalogie sans devoir se rompre à de nouvelles connaissances, en philologie tout particulièrement. Il ne faudrait pas de surcroît penser que tout généticien maîtrise par définition les données ADN employées en génétique uniparentale, car il s'agit d'un champ marginal très spécialisé. La généalogie ressort comme un instrument privilégié de l'interdisciplinarité pour introduire aux principes de l'ADN et on peut souhaiter qu'elle soit régulièrement sollicitée dans un cadre didactique.

Plusieurs voies génétiques pénètrent l'histoire des familles et chacune d'elles doit être distinguée. Cet article s'occupe en particulier des mitochondries, de toute évidence le moins testé des types d'ADN. On a évoqué plus tôt le sexisme spontané de la généalogie, nourri par une puissante tradition patronymique qu'il faut reconnaître et dont il faut sans doute s'inquiéter. La voie des mères transmet l'ADN mitochondrial sous des formes

constantes inscrites dans la phylogénie humaine. De ce fait les signatures ADN matrilineaires dégagées par les analyses génétiques ouvrent de précieux horizons à la recherche. L'exemple de Richard III d'Angleterre (1452-1485) viendra à l'esprit de plusieurs, car la réussite de cette étude à grand rayonnement a reposé de façon cruciale sur l'ADN des mitochondries. L'identification à Leicester en 2013 des restes de ce roi déchu a donné lieu à un foisonnement médiatique qu'on voit rarement autour d'une découverte scientifique⁶. L'étude des ossements présumés de Richard III pouvait envisager deux signatures ADN avec lesquelles travailler, l'une par ADN-Y et l'autre par ADNmt⁷.

Les deux avenues uniparentales ont été explorées afin d'associer les restes humains attribués à Richard III aux signatures ADN dont une descendance pourrait en principe aussi avoir hérité. La voie du chromosome Y a cependant échoué à établir une correspondance entre le monarque et la postérité documentaire: l'analyse comparée de l'ADN-Y avec celui de plusieurs descendants apparentés a montré que la chaîne biologique s'était brisée en cours de filiations. Sauf exceptions post-partum, la voie matrilineaire ne souffre pas de telles ruptures, étant donné la nature même de la procréation. C'est à l'opposé du patrilineage, qui est lui toujours susceptible de cacher une fausse paternité. Reçue de sa mère par Richard III, la signature ADNmt dégagée des ossements du roi devait en principe aussi être celle de sa sœur aînée, Anne d'York (1439-1476). La généalogie génétique a enrôlé Anne d'York dans l'étude sur Richard III du fait qu'elle était la grand-mère maternelle d'une

⁶ REDMONDS, George et al., *Surnames, DNA, and Family History*, Oxford: Oxford University Press, 2015, 272 p.

⁷ KING, Turi et al. (2014 2 déc.). «Identification of the Remains of King Richard III». *Nature Communications* 5, Article 5631. Consulté le 12 mars 2022. <https://www.nature.com/articles/ncomms6631>.

Catherine Manners dont au moins deux lignées ADNmt par deux filles se sont perpétuées jusqu'à nos jours.

Une même origine matriarcale s'est exprimée chez deux descendants testés de Catherine Manners. Leur filiation matrilineaire respective transitait de fait par chacune de ses deux filles. Le partage probant chez ces descendants de la même signature ADNmt a produit la preuve espérée, car ce profil génétique commun a concordé avec les restes humains démontrés comme ceux de Richard III. Cette correspondance confirmait du même coup la filiation entre Anne d'York et Catherine Manners. C'est donc par les données ADN transmises par la voie des mères que l'identification génétique du roi anglais s'est concrétisée. Le matrilineage n'est évidemment pas l'apanage de l'aristocratie et ce cas monarchique naturellement bien documenté, noblesse oblige, ne vient qu'illustrer la pertinence généalogique de l'ADNmt. Les études plus ordinaires peuvent naturellement aussi y trouver leur compte. On doit alors regretter que l'élan initial qui a porté l'analyse des mitochondries en généalogie génétique ne se soit pas maintenu : ADN-Y et l'ADNmt n'intéressaient-ils pas au même titre le défunt programme GENO de National Geographic ? L'accent sur les mitochondries s'est cependant estompé avec les avancées de la recherche sur l'ensemble du génome humain, autant moderne qu'ancien.

6. Une matriarche amérindienne vérifiée par ADNmt

Il y a des sciences comme l'ornithologie ou l'astronomie qui supposent l'implication compétente d'amateurs organisés. C'est aussi le cas de la généalogie, dont les progrès reposent sur la force du nombre. L'évolution de la généalogie génétique témoigne d'importantes actions participatives régulièrement liées aux nombreux projets citoyens de FamilyTreeDNA. Cette firme a développé un modèle collaboratif qui lui confère un rôle d'exception dans l'industrie des tests génétiques. La mission des projets indépendants autorisés, hébergés et encadrés par FamilyTreeDNA a occasionné des travaux d'autant

plus percutants qu'ils sont munis d'outils de pointe de la génomique. Les données recueillies par ces projets renouvellent la façon d'étudier l'histoire des populations en éclairant la parenté d'une lumière inédite. Toute science suppose en revanche un processus d'évaluation par les pairs, et c'est là que le bât blesse : la recherche en généalogie souffre d'une déficience en termes de revues disciplinaires, résultat d'une communauté universitaire qui reste à établir⁸.

L'auteur de ce texte assure la direction de plusieurs projets logés chez FamilyTreeDNA. Généalogie Québec et Romandie ADN en sont deux principaux dont les travaux ont fréquemment composé avec l'ADNmt. On peut consulter en ligne, à la page des résultats de ces projets, les données génétiques qui alimentent leurs recherches. Publiée au Québec en 2017⁹, l'étude « La Déportation des Acadiens éclairée par l'ADN amérindien » a parfaitement montré le pouvoir heuristique de ces travaux participatifs, en plus de l'intérêt particulier d'explorer la dimension matrilineaire de la généalogie uniparentale. La découverte exposée dans cet article a mis en évidence la portée méthodologique de l'ADN mitochondrial. De la combinaison des sources documentaires et génétiques ont résulté des réponses de valeur historique qu'on n'aurait d'aucune façon pu obtenir autrement. Le principe de transmission héréditaire employé dans cette étude est le même qui permettait déjà de prédire la concordance des descendants ADNmt d'Anne d'York.

L'application du principe logique appelé triangulation a démontré comment déduire l'identité d'une matriarche amérindienne du XVII^e siècle en Amérique du Nord. Cette illustration basée sur l'hérédité a mis en relief la nature de

⁸ La revue *Surname DNA* illustre les difficultés de ce créneau. L'évaluation par les pairs en généalogie génétique suppose une base académique assez large qui lui fait toujours défaut. Bien qu'ouverte aux résultats empiriques de la généalogie, la revue savante *Genealogy* (née en 2017 seulement) se retrouve *de facto* à s'alimenter aux questions théoriques qui dominent plutôt les humanités.

⁹ GENDREAU-HÉTU, Pierre, « La Déportation des Acadiens éclairée par l'ADN amérindien », *Histoire Québec*, vol. 23, n° 3, 2017, p. 10-14.

l'ADN uniparental et son télescopage des échelles historique et anthropologique. Le métissage entre Européens et autochtones n'a pas toujours été bien documenté en Amérique. S'il l'a été, la conservation n'avait du reste rien d'assuré dans les difficiles conditions coloniales. On sait néanmoins par les archives que le marin malouin Jean Roy dit La Liberté s'est uni à une Amérindienne avant 1686¹⁰ dans la colonie française d'Acadie, aujourd'hui située dans la province de Nouvelle-Écosse au Canada. Identifiée sous le nom de Marie Auboïs, cette femme a donné naissance à deux filles baptisées Marie¹¹ et Anne¹². Or ces deux sœurs se trouvent à la source d'importantes descendance féminines ininterrompues.

Les Anglo-Américains ont procédé lors de la guerre de Sept ans à une terrible opération de nettoyage ethnique en Acadie. L'identité de Marie Auboïs doit être analysée dans ce contexte historique particulier. Cet épisode d'une grande violence est connu sous le nom de Déportation des Acadiens et aura déchiré communautés et familles de l'ancienne colonie française, séparant ses habitants et les dispersant aux quatre vents. La grande majorité des registres de paroisses ont alors été perdus et il a fallu par la suite tenter leur reconstitution. Ce travail se poursuit dorénavant grâce aux données ADN. Seule une mention indirecte dans un des actes préservés signalait l'origine amérindienne de la matriarche Auboïs. Cette référence apparaît dans la réhabilitation en 1703 du mariage de sa fille Anne et l'inscription enregistre la mère de l'épouse comme « Sauvagesse »¹³. La généalogie par ADN permet

Marie AUBOIS/SAUVAGESSE (v.1665-ap.1730)

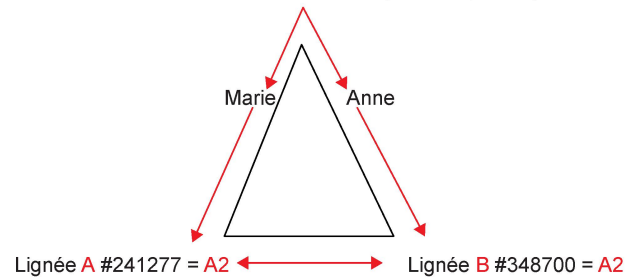


Figure 3. Triangulation d'un profil ADNmt ancestral par deux filles d'une matriarche amérindienne. Image : Pierre Gendreau-Héту.

d'investiguer et vérifier cette identification, en plus de suppléer aux lacunes documentaires. On voit avec la figure 3 de quelle façon s'est opérée la triangulation.

Deux lignées A et B dérivées de Marie Auboïs ont été testées et leurs mitochondries complètement séquencées¹⁴. Les identifiants numériques qui accompagnent A et B renvoient aux échantillons analysés et affichés en ligne¹⁵. Exclusif aux Amériques, l'haplogroupe A2 s'est exprimé dans les deux résultats et leurs signatures ADNmt ont étroitement concordé. L'inférence de cette signature génétique a ainsi validé le métissage amérindien que n'appuyait à ce jour qu'un document de valeur hypothétique, du moins à la lumière de la biologie. Le seul recoupement de la généalogie documentaire et des données génétiques a montré que l'origine de Marie Auboïs ne pouvait être qu'autochtone. Résultat de la séparation archaïque des populations, la différenciation évolutive de l'ADN des

¹⁰ « Registre de la population du Québec ancien [Base de données] », *Programme de recherche en démographie historique*, Université de Montréal, Individu # 228239. <https://www.prdh-igd.com/fr/accueil>.

¹¹ Ibid., Individu #155834.

¹² Ibid., Individu #572468.

¹³ Nova Scotia Archives, « Jean Clemenceau and Anne Royce marriage 3 March 1703 », *Les registres de St-Jean-Baptiste, Annapolis Royal 1702-1755*. Consulté le 7 mars 2022. <https://archives.novascotia.ca/acadian/archives/?ID=1211&Language=French>.

¹⁴ GENDREAU-HÉTU, Pierre, « La Déportation des Acadiens éclairée par l'ADN amérindien », art. cit.

¹⁵ GENDREAU-HÉTU, Pierre. « mtDNA Results ». *Généalogie Québec*. Consulté le 12 mars 2022. <https://www.familytreedna.com/public/GenealogieQuebec?iframe=mtresults>.

mitochondries démontre ici toute son utilité généalogique. La population des Amériques est marquée génétiquement et l'identité autochtone de Marie Auba ne s'est conservée que par matrilignage au sein d'une descendance qui compterait jusqu'à un million de Québécois actuels.

7. L'interdisciplinarité au secours de la « Dame de Barfüsserkirche »

C'est à la *Richard III Society* qu'on doit d'avoir amorcé en 2011 la recherche décisive sur le célèbre roi anglais. Les ressources académiques de la University of Leicester ont ensuite pris le relais de la société civile et marié avec succès la génétique à l'histoire, la généalogie et l'archéologie¹⁶. Le professeur d'histoire Kevin Schürer a mis à contribution son expertise pour identifier des lignées susceptibles de porter la signature mitochondriale recherchée. La concordance entre le profil ADNmt des ossements et celui de vivants apparentés au roi anglais a démontré l'intérêt scientifique de cette méthodologie mixte. C'était une chance pour l'institution de compter à l'intérieur sur un historien généalogiste, alors que cette pratique demeure somme toute marginale dans les universités. Bien que la parenté des élites ait de tout temps justifié une attention académique à la mesure des archives, l'imposant édifice démo-généalogique né de la numérisation des données civiles nourrit désormais une généalogie à l'échelle des populations. L'ambition de résoudre des énigmes historiques s'est accrue dans la foulée des progrès en génomique et en généalogie, par l'enrichissement exponentiel des bases de données notamment. L'étude des restes de Richard III n'a par ailleurs pu qu'inspirer d'autres chercheurs.

Plusieurs en Suisse ont déjà eu vent du mystère de la « Dame de Barfüsserkirche ». L'étude récente qui a porté sur cette momie, découverte à Bâle en 1975, a permis une

collaboration exemplaire entre les méthodes de différents horizons, dont ceux de la généalogie : « *[T]he Lady from Basel's Barfüsserkirche is a good example for the importance of interdisciplinary research where archaeology, genealogy, and genetics must support each other to receive a well-grounded result.* »¹⁷ Une signature lignagère a été établie qu'il s'agissait des restes momifiés d'Anna Catharina Bischoff (1719-1787). C'est la combinaison de l'ADNmt et des archives qui s'est de nouveau révélée la clé de l'identification. On pourra s'étonner à cet égard que la publication omette de référer à la source primaire des données documentaires. Bien que son nom n'apparaisse pas parmi les auteurs de l'étude, le généalogiste professionnel Jürgen Rauber ressort comme le principal collaborateur et on le citera volontiers ici : « *[Y]ou have to treat the information offered by online companies with the greatest of caution. It has to be verified and confirmed by reference to primary sources.* »¹⁸ La génétique n'a pas ce souci de méthodologie et cite plutôt le site d'Ancestry.com pour consultation. Tirée de l'étude publiée, la figure 4 synthétise la démarche expérimentale et une annexe à cet article comprend une transcription arborescente du matériel généalogique consulté¹⁹.

Le cercle plein situé en haut dans le centre du graphique représente Anna Catharina Bischoff, dont l'identité était déjà présumée sur la base d'éléments d'archives mis au jour en 2017 seulement. L'analyse des restes humains de Bischoff a révélé une signature ADNmt qu'il suffit

¹⁶ KING, Turi et al., « Identification of the Remains of Richard III », art. cit.

¹⁷ WURST, Christina et al. (2021, 9 oct.). « The Lady from Basel's Barfüsserkirche – Molecular confirmation of the Mummy's identity through mitochondrial DNA of living relatives spanning 22 generations ». *FSI Genetics* 56, 102604.

Consulté le 12 mars 2022. [https://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973\(21\)00141-1/fulltext#sec0075](https://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973(21)00141-1/fulltext#sec0075).

¹⁸ HOCHSTRASSER, Judith (2020, 3 sept.). « Genealogical Research. Jewish by DNA ». *Horizons. The Swiss Research Magazine*. Consulté le 13 mars 2022 <https://www.horizons-mag.ch/2020/09/03/jewish-by-dna/>.

¹⁹ WURST, Christina et al. (2021, 9 oct.). « The Lady from Basel's Barfüsserkirche... Appendix A. Supplementary material [Nachkommen von Johannes Froben] », art. cit.

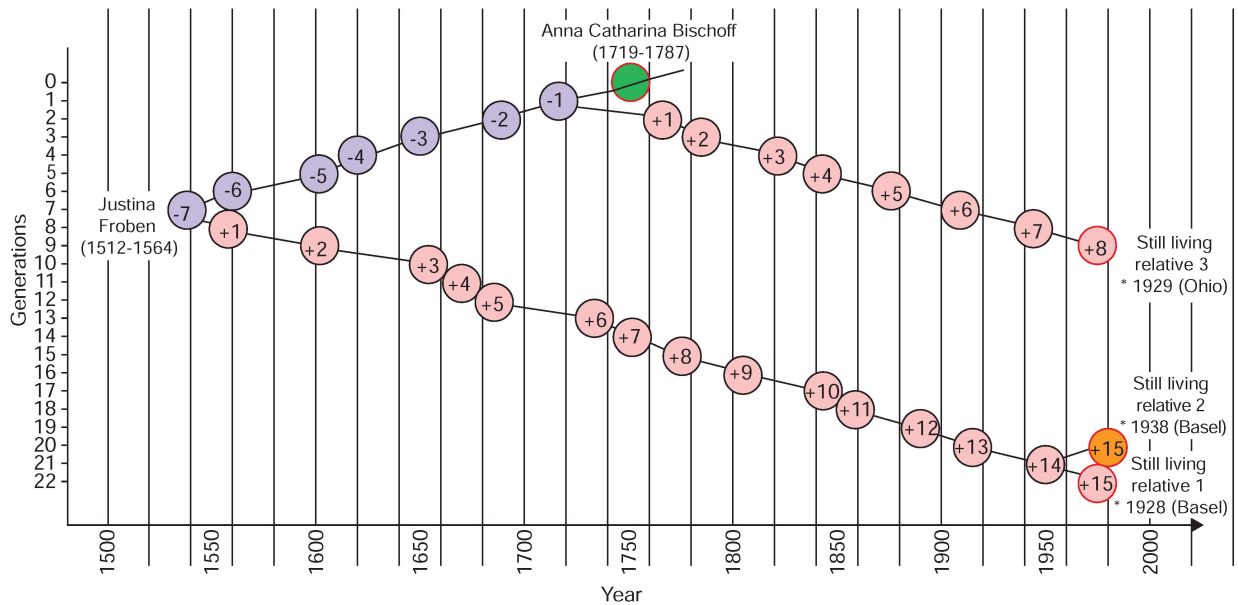


Figure 4. Triple triangulation d'une même signature ADNmt dérivée de Justina Froben (1512-1564). Image tirée de WURST, Christina et al.

ici d'identifier par l'haplogroupe U5a1. La particularité généalogique de cette étude est que les ascendances documentaires ont permis de réaliser trois triangulations ADNmt en lien avec les restes étudiés. La figure 4 montre le rapport triangulaire de la momie de Bâle avec la descendance matrilineaire d'une sœur, indiquée par +8, c'est-à-dire huitième génération depuis la mère de ces deux sœurs Bischoff du XVIII^e siècle. Cette descendante née en 1929 a été localisée en Ohio aux États-Unis par les collaborateurs du Citizen Science Basel. Une triangulation sur la mère des sœurs, désignée par -1, a produit une concordance mitochondriale du sujet américain avec les restes de Anna Catharina Bischoff. Cette correspondance est du même coup venue confirmer le rapport biologique des deux sœurs Bischoff avec leur mère. Plus intéressant

encore sont les sources documentaires qui poursuivent cette filiation ADNmt jusqu'à l'ancêtre Justina Froben (1512-1564), sept générations en amont des deux sœurs.

On constate avec le graphique cité à la figure 4 qu'une branche inférieure rejoint également la matriarche du XVI^e siècle Justina Froben. Cette branche et celle du haut concordent par la documentation ainsi que leur ADNmt : les descendances convergent jusqu'à l'ancêtre commun, à quinze et quatorze générations d'écart respectivement. Les origines dévoilées s'expliquent certes par le statut social de cette parenté. La recherche pourrait plus difficilement reconstituer de telles lignées féminines sans des archives ancrées dans l'aristocratie ou la bourgeoisie. La « Dame de Barfusserkirche » a tiré profit de la fiabilité matrilineaire incarnée ici par la descendance de

Justina Froben. Plusieurs lignées apparentées, points d'appui nécessaires à la comparaison, ont ainsi pu se combiner aux archives pour faire toute la lumière. Deux descendants d'une même famille de Bâle, l'un né en 1928 et l'autre en 1938, ont ensemble réalisé une troisième triangulation. Si la concordance ADNmt dans une fratrie peut sembler redondante, elle rappelle néanmoins qu'en principe toute filiation demande sa preuve. Cette triangulation familiale fait d'une certaine façon écho à celle sur Justina Froben cinq siècles en amont : la signature ADNmt de cette matriarche a transité par deux filles avant de diverger sur une quinzaine de générations.

8. Mitochondries en appui à la généalogie par les femmes

L'usage des données ADN a mis en évidence la pertinence scientifique du matrilignage, s'il fallait que soient combattues les déficiences de la pratique généalogique par rapport à la femme. On déplorera toutefois que cela n'aille pas de soi, sans devoir motiver ce recadrage par l'attrait d'une méthodologie mixte comprenant la dimension génétique des mitochondries. La puissance des outils arrivés à la généalogie par le biais de la révolution génomique ressort clairement de la galerie de cas invoqués, qui ont successivement impliqué un roi médiéval anglais, une Amérindienne de l'ère coloniale française et une bourgeoise de la Bâle ancienne. L'observation et la comparaison de ces trois exemples ont d'autre part permis de faire la part des choses entre l'étude généalogique pure et les questions anthropologiques sur des restes humains. Les considérations portant sur la momie Bischoff ou les ossements de Richard III n'ajoutent en réalité qu'une dimension forensique aux démonstrations.

L'erreur serait de lier l'exploration généalogique par ADN aux problèmes de restes humains : l'indépendance scientifique de la généalogie doit clairement ressortir du propos de l'auteur. Il n'était pas nécessaire de lier le cas de la momie Anna Catharina Bischoff à celui de son ancêtre du XVI^e siècle Justina Froben. La recherche par matrili-

gnage aurait pu directement recouper les ascendances de l'habitant de l'Ohio aux États-Unis et celle de ses deux lointains et contemporains parents de Bâle : de parfaits tests génétiques en libre accès auraient permis d'en établir la parenté. La combinaison de lignées documentées et d'une concordance ADNmt pouvait d'elle-même identifier la matriarche Froben et ce résultat généalogique pouvait suffire. Une analyse en anthropologie n'aurait ensuite eu qu'à identifier la momie bâloise et la relier à la signature ADNmt de Froben, que la généalogie génétique pouvait établir seule de façon tout à fait scientifique. La triangulation est une méthode expérimentale formelle qui ouvre des horizons considérables dans l'étude des populations documentées.

La contribution participative de Citizen Science Basel est citée parmi les quatre points saillants de l'étude génétique du cas Bischoff. Cet apport mériterait cependant son propre article, car le résultat obtenu à Bâle repose sur d'importantes recherches documentaires qui ne ressortent pas d'un article occupé par d'autres considérations. On doit en outre souhaiter que progressent généralement les travaux sur les matriarches sans égard aux questions de restes humains. L'étude formelle sur Marie Aubois a montré que les tests ADN procurent à la généalogie une remarquable autonomie méthodologique. De puissants outils de recherche s'offrent à la population et leur usage expérimental ne pose pas problème tant que le chercheur s'est familiarisé avec les connaissances pertinentes en biologie, de manière autodidacte possiblement. Les données génétiques s'invitent à la généalogie en toute légitimité, plus encore si elles ramènent la femme au cœur de la recherche historique sur la parenté. Chaque ascendance matrilineaire possède sa signature ADNmt et la multiplication des recherches par triangulation promet l'identification de matriarches des populations historiques de Suisse et d'ailleurs, soit autant de Justina Froben qu'il reste à mettre au jour.

Pierre Gendreau-Héty

Pierre Gendreau-Héту est linguiste et les questions d'onomastique ont principalement retenu son attention en recherche, en particulier l'origine et l'évolution des noms de famille au Canada français. Cette orientation a motivé l'intérêt de ce chercheur indépendant pour la généalogie, dont l'horizon scientifique se redéfinissait au même moment avec la révolution génomique. L'histoire des populations connaît un profond renouvellement avec l'introduction des données ADN et l'auteur y contribue depuis 2012 par ses recherches menées en généalogie génétique, notamment par l'étude méthodique des signatures ADN de la population coloniale de Nouvelle-France (Canada). Il collabore à cet égard avec le Programme de recherche en démographie historique de l'Université de Montréal. Les travaux de M. Gendreau-Héту, composés à la fois de publications, conférences invitées, cours et ateliers, soutiennent une médiation fertile entre la base participative de la généalogie et la polyvalence scientifique des données génétiques. Établi en Europe, le cadre de ce chercheur s'est élargi avec le projet Romandie ADN qu'il a fondé et qu'il mène aujourd'hui en partenariat avec la Fondation Archives vivantes de Suisse, en plus de siéger depuis 2021 au conseil d'administration du Cercle vaudois de généalogie.

