



RESULTATS DE L'ETUDE D'ADN HISTORIQUE SUR LES DIASPORAS SCANDINAVES EN COTENTIN

Les résultats préliminaires de l'étude menée par l'Université de Leicester sur l'histoire génétique de la péninsule du Cotentin ont été présentés à Valognes le **jeudi 21 avril 2016**.

Les échantillons collectés l'été dernier d'hommes issus de familles solidement ancrées dans la région offrent pour la première fois l'opportunité aux scientifiques d'explorer l'histoire des peuplements de la presqu'île au cours du dernier millénaire à travers le profil ADN de sa population actuelle.

Les personnes qui ont livré des échantillons pour permettre cette étude ont été invitées par M. Richard Jones, le directeur de ce projet, à cette restitution qui aura lieu au cinéma le Trianon à partir de 20h (inutile pour eux de s'inscrire à nouveau !).

Le génotypage de SNP visant à cartographier le génome entier d'un petit échantillon de la population moderne de la presqu'île du Cotentin Résultats Préliminaires, par le prof. Richard Jones.

Avant-propos

Avant d'aborder ces données de notre étude ADN, je voudrais remercier le **Leverhulme Trust** d'avoir financé, et donc rendu possible, la réalisation de ce projet, ainsi que nos partenaires français représentés par le professeur Pierre Bauduin du Centre de Recherches Archéologiques et Historiques Anciennes et Médiévales à l'Université de Caen, et le CNRS. J'aimerais également adresser des remerciements particuliers à mon collègue et ami, Julien Deshayes, qui a rendu notre tâche possible, grâce à ses efforts considérables en matière de recrutement, de médiatisation locale, de traduction, et de mise à disposition de la Maison du patrimoine. Je tiens également à remercier la presse de son intérêt pour cette étude, et dont les reportages ont entraîné un flux remarquable de demandes de participation.

De même, je tiens à remercier Lauren Butler, qui a contribué, une fois de plus, à recueillir les échantillons. Par-dessus tout, je tiens à remercier bien sûr ceux d'entre vous qui se sont portés volontaires pour fournir les échantillons.

Comme vous le savez, et pour des raisons juridiques, nous avons été incapables de fournir des résultats individuels à des participants spécifiques. Le retard causé par les cinq mois de négociations juridiques entre les deux côtés a sans doute mis votre patience à rude épreuve. Je vous suis donc

vivement reconnaissant d'avoir décidé de mener à bien le projet, et d'avoir eu la générosité d'apprendre à connaître vos histoires individuelles afin de contribuer à une étude qui ajoute aujourd'hui une nouvelle dimension à l'histoire du Cotentin et plus généralement de la Normandie.

Vous avez été quatre-vingt-neuf, d'un total de 92 participants, à accepter les nouvelles dispositions en matière de communication des résultats. Cela implique deux choses.

D'abord, et sur le plan pratique, le nombre important d'échantillons permet d'obtenir des résultats plus fiables que si le nombre de participants avait été plus restreint.

Plus essentiellement encore, ceux d'entre vous qui sont restés dans le projet ont réussi à communiquer un message fort à ceux qui ont remis en question son objectif. Vous avez prouvé par vos actions et vos réponses que la principale motivation derrière votre participation a toujours été de contribuer au progrès général de la compréhension historique de votre région, pour le bien de tous, et non d'établir une certaine base scientifique en vue de faire valoir des revendications à titre personnel et politique. Certains crachent fureur et indignation pour faire valoir leurs opinions ; en crachant, en toute discrétion, dans des tubes à essai, vous avez eu un impact aussi puissant, sinon plus.. Vous pouvez tous être fiers de vous.

Historique Génétique

En ce moment même, d'énormes progrès se réalisent en matière d'ADN ancien. Pourtant, cette science a toujours souffert d'une difficulté à obtenir du matériel exploitable à partir de vestiges archéologiques et à cause du coût important de l'analyse. Il existe par conséquent très peu d'échantillons qui nous permettent d'étudier de manière directe, la composition génétique des populations anciennes.

Or la situation évolue rapidement. Il a été démontré récemment qu'un des os du crâne, nommé os pétreux, préserve bien son ADN en étant particulièrement dur et dense. Aujourd'hui, la réduction du coût de l'analyse ainsi que la possibilité d'avoir une source fiable d'ADN ancien, nous permettent de prévoir des découvertes dans le proche avenir. Nous attendons avec beaucoup d'intérêt les résultats sortants des études de Rollo, par exemple, actuellement entrepris par des généticiens Danois et Norvégiens et qui devraient être prêts en automne.

Pendant les deux dernières décennies, l'insuffisance d'échantillons d'ADN anciens fiables a poussé les généticiens à développer des méthodes indirectes qui à partir d'ADN moderne explorent les populations historiques. Les deux parties les plus précieuses de notre ADN forment le chromosome Y, qui est transmis de père en fils, et l'ADN mitochondrial qui est transmis par la mère aux descendants des deux sexes. Notre étude s'est jusqu'à présent concentrée sur le chromosome Y. Des examens bien réfléchis sont capables d'identifier les variations dans la composition complexe des chromosomes.

Ces variations se produisent au fil du temps sous forme de mutations génétiques causées par plusieurs mécanismes naturels et sociaux, mais aussi par le hasard. Ces variations peuvent être regroupées selon plusieurs critères. Cela permet de classer un individu dans un 'haplogroupe' particulier, et ceci en fonction du type de variations détectées dans leur ADN. Ces haplogroupes ne sont pas équitablement répartis sur le globe terrestre mais tendent à se regrouper dans des continents particuliers.

Ce phénomène est causé par le fait que les mutations sont relativement récentes (au cours des derniers 15000-5000 ans) et ne se sont pas encore bien dispersées géographiquement. Cependant, comme les populations mondiales deviennent plus mobiles, ces regroupements géographiques commencent à se dissoudre.

Cette carte montre la répartition des haplogroupes les plus souvent retrouvés en Europe sous forme de pourcentage de la population totale de chacun des pays échantillonnés. Contrairement à l'analyse par échelle continentale, où les différences sont souvent faciles à détecter, l'analyse par échelle sous continentale devient une tâche bien plus compliquée. Nous traitons souvent les proportions relatives d'haplogroupes présents dans une population donnée afin de différencier au sein même d'une nation.

Nous constatons que le groupe rose R1b est dominant en Europe de l'Ouest, mais que plus on se déplace vers l'Est, donc l'Europe centrale et orientale, plus le R1A devient fréquent. Une forte agglomération de J2 rouge est observable autour de l'est de la méditerranée, alors que le I1 bleu se démarque au nord de l'Europe. Si nous nous concentrons sur la France, nous constatons qu'environ la moitié de la population appartient à l'haplogroupe R1b, similairement à l'Allemagne, mais qu'il est sensiblement inférieur à celui constaté dans la péninsule Ibérique et chez les Basques, ou en effet parmi ses autres voisins Néerlandais et Anglais. Il y a toutefois des raisons qui justifient le devoir d'être prudent quant à ce type de carte génétiques d'Europe.

Tout d'abord, les statistiques d'une base de données nationale risquent de ne pas prendre en considération les importantes variations régionales. Deuxièmement, et d'un point de vue historique, les données ne garantissent pas une représentation totale de la vraie composition génétique des résidents de long terme d'un certain pays surtout lorsqu'elles proviennent de rapport médicaux anonymes et modernes.

Ceci dit, ces données sont loin d'être inutiles car elles fournissent incontestablement le cadre dans lequel nous pourrions commencer à expliquer les différences. Il existe d'autres manières pour illustrer ces données.

Prenons l'haplogroupe J2 comme exemple. Nous remarquons que la proportion de ce groupe peut atteindre 30-40% de la population en Turquie et au Moyen-Orient. Sa présence reste importante en Italie et en Grèce, mais elle diminue rapidement vers le Nord et vers l'Ouest montrant ainsi une proportion de 1-5% en Normandie, et de moins de 1% en Angleterre.

Il semble judicieux dans le contexte de la présente étude, de faire contraste en examinant la distribution de l'haplogroupe I1. Ce groupe est visiblement le plus fréquent dans les populations modernes de la Suède et de la Norvège et un peu moins dans la population Danoise. Il est également présent parmi les Allemands (1% à 10%) et les Anglais (1% à 7%). Beaucoup moins répandu en France, où l'on retrouve cet haplotype moins qu'une fois sur vingt. La particularité de ce groupe laisse à suggérer la possible origine géographique d'un ancêtre à distance. Il est donc sensé d'adopter l'hypothèse qui trace le mouvement de populations suivant le mouvement d'haplogroupes.

Mais cela ne pourrait pas être prouvé définitivement à cause du mélange d'haplogroupes au sein d'une même population. De plus, depuis la totalité du matériel génétique formant un individu, seul le brin d'ADN paternellement transmis et formant le chromosome Y est considéré. D'autres pièces d'ADN comme celles héritées directement de la lignée maternelle pourraient indiquer différentes

origines. Il est possible de voir à travers l'arbre généalogique cité comme exemple, la manière dont le chromosome Y passe à travers les générations de père en fils ; mais comment le chromosome Y de certains ancêtres ne figure pas dans la dernière génération.

Lorsque nous passons à l'ADN mitochondrial, la situation est presque similaire. Les mères contribuent leur ADN mitochondrial à leur progéniture des deux sexes, sauf que dans ce cas seules les filles pourront retransmettre ce brin d'ADN.

En fait, l'entièreté de notre ADN provient d'un mélange complexe et diversifié qui ne permet que très rarement de revenir à un ancêtre en particulier. Il est aussi essentiel de noter que la génétique ne s'exprime ni sur la race, ni sur l'ethnie des personnes en question. La biologie (génétique incluse) ne reconnaît pas le système de races : 99,9 % de l'ADN est identique chez tous les êtres humains, nous appartenons tous à une seule race humaine qui ne peut pas être subdivisée racialement. De l'autre côté, l'appartenance ethnique est construite par le social et le culturel ; elle n'est pas une réalité biologique, et ne laisse donc aucune marque visible dans l'ADN d'une personne.

Des personnes ayant le même haplogroupe peuvent se définir comme ethniquement différentes entre elles ; alors que des personnes se définissant eux-mêmes ethniquement semblables pourraient avoir différents haplogroupes.

Ce sont des choses importantes à retenir lors de l'interprétation de tout résultat génétique, de sorte à pouvoir dévoiler toute ignorance ou intention de falsifier les preuves en tentant d'associer ceci à une différence raciale. L'art du généticien de populations réside dans l'interprétation de ses résultats. Ceci est mieux réalisé lorsque les résultats sont regroupés et non pas traités isolément, car les familles ayant des historiques complexes pourraient influencer les chiffres de manière significative. Alors que si les résultats sont étudiés en masse, une image claire de la composition génétique de la population et les contributions relatives d'haplogroupes (possiblement de différentes origines géographique) apparaît. C'est particulièrement le cas lorsqu'une population montre une proportion d'haplogroupes plus importante que prévu, et au-delà de sa répartition géographique attendue.

Dans des situations pareilles, les généticiens peuvent aller rechercher les raisons dans l'histoire, chez les populations dotés d'un passé migratoire évident, afin d'expliquer ces anomalies génétiques apparentes. Compte tenu l'histoire connue de l'Angleterre, par exemple, nous pouvons nous attendre à voir une "contribution" Germanique par la colonisation des Anglo-Saxons après la période Romaine. Nous prenons compte de ces attentes. Mais encore plus, ce n'est qu'en examinant la proportion de ceux ayant les marqueurs d'ADN potentiellement d'origine Anglo-Saxonne, que nous pouvons commencer à évaluer l'ampleur de la colonisation.

Une question à laquelle ni l'histoire, ni l'archéologie n'ont pu répondre. Est-ce que l'invasion Anglo-Saxonne était une prise de charge de l'élite ? Ou a-t-elle causé la migration massive des gens ? Et là où l'ADN mitochondrial a été examiné, s'agissait-il des femmes (si oui, combien) ainsi que des hommes ? Nous pouvons poser les mêmes questions que celles posées face aux autres mouvements migratoires historiquement prouvés, comme par exemple ici en Normandie. Pouvons-nous détecter une signature génétique des Vikings ? Si oui, à quel degré ? Comment les résultats de Normandie se comparent à ceux venant d'autres territoires touchés par la diaspora Scandinave à la fin du premier millénaire avant notre ère ? Y'a-t-il des différences évidentes dans la structure génétique des Anglais, des Irlandais, des Écossais et des Normands qui pointent vers différentes échelles et intensités de colonisation Scandinave ? Est-il possible de séparer la contribution Danoise de celle Norroise Viking ?

Ce sont des questions intéressantes et importantes. Mais ce sont aussi des questions sur lesquelles il est difficile d'y répondre. Nous faisons un énorme saut de croyance lorsque nous expliquons une distribution génétique moderne par des processus historiques. Il existe un énorme fossé à combler entre des événements qui ont eu lieu depuis mille ans, et le présent. La génétique historique ne peut qu'offrir un ensemble de possibilités, des probabilités occasionnelles, mais jamais des certitudes. Il est important de reconnaître que l'histoire des populations d'Europe de l'ouest, et particulièrement de Normandie, est extrêmement complexe. Toutes les régions ont connu des vagues successives d'immigration au cours des siècles. Il n'est pas facile d'isoler la contribution d'une seule population au sein de mouvements de populations tellement fluides. La tâche devient plus difficile par le fait que même si nous avons souvent affaire à des épisodes historiques distincts, beaucoup d'individus ont du matériel génétique en commun. Il est difficile par exemple de confirmer si l'origine d'un haplogroupe particulier dans une certaine région vient des tribus Germaniques, ou ultérieurement avec les Anglons-Saxons, ou encore plus tard avec les Danois. Génétiquement tous ces gens sont très similaires. La génétique historique est donc pleine d'incertitudes, mais elle reste notre meilleure méthodologie disponible, d'ici jusqu'à la sortie en masse des études d'ADN ancien. Nous pouvons prendre des mesures, comme nous l'avons fait ici en Normandie, pour veiller à ce que notre échantillon nous donne les meilleures chances de succès. Il a été démontré ailleurs, que des résultats plus significatifs peuvent être obtenus par échantillonnage des individus ayant une association familiale avec leur région. C'est la raison derrière le critère de sélection qui a limité les participants à ceux qui sont nés dans un rayon de moins de 50 km de la ville natale de leurs quatre grands-parents. Une résidence stable au cours des trois dernières générations est souvent indicatrice d'une plus longue histoire de la famille dans cette région en particulier.

Tous ceux qui ont participé à ce projet respectaient ce critère. Il est cependant très difficile de retrouver ces personnes en Angleterre, car la population est devenue beaucoup plus mobiles au XVIII^e siècle en conséquence à la révolution industrielle. Bien que cette différence marquée entre les deux côtés du canal ne fût pas attendue, cela ne signifie pas forcément que la France, ou du moins certaines de ses régions, offrent un meilleur environnement d'échantillonnage pour cette étude qu'en Angleterre. Deuxièmement, parce que notre intérêt se concentre sur le chromosome Y, transmis de père en fils, nous avons ajouté les noms de familles comme autre dimension à notre sélection, car ils sont aussi transmis via la lignée paternelle. C'est aussi parce que nous nous intéressons à la contribution Vikings dans le Cotentin que notre intérêt se concentre sur les patronymes Scandinaves en particulier. L'obligation juridique de rendre les échantillons anonymes, nous a privés toutefois de comparer ces derniers avec ceux dont les noms de famille n'indiquent aucune origine Scandinave. Mais ce processus de sélection aurait biaisé l'échantillon. C'est en effet chez vous, les participants, qu'il nous est le plus possible de détecter une contribution Scandinave à l'ADN de la population moderne du Cotentin.

Les Résultats

Voici les résultats de l'étape préliminaire d'analyse sortant de votre ADN. Je voudrais les décrire brièvement ainsi que la manière dont ils sont interprétés par les généticiens qui traitent le sujet d'Histoire. Je tiens ensuite à comparer nos résultats à d'autres échantillons disponibles et venants du reste de l'Europe. Nous allons voir comment ceci va permettre de voir si votre ADN est inhabituel et va aider à identifier d'autres régions ayant des profils similaires, ou souvent très différents. Enfin, je listerai les analyses futures que nous avons l'intention de faire pour affiner les résultats, en

espérant de mettre plus de précisions à un tableau complexe. Ce n'est pas la fin du processus analytique. En fait, ce n'est que le début. La loi française nous empêche malheureusement de vous dire où dans l'organigramme votre ADN a contribué. Néanmoins vous êtes là, et ensemble, vous avez aidé à créer ce premier aperçu des profils génétiques de la population moderne de la péninsule du Cotentin. Ce diagramme en camembert représente le groupement des résultats sortant de l'analyse des 89 échantillons.

Chacune des sections représente un haplogroupe différent du chromosome spécifique aux mâles. Il est important de rappeler qu'en tant que participants individuels, vous appartenez à une seule des sections identifiées dans le diagramme. Plus le nombre de personnes appartenant à un haplogroupe particulier est grand, plus la taille de la section dans le camembert est grande. L'ensemble des résultats ici est exprimé en pourcentage du total plutôt qu'en nombre d'échantillons individuels. Le plus important segment du graphique, et de loin, représente l'haplogroupe R1b (52 personnes; 59 % des échantillons). C'est le type de chromosome Y le plus répandu en Europe du Nord et de l'Ouest. Comme vous pouvez le voir sur cette carte, sa fréquence géographique forme un gradient qui augmente sur un axe partant du sud-est vers le nord-ouest ; de la Turquie vers l'Irlande. Son origine revient à une expansion médiée par les mâles pendant l'âge de Bronze, il y a environ 4000 ans. Des éléments de preuves d'ADN ancien et moderne suggère que les bergers de la région des steppes au nord de la mer Noire ont immigré en Europe en apportant cette haplogroupe, et aussi une nouvelle technologie pour l'usage des métaux. Certains chercheurs croient que ces migrants ont même importé la famille linguistique indo-européenne qui domine l'Europe d'aujourd'hui. Cette haplogroupe peut être utile pour étudier les contributions des Vikings Norvégiens et Danois à la Normandie mais un travail plus détaillé reste nécessaire pour subdiviser ce grand groupe. Nous pourrions noter, cependant, qu'ici dans le Cotentin, le pourcentage de R1b est légèrement plus faible que prévu. C'est parce qu'ici d'autres haplogroupes jouent un rôle plus important. ~Le deuxième groupe en importance est I1 (11 individus, 13 % de l'échantillon). Tout comme le R1b, il vient aussi d'une "jeune" lignée, descendant d'un homme qui vivait il y a environ 4000 ans. L'haplogroupe I1 est très fréquent en Scandinavie (plus de 45 % de la population appartiennent à ce groupe génétique dans certaines régions), et donc nous pouvons pour l'instant suggérer une possible ascendance Viking en Normandie. Nous pouvons voir, à partir de cartes génétiques européennes, que notre échantillon donne près de trois fois le nombre prédit d'individus I1. Cependant, certaines populations Germaniques ont aussi des fréquences comparables à celles observées en Normandie. Nous avons examiné ce dernier groupe de plus près. Les généticiens produisent des réseaux qui placent les échantillons individuels d'une certaine origine géographique au sein de son propre groupe. D'autant qu'ils sont positionnés proche l'un de l'autre, d'autant le lien de parenté est grand. Nos échantillons de Normandie ne sont pas agglomérés, résultat indicatif d'un ensemble hétérogène plutôt qu'un groupe homogène. En d'autres termes, les haplogroupes I1 en Normandie auraient différentes origines. Lorsque nous examinons les "empreintes" sous-jacentes de l'haplogroupe I1, certains des chromosomes Y Normands montrent une affinité avec les Germaniques, tandis que d'autres révèlent une affinité avec les Scandinaves. Ceci pourrait suggérer une contribution mixte en Normandie dans le passé.

D'autres haplogroupes, moins représentatifs au sein de notre échantillon, pointe aussi dans une direction d'origines Germaniques ou Scandinaves. I2 vient d'une lignée ancienne qui apparut au paléolithique il y a 14,000 ans. Cet haplogroupe est le plus fréquent dans le sud-est de l'Europe, et il est retrouvé chez trois participants de la Normandie. Toutefois nos échantillons s'identifient

beaucoup plus étroitement avec la sous-clade I2a2. Aujourd'hui, la fréquence de I2a2 est à son sommet dans le centre et le nord de l'Allemagne (10-20 %), les Pays-Bas (10-15 %) ainsi que dans le nord de la Suède. I2a2 est également constaté dans 3- 10% des habitants du Danemark, de l'est de l'Angleterre et le nord de la France. Il est plus rare en Norvège, à l'exception du sud, où l'influence Danoise fut forte historiquement. R1b-M222 est un haplogroupe pour lequel il n'existe pas de carte Européenne. Nous avons créé un réseau à cette jeune lignée, généralement considérée comme caractéristique de l'Irlande. Sa fréquence là-bas, 26%, est inhabituellement élevée. Retrouvé chez trois participants de la Normandie, il indique une possible migration Irlandaise, peut-être Hiberno-Norroise, dont la présence peut être expliquée par certains noms de lieux dans le Cotentin. Cependant, la lignée est également retrouvée à faible fréquence dans d'autres régions Françaises et dans les Pays-Bas, chose qui demande précaution dans l'interprétation. Au moins un de nos R1b-M222 Normands s'aligne avec des exemples Irlandais. Aujourd'hui, plus du quart d'hommes Norvégiens portent le 'jeune' haplogroupe R1a, et sa présence à l'extérieur de la Scandinavie est souvent considérée comme preuve d'une migration Viking. Cette lignée est toutefois rare en Normandie : seulement 2 des 89 participants. Ceci pourrait être à l'encontre d'une contribution Norroise, constatation qui aurait une potentielle importance historique et à laquelle je reviendrai plus tard. Certes, l'examen du réseau R1a de plus près, montre que les deux Normands ne sont pas étroitement liés au groupe principal Scandinave représenté en violet. L'haplogroupe N est une lignée commune dans le nord-est de l'Europe, particulièrement à l'est de la mer Baltique. Il est rare dans la péninsule Scandinave, et il est tentant de spéculer que le seul exemple en Normandie pourrait représenter un migrant Viking.

Nous pouvons passer maintenant aux haplogroupes qui pointent dans d'autres directions. Le troisième groupe le plus grand (5 personnes ; 6 % de l'échantillon) est représenté par l'haplogroupe E3b. Cette lignée remonte à il y a environ 15 000 ans et comme indiqué par ces deux cartes, elle se concentre dans la Méditerranée. Parmi notre échantillon, on peut identifier deux sous-groupes : trois de nos échantillons peuvent être classés comme E-V13, prédominant dans les Balkans, tandis que les deux autres appartiennent à E-M81, une lignée d'Afrique du Nord. Comme vous pouvez le voir dans le graphique, ces deux haplogroupes sont rares en Europe de l'Ouest, et E-M81 est en effet extrêmement rare. Toutefois, environ 1 à 10 individus mâles de la population Portugaise appartiennent à cet haplogroupe, ce qui rend possible l'hypothèse d'une migration récente en Normandie via les liens commerciaux maritimes. Par contre, les déclarations de l'historien du dix-neuvième siècle Elisée Reclus dans *L'Homme et la Terre* disant que "les habitants [de Granville] sont considérés par certains d'être de descendance Ibérique" ne sont pas admises en générales par les historiens qui ne trouvent dans les listes de noms enregistrés, aucune preuve de résidents Espagnols ou Portugais. La détection de ces deux haplogroupes dans nos échantillons reste un mystère.

L'apparition de l'haplogroupe G dans nos échantillons est tout aussi inattendue, et certainement à la fréquence dans laquelle il est retrouvé (4 individus; 5 % de l'échantillon). Cet haplogroupe est rare dans l'ouest de l'Europe (généralement moins de 5 %), et comme le montre cette carte, il est le plus commun dans certaines régions Méditerranéennes particulièrement à l'est de la Turquie, en Géorgie, et en Arménie. Similairement à l'haplogroupe I, il reflète la présence de la population autochtone en Europe avant l'âge Néolithique (estimée à environ 19 000 ans). Sa forte présence en Normandie est surprenante. Le lieu d'origine possible le plus proche est la Sardaigne, sauf que je ne suis au courant d'aucun des liens historiques étroits entre la Normandie et cette île. L'haplogroupe

G n'est pas commun en Sicile et dans le sud de l'Italie, mais suffisamment présent pour que ces lieux restent une origine potentielle du G retrouvé récemment dans le Cotentin. J1 est très fréquent dans le Moyen-Orient et en Afrique du Nord, mais rare en Europe à l'exception du Sud. Il reste surprenant de trouver deux exemples J1 en Normandie. J2 est plus étroitement associé avec la Turquie et le Moyen-Orient. Nous avons un ou peut être deux exemples de cet haplogroupe dans nos échantillons. Trois de nos échantillons sortent suffisamment des normes attendues, empêchant donc leur classification dans un haplogroupe défini. L'un de ces derniers montre une affinité étroite avec J2, l'autre avec I1, tandis que le troisième pourrait représenter un nouveau type génétique non identifié auparavant.

Pour mieux comprendre ces résultats, il est utile de les comparer avec d'autres études. L'étude de l'ADN effectuée sur la Péninsule de Wirral dans le nord-ouest de l'Angleterre est la plus proche de la nôtre en termes de méthodologie. Cette zone est connue historiquement (noms de lieux comme éléments de preuve) d'avoir été colonisée par les Nordiques à la fin du premier millénaire après JC. Les chercheurs en question ont entrepris une analyse basée sur les noms de familles (comme cela a été notre première intention) ainsi qu'un examen de la population moderne dans son ensemble. Certains constats peuvent être faits :

Tout d'abord la variation génétique présente en Normandie est significativement plus grande que dans la région de Wirral. Toutefois, les résultats se rapprochent là où les pourcentages peuvent être vérifiés. Ainsi, parmi la population du Wirral, 69 % appartiennent à R1b, tandis que pour la Normandie ce chiffre est de 62 % (si on inclut R1b-M222). Pour l'haplogroupe I, les pourcentages sont respectivement de 23 % et 17 %, de 4 % et 2 % pour R1a, et de 3 % et 6 % pour E3b. Lorsque les résultats du Wirral ont été examinés par l'historique des noms de famille, la plupart des haplogroupes ont maintenu leurs fréquences initiales, mais R1b a chuté de 69 % à 62 %, et I a chuté de 23 % à 14 %.

Par contre, R1a a augmenté considérablement, passant de 4 % à 14 %. Ceci est très significatif, étant donné que R1a lorsqu'en dehors de la Scandinavie est souvent représentatif d'une migration Viking. C'est en effet une raison pour remettre en question l'importance de la contribution Norroise dans la péninsule du Cotentin. D'autre part, il aurait été très utile de comparer le marqueur Hiberno-Norrois R1b-M222 et le marqueur R1a tous deux présents dans l'échantillon de Normandie, avec les noms de famille pour tester l'association marqueur génétique-nom de famille Scandinave. Malheureusement, jusqu'au jour où les règles affectant l'étude génétique de populations changent en France, il ne serait pas possible de savoir. Nous sommes donc laissés à devoir comparer nos résultats de Normandie avec d'autres résultats venant de populations dans toute l'Europe. Et ceci doit être traité avec prudence car la manière dont ces résultats ont été compilés est très différente. Il serait donc possible que parfois nous ne comparons pas directement le comparable. Malgré ces problèmes potentiels à résoudre, nous avons généré une carte qui montre les profils de base résultants de la Normandie plus alignés avec les pays de l'Europe du nord plutôt qu'avec ceux du sud.

Ceci est dû en particulier à cause de la faible fréquence de l'haplogroupe I1 dans les échantillons du sud. Nos échantillons du Cotentin ressemblent donc le plus ceux provenant de la Baie de Somme, des Pays-Bas et la Belgique, et ne sont pas différents des résultats du centre et du sud de l'Angleterre. La séparation génétique entre la Normandie et la Bretagne devient plus claire. En effet, il est frappant de constater à quel point ces deux duchés semblent être génétiquement différents. La

différence la plus grande réside dans la présence beaucoup plus élevée de J1 ('jeune lignée' Germanique/Scandinave) et de G ('ancienne lignée' dans le Caucase) dans la population Normande, qui sembleraient remplacer R1b. En bref, la Bretagne s'associe avec Cornwall et d'autres parties de la soi-disant "frange Celtes" y compris le Pays de Galles et l'Irlande. Donc, en dépit de leur proximité et leurs quelques quelques histoires partagées, l'étude suggère différentes histoires génétiques pour ces deux populations. Une évaluation statistique peut tester cette différence. Ce graphique représente les similarités et les différences des échantillons régionaux et nationaux selon deux axes. Il regroupe les camemberts nord-ouest Européens comme statistiquement indiscernables, en les plaçant dans le même quadrant comprenant les résultats Scandinave tout en démontrant une différence qualitative attendue entre les deux groupes. L'éloignement de la Norvège du Danemark et de la Suède est à noter. La Bretagne s'aligne avec d'autres échantillons Français de l'ouest du littoral et reste proche de de l'Irlande et le Pays de Galles. Elle est significativement différente des échantillons provenant du sud-ouest de la France et le Pays Basque.

Que devons-nous faire alors de nos résultats du Cotentin ? D'abord, nous ne sommes pas surpris par la diversité génétique au sein de notre échantillon. Nous savons que l'histoire du peuplement de la Normandie est complexe. Que cela se reflète dans l'échantillon est à bien des égards rassurant. Nous savons peu de choses sur la préhistoire, mais la présence d'anciennes lignées d'ADN nous ramène un long chemin dans le temps. Pour les périodes historiques, nous pouvons être plus certains : occupation gallo-romaine, migrations germaniques, connexion des deux rives du canal qui est attestée par les noms de lieux Anglo-saxons, et colonie Scandinave. Puis nous avons la complexité ajoutée pendant le deuxième millénaire AD, lorsque le mouvement de populations est devenu de plus en plus important et l'ADN s'est entremêlé entre individus. C'est ce que nous dit cet échantillon.

Deuxièmement, nous pouvons voir que la Normandie se tourne vers le nord. Sa population et son histoire culturelle appartiennent, au moins en général, au nord-ouest de l'Europe centrée sur la mer du Nord et le canal. Mais ce qui peut être encore plus fascinant, c'est que les haplogroupes les moins représentés sont plus fréquents que prévu, et indiquent des origines autour de la Méditerranée, y compris l'Afrique du nord, et s'étendent plus loin vers l'est dans le Moyen-Orient et l'Europe de l'est. La Normandie est donc une connexion nord-sud européenne. Rome explique la relation avec le sud, de même que les avoirs fonciers Normands en Sicile, ainsi que l'engagement historique dans les croisades qui s'éloigne plus encore vers l'est. La mer ouvre aussi à la Normandie d'autres routes le long desquelles de l'ADN aurait pu être transmis à différents moments par différentes interactions. Il est intéressant de noter que malgré les attentes que ceci se reflète aussi chez les Bretons, il ne l'est pas. Enfin, qu'en est-il des Vikings ? Il est frustrant que l'échantillon soit ambiguë. Sauf qu'il est aussi très tentant de considérer le fort signal de I1 comme marque laissée par les Vikings en Normandie, où il se trouve présent approximativement dans les mêmes proportions que celles observées chez d'autres populations ayant un historique Viking connu. Si ceci est vrai, alors la colonisation a apparemment eu lieu à une échelle de temps similaire, par exemple, à celle du Danelaw Anglais. Que nous ne voyons pas une forte signature Norroise, si I1 peut être interprété tel, tend vers l'implication Danoise plutôt que Vikings Norroise ici dans le Cotentin. Mais la présence de R1b-M222 nous donne la possibilité d'un lien pour les Norrois, possiblement venant en deuxième diaspora via l'Irlande plutôt que directement à partir de leur pays d'origine. Dans l'affirmative, cela peut révéler une longue période de colonisation Scandinave directe et indirecte pendant quelques centaines d'années. Mais comme tout en génétique de l'histoire des populations, ces conclusions doivent être prises avec prudence. I1 pourrait aussi représenter l'empreinte de tribus Germaniques plus anciennes ou en effet un accouplement entre populations Anglo-Saxonnes. Quelle est la prochaine

étape ? Il y a clairement beaucoup de travail à faire. A l'heure actuelle, l'image reste extrêmement floue. Pour aller plus loin, nous effectuons en des analyses du chromosome Y plus poussées afin de mieux définir les haplogroupes, identifier d'éventuelles sous-clades, et créer des réseaux qui aident à identifier plus clairement et de manière précise les origines géographiques. Nous allons également effectuer une analyse de du génome qui est partagé entre les mâles et les femelles, et hérité des deux parents. Ces expériences clarifieront aussi la contribution de l'ADN mitochondrial, transmis seulement des mères à leurs enfants. Ceci ouvrira vos arbres généalogiques vers des parties qui sont à l'heure invisibles. L'ADN mitochondrial est très difficile à analyser, car il s'agit de plusieurs brins d'ADN hérités plutôt que la seule lignée du chromosome Y. Enfin, les données génétiques que vous nous avez aidés à générer depuis la population moderne de Normandie reste une ressource précieuse permettant de comparer l'ancien matériel génétique de squelettes de l'époque viking si ce dernier est généré à l'aide des nouvelles méthodes de séquençage d'ADN actuellement disponibles. La connaissance de l'histoire génétique de la Normandie n'est qu'à ses débuts.