

# *Homogénéité ou diversité ? L'histoire de la population du Québec revue à travers ses gènes*

Gérard Bouchard et Marc De Braekeleer\*

*Cet article prend à témoin les résultats les plus récents des recherches de génétique moléculaire au Québec pour situer dans une nouvelle perspective quelques interprétations de l'histoire de la population francophone québécoise depuis le 17<sup>e</sup> siècle. Il est maintenant bien établi que cette population s'est caractérisée dès le départ par de forts éléments d'homogénéité sous le rapport de la culture (langue, religion, coutumes...). Peu à peu, l'opinion courante en a inféré une présomption d'homogénéité biologique que semblait valider la forte incidence de certaines maladies héréditaires spécifiques à la population canadienne-française. Cette présomption est toutefois démentie par les résultats de quelques enquêtes de génétique moléculaire qui tendent plutôt à accréditer l'hypothèse contraire.*

*Ces données invitent à considérer sous un nouvel éclairage les modèles historiographiques rendant compte de la mise en place et de l'évolution de la population francophone du Québec.*

*The present study uses the most recent results from research in molecular genetics to put into new perspectives some interpretations of the history of the francophone population of Quebec since the 17th century. It is now well known that since its origins, this population, as a whole, was characterized by a significant degree of cultural homogeneity (language, religion, etc.). Progressively, the common wisdom came to presume that this population was also biologically homogeneous, this view allegedly being supported by the high incidence of a few hereditary disorders, some of them quite specific to the French-Canadian population. However, such hypothesis is not corroborated by the results of the molecular studies conducted so far. On the contrary, it appears that this population is genetically diversified.*

*These results call for a re-examination of the historiographical models accounting for the origins and the evolution of the French-speaking population of Quebec.*

---

\* Centre interuniversitaire SOREP, Université du Québec à Chicoutimi.

Cet article doit beaucoup aux échanges que les auteurs ont eus avec Charles-R. Sriver, Claude Laberge, Ken Morgan, Hubert Charbonneau et Jacques Dupâquier. Qu'ils soient ici remerciés de même que Danielle Gauvreau, Raymond Roy et Marc Saint-Hilaire, qui ont bien voulu lire une version antérieure de ce texte et suggérer plusieurs améliorations. Les auteurs remercient en outre, pour leur assistance financière, le Fonds FCAR (Québec), le Fonds de recherche en santé du Québec et la Fondation de l'Université du Québec à Chicoutimi.

Dans un article paru dans cette même revue (G. Bouchard et H. Watelet, 1987), il était souligné qu'en matière de diffusion génétique, si l'on fait exception du rôle joué par le hasard lui-même, ce sont en définitive les acteurs sociaux qui tiennent les commandes. En effet, par les divers choix qu'ils font de se marier ou non, à cet individu ou à cet autre, d'avoir plus ou moins d'enfants, de migrer ou de prendre racine, et ainsi de suite, les hommes et les femmes influencent directement les modalités de la diffusion des gènes dans la population, c'est-à-dire la structure, l'évolution du pool génique et, en définitive, les traits biologiques d'une population. En ce sens et dans cette mesure, il est bien vrai que le gène est comme le reflet, l'« archive du social », pour reprendre une expression du même article. Dans cette perspective, l'objet d'une histoire génétique (évoquée par l'un des auteurs) devrait consister à étudier les comportements collectifs en tant qu'ils permettent d'inférer les structures géniques. Mais en contrepartie, et tout aussi logiquement, il devrait aussi faire place aux données de la génétique moléculaire elle-même, en tant que témoins ou révélatrices de ces comportements et, par conséquent, en tant que guides et critiques de la science historique.

C'est de ce deuxième volet de la démarche que nous proposons ici une illustration. À partir des données biochimiques les plus récentes sur certaines fréquences géniques dans diverses régions du Québec, nous procéderons en quelque sorte à un test de concordance en cherchant à vérifier les schémas mis de l'avant par l'historiographie pour rendre compte de la formation et de l'évolution de la population francophone québécoise. Ce sera l'occasion de voir que la génétique peut non seulement valider les interprétations du passé, mais aussi contribuer à les préciser, à les nuancer, voire même à les rectifier sur certains points.

### I — Sur la formation et les caractéristiques de la population québécoise

Si l'on s'en tient aux grandes lignes, on relève beaucoup de continuité dans la façon dont les historiens québécois (en incluant les démographes-historiens) ont rendu compte de l'origine, de la formation et de l'évolution de la population francophone du Québec. Certes, depuis les travaux pionniers de G. Langlois (1934) ou des généalogistes Cyprien Tanguay et Archange Godbout, au-delà aussi des schémas très sommaires suggérés par les classiques de l'historiographie nationaliste (notamment Lionel Groulx), les interprétations et analyses se sont constamment enrichies et raffinées<sup>1</sup>. Mais dans l'ensemble, les idées maîtresses n'ont guère dévié, mettant en valeur les racines françaises de la population québécoise, l'isolement dans lequel elle s'est reproduite et l'homogénéité qui en a résulté. Plus précisément, et dans

---

1. Pensons ici, entre autres, à J. Henripin (1954), à M. Trudel (1973) et aux importants travaux publiés depuis plusieurs années sous l'égide du Programme de recherche en démographie historique de l'Université de Montréal (en particulier : H. Charbonneau *et alii*, 1987).

l'état actuel de l'historiographie, la représentation la plus accréditée et la plus fiable repose essentiellement sur les points suivants :

- 1) Les immigrants-fondateurs, jusqu'à la fin du régime français, sont venus en quasi-totalité de la France et principalement des régions du centre-ouest.
- 2) Cette population pionnière partageait d'importantes caractéristiques, en particulier sous le rapport de la langue (forte majorité de francisants) et de la religion.
- 3) Après 1765, la vague d'immigration en provenance de la France s'est définitivement tarie et elle n'a pas été remplacée à court terme. Jusqu'en 1820-1830, l'implantation d'immigrants non francophones au Québec est demeurée faible, mis à part les Loyalistes établis dans les Cantons de l'Est à l'époque de la guerre de l'Indépendance américaine et les mercenaires allemands qui les ont accompagnés.
- 4) Au moins jusqu'à la fin du 19<sup>e</sup> siècle, la croissance de la population canadienne-française a été le fait quasi exclusif du mouvement naturel, soutenu par une fécondité exceptionnellement élevée. Ainsi, quatre fois de suite, à partir de 1730, la population de la Nouvelle-France (qui était alors de 50 000 habitants environ) a doublé ses effectifs en moins de trente ans.
- 5) Il en a résulté, entre le 17<sup>e</sup> et le 20<sup>e</sup> siècle, un mouvement continu, en tache d'huile, d'occupation du sol le long et à partir de la vallée du Saint-Laurent, vers les arrière-pays des Laurentides sur la rive-nord et des Appalaches sur la rive-sud (R.C. Harris, G. Matthews, 1987 : planches 46, 49, 51; S. Courville, 1985; J. Mathieu *et alii* (1984); G. Bouchard, 1983).
- 6) Ce modèle de reproduction démographique dans une sorte de vase clos, ou à tout le moins dans un isolement géographique très prononcé, contrastait avec le modèle américain. Là, en effet, la fécondité était élevée également, mais l'accroissement démographique bénéficiait d'une immigration beaucoup plus intense et plus diversifiée en provenance d'abord des Îles britanniques, puis de l'ensemble du continent européen. Pour s'en tenir à la période antérieure à 1700, rappelons que la France a contribué annuellement au peuplement du Canada à raison de huit immigrants en moyenne par million d'habitants. En regard, l'ensemble du Nouveau-Monde accueillait, toujours annuellement et en provenance des Îles cette fois, 680 immigrants par million de Britanniques.
- 7) Un groupe de pionniers et de pionnières du 17<sup>e</sup> siècle a eu une descendance extrêmement nombreuse, si bien qu'une minorité de fondateurs et de fondatrices rend compte de la majorité de la population canadienne-française actuelle (H. Charbonneau *et alii*, 1987, chap. VI). À de

nombreuses reprises, et avec raison, on s'est plu à signaler l'analogie entre ce modèle de reproduction démographique et celui qui a été observé dans les isolats classiques (qui sont très souvent, comme on sait, de petites populations insulaires).

- 8) Ce modèle est renforcé par le fait qu'il y eut peu d'apports non francophones dans le processus de reproduction. D'abord, tout au moins pour les 17<sup>e</sup> et 18<sup>e</sup> siècles, on relève un nombre apparemment négligeable de mariages célébrés entre Amérindiens et Blancs<sup>2</sup>. Par ailleurs, le clergé québécois a toujours découragé les mariages avec des non-catholiques, ce qui a accentué les liens au sein de la population francophone, elle-même en quasi-totalité catholique.
- 9) Sur plus de trois siècles, le mode de développement démographique ainsi mis en place a engendré les principaux traits de la population francophone du Québec, en particulier son homogénéité, directement imputable au type d'immigration pionnière, au contexte d'isolement et aux pratiques d'endogamie (H. Charbonneau, 1988).

Nous tenons tout de suite à marquer clairement que dans les pages qui suivent, l'objet de la démarche n'est pas de remettre en cause ou de réfuter ces résultats qui sont issus d'analyses rigoureuses et qui ne sont pas donnés ici comme des « idées reçues ». La solidité et la fiabilité de ces reconstitutions confèrent justement sa pertinence à l'analyse que nous poursuivons ici et qui vise plutôt à : a) interroger ces données sous un autre angle; b) nuancer substantiellement, sinon contredire certaines inférences qu'on a pu faire à partir d'elles; c) pointer des zones d'ombre sur lesquelles la recherche pourrait utilement se porter dans l'avenir.

Au chapitre des inférences, celles qui sont visées ici concernent la génétique. Pour une bonne part, l'idée de l'homogénéité biologique des francophones québécois fait en quelque sorte partie de la vulgate scientifique, à titre de corollaire le plus logique du mode de formation et de développement de cette population. Sous ce rapport, par exemple, les francophones québécois se perçoivent d'emblée comme étant bien différents des Canadiens anglais ou des Américains — c'est-à-dire plus homogènes. Cependant, au-delà des représentations courantes si imprégnées des stéréotypes relatifs aux mariages consanguins, c'est la génétique humaine elle-même qui, fort involontairement, a suggéré l'image de l'homogénéité remarquable du pool génique francophone. En effet, et comme il convenait tout naturellement de le faire, les recherches des premiers généticiens québécois ont porté sur les gènes mutants qui étaient à l'origine des principales maladies sévissant au Québec. Or, il se trouve que la plupart de ces génopathies étaient soit peu fréquentes, soit

---

2. On a pu en compter plus de 85 exactement pour toute la durée de la Nouvelle-France (communication personnelle de Hubert Charbonneau, qui confirme ainsi les estimations proposées il y a longtemps par Benjamin Sulte).

carrément inconnues dans les autres populations; on parle ici de la tyrosinémie, de l'ataxie spastique Charlevoix-Saguenay, du rachitisme vitamino-dépendant, de la polyneuropathie sensori-motrice avec ou sans agénésie et de la dystrophie oculo-pharyngée<sup>3</sup>. Dans tous ces cas, la maladie résulte du fait qu'un gène très rare, introduit en Nouvelle-France par un ou quelques immigrants français (vraisemblablement), a trouvé des conditions propices à sa reproduction. En gros, ces conditions consistent dans la fécondité très élevée combinée avec l'endogamie, et ce, à l'échelle régionale<sup>4</sup>. Cette multiplication de gènes délétères rares est donc essentiellement et indiscutablement une manifestation d'homogénéité génétique, comme on en trouve, par exemple, en Suède et en Finlande (H.R. Nevanlinna, 1980; R. Norio *et alii*, 1973; L. Beckman, N. Myrberg, 1972).

Ainsi, au Québec, on voit la tyrosinémie, l'ataxie spastique, le rachitisme vitamino-dépendant, la dystrophie myotonique et quelques autres génopathies se concentrer dans Charlevoix et au Saguenay (C. Laberge, 1969; G. Bouchard, C. Laberge, C.R. Scriver, 1985, 1988; G. Bouchard, 1988; G. Bouchard *et alii*, 1988, 1989; M. De Braekeleer, 1988). Au Bas-Saint-Laurent et à l'ensemble de la rive-sud du fleuve en aval de Québec sont associées une forme d'hypercholestérolémie familiale, la maladie de Tay-Sachs, la dystrophie oculo-pharyngée (A. Barbeau, 1966; R. Myerowitz, N.D. Hogikian, 1986; H. Hobbs *et alii*, 1987; M. Jomphe *et alii*, 1988, S. Moorjani *et alii*, 1989; M. De Braekeleer, 1988). On sait aussi que le gène de la bêta-thalassémie est répandu dans le comté de Portneuf (F. Kaplan *et alii*, 1988; C. Prévost *et alii*, 1988), que certaines mutations (encore peu étudiées) prédomineraient aux Îles-de-la-Madeleine (M. Gradie *et alii*, 1989), et ainsi de suite. Tous ces traits génétiques reflètent des mouvements migratoires qui sont de mieux en mieux connus (par exemple : G. Bouchard *et alii*, 1988) et qui sont assimilables à autant d'effets fondateurs<sup>5</sup> très semblables à ceux qui ont été observés dans la population blanche d'Afrique du Sud<sup>6</sup>.

---

3. Ce sont là des maladies aux symptômes très variés qui se manifestent soit chez l'enfant, soit chez l'adulte et qui affectent d'une façon ou d'une autre le métabolisme (système nerveux, système musculaire, foie, etc.). Chacune fait l'objet d'une brève description dans le répertoire de V.A. McKusick (1983) et il n'a pas paru indispensable de les décrire ici, tout comme celles qui seront évoquées plus loin. Par contre, les lecteurs(trices) trouveront à la fin de ce texte un glossaire présentant quelques concepts de base de la génétique humaine.

4. En réalité, il faudrait dire plus précisément : à l'échelle micro-régionale, régionale ou macro-régionale. Les aléas des mouvements migratoires ont souvent brouillé les découpages régionaux.

5. En génétique, on appelle effet fondateur la formation d'une population dans un nouveau territoire à partir d'un nombre restreint d'immigrants primitifs (ou « fondateurs ») qui auront ainsi l'occasion de diffuser leurs gènes en de nombreuses copies parmi leurs descendants, et ce, sur plusieurs générations (E. Mayr, 1963). Pour cette raison, l'effet fondateur entraîne souvent une homogénéisation génétique, consécutive à un phénomène de dérive.

6. Pour deux maladies génétiques qui y sont très répandues (la chorée de Huntington et la dysplasie ostéodentale), on a pu montrer que tous les porteurs actuels (30 000 dans le cas de la chorée de Huntington) étaient descendants d'une pincée d'immigrants établis au milieu du 17<sup>e</sup> siècle (J.M. Diamond, J.I. Rotter, 1987).

De toutes ces études, on a pu retenir que le Québec francophone était caractérisé par une incidence élevée de certaines génopathies, inconnues ou peu connues ailleurs, et que l'homogénéité biologique en était la cause principale.

Mises à part les études de gènes délétères à l'origine de maladies graves, les analyses de génétique de population ont elles aussi contribué — d'une manière très indirecte et certainement involontaire — à accréditer le modèle de l'homogénéité génétique. Rappelons que ces analyses, au lieu de s'intéresser à un gène mutant en particulier, prennent pour objet l'ensemble du bassin génétique d'une population (ou d'une sous-population) dont elles essaient d'inférer l'origine, les structures, la composition et l'évolution. Elles s'attachent en particulier aux phénomènes de flux génique qui découlent des migrations et des alliances conjugales, à la consanguinité, à la parenté et aux effets fondateurs. Or, il se trouve que très logiquement, encore une fois, les premières recherches effectuées dans cette direction au Québec ont épousé les orientations et priorités de la génétique médicale. Elles se sont donc naturellement concentrées sur quelques isolats ou quasi-isolats comme l'Île-aux-Coudres (P. Philippe, J. Gomila, 1971) et Sainte-Rose-du-Nord (J. Gomila, L. Guyon, 1969) et sur des régions comme Charlevoix et le Saguenay (C. Laberge, 1967; G. Bouchard *et alii*, 1987). Autrement dit, les populations vraisemblablement les plus homogènes du Québec étaient ainsi projetées à l'avant-scène et plusieurs n'ont pas manqué ensuite de les prendre imprudemment à témoin de l'ensemble du Québec francophone. La plupart des médias, en particulier, se sont complu dans cette généralisation, contribuant ainsi à durcir un vieux cliché<sup>7</sup>.

Parallèlement, dans l'opinion publique, les maladies héréditaires continuaient à être imputées aux mariages consanguins, ces derniers devenant en quelque sorte l'apanage des familles canadiennes-françaises.

## II — L'autre versant de l'ADN

Encore une fois, notre propos n'est pas de contester la valeur des travaux qui viennent d'être évoqués (l'un des co-auteurs de cet article y a du reste contribué...), mais de les mettre en perspective en rappelant que les aperçus qui en découlent sont partiels, étant restreints à quelques sous-populations et à quelques segments ou « régions » du génome québécois — celles précisément qui, selon toutes probabilités, se sont le plus homogénéisées depuis le 17<sup>e</sup> siècle. Or, des recherches récentes en génétique moléculaire (dont plusieurs sont conduites au sein de notre centre interuniversitaire) ont rendu disponibles de nouvelles données se rapportant cette fois à un éventail plus diversifié de régions du Québec francophone et à des segments de l'ADN qui n'avaient pas

---

7. Dont les racines sont nombreuses, notamment dans notre historiographie. Une partie de l'œuvre du chanoine Groulx pourrait ici servir de témoin.

été étudiés jusqu'ici — en particulier, certains gènes ou haplotypes « normaux »<sup>8</sup>.

Il s'agit d'abord d'une enquête (appelée « Provinces françaises ») mise en marche au début des années 1980 par des chercheurs français et québécois (E. Ohayon, A. Cambon-Thompsen, 1986). Cette recherche avait pour but d'étudier les caractéristiques du système sanguin HLA dans plusieurs régions de la France et dans une région du Québec, en l'occurrence la Montérégie (plus précisément, les villes de Granby et Saint-Hyacinthe)<sup>9</sup>. Ce type de recherche est particulièrement éclairant parce qu'il permet de valider une représentation courante voulant que le bassin génétique des Canadiens français ait été l'objet d'un « appauvrissement » consécutif au transfert migratoire et au mode de développement démographique qui a suivi — on explique, du reste ainsi, traditionnellement la forte prévalence de certaines maladies héréditaires dans cette population. Quant à la comparaison entre la France et le Québec, sa pertinence tient au fait que si la thèse de l'homogénéisation (ou de l'appauvrissement) est fondée, plusieurs haplotypes présents dans la population française devraient être absents au Québec<sup>10</sup>. La partie de l'enquête qui nous intéresse ici a consisté à calculer et à comparer les fréquences des allèles qui composent le système HLA dans les régions observées. Des données semblables sont aussi disponibles pour les régions de l'est du Québec et pour le Saguenay, d'où la possibilité d'une comparaison interrégionale assez poussée. Les résultats peuvent être résumés comme suit<sup>11</sup> :

- 1) L'analyse des échantillons de sang en provenance de la Montérégie établit que cette population est génétiquement semblable à celle de la France — ce qui confirme la thèse des origines — et qu'elle est aussi hétérogène que les populations régionales françaises.

---

8. Rappelons que l'ADN, ou acide désoxyribonucléique, constitue l'ensemble des gènes portés par un individu, soit environ une centaine de milliers. Les gènes mutants ou « anormaux » s'y répartissent au hasard, comme les autres. On appelle haplotypes des groupes ou segments de gènes qui sont situés tellement près les uns des autres qu'ils sont très rarement séparés au moment de la méiose.

9. Le système HLA (de « human leukocyte antigens ») joue un rôle très important dans les fonctions immunitaires de l'organisme. Il occupe quatre loci et peut se présenter sous des formes extrêmement variées, ce qui en fait un bon indicateur de la diversité ou de l'homogénéité d'une population.

10. Rappelons que la population canadienne-française se prête bien à ce genre d'étude précisément à cause de son mode de formation et de reproduction : nombre relativement restreint de fondateurs provenant en très grande majorité de France, fort accroissement naturel, apport génique (externe) plutôt faible entre 1760 et 1950. Lorsque deux allèles identiques sont présents au Québec et en France, la probabilité est par conséquent très élevée qu'ils aient une origine commune. Ces conditions ouvrent des perspectives comparatives très riches entre ces deux populations.

11. Ils sont présentés sous une forme plus détaillée dans M. De Braekeleer (1990).

- 2) Ce dernier résultat, quelque peu surprenant, ne paraît pas accidentel<sup>12</sup>, puisqu'il est confirmé par les données de l'est du Québec et par celles du Saguenay.
- 3) Cette conclusion a d'autant plus de poids que cette fois, les régions impliquées comptent parmi les plus homogènes du Québec, vraisemblablement. En ce qui a trait particulièrement au Saguenay, sur un nombre maximum de 36 haplotypes différents possibles, 28 (78 p. 100) ont pu être identifiés dans un petit échantillon de 96 personnes réparties entre 17 familles très consanguines.

Ces résultats inattendus ne sont pas tout à fait sans tache. Il s'agit seulement de recherches préliminaires; on souhaiterait des analyses plus étendues géographiquement, portant sur de plus gros échantillons et prenant pour cibles un très grand nombre de loci. De telles études viendront sans aucun doute.

Pour l'instant, toutefois, on dispose d'ores et déjà de quelques éléments de validation. Ce sont des recherches de génétique moléculaire portant sur quelques autres gènes ou loci, parmi lesquels certains gènes « normaux ». Ces recherches concernent le gène du Tay-Sachs, du LDL récepteur (ou hypercholestérolémie familiale), de la fibrose kystique, de la phénylcétonurie, de la bêta-globine (ou bêta-thalassémie), du syndrome de Lesch-Nyhan et de la dystrophie myotonique<sup>13</sup>. Dans chaque cas, les conclusions vont dans le sens de l'hétérogénéité du pool génique canadien-français. On y trouve, en effet, plusieurs mutations dans le gène du Tay-Sachs alors que cette maladie était tenue pour exclusive aux Juifs ashkénazes. Pour ce qui est du locus du récepteur LDL, au moins cinq mutations différentes y ont été identifiées jusqu'ici<sup>14</sup>. Par ailleurs, l'enquête sur la fibrose kystique porte à la fois sur les gènes mutants (délétères) et sur les gènes normaux. Sur les uns, 9 haplotypes différents ont été inventoriés, sur un total possible de 30; sur les autres, 13 haplotypes ont été identifiés sur un maximum possible de 30 également. Des résultats analogues ont été trouvés jusqu'ici en rapport avec le locus de la phénylalanine hydroxylase et de la bêta-thalassémie dans le comté de

---

12. On sait qu'à certains égards, les habitants de Saint-Hyacinthe et de Granby font un peu exception parmi les populations francophones du Québec; étant situés à proximité de l'aire d'immigration des colons américains (loyalistes et autres), ils ont peut-être entretenu des échanges avec eux, ce qui aurait pu expliquer la diversité observée.

13. Outre les auteurs déjà cités plus haut, voir R. Rozen, K. Morgan (1987), Simon Jöhn *et alii* (1988), D. Sinnett *et alii* (1988), F. Kaplan *et alii* (1989), M.-C. Thibault *et alii* (1989).

14. Même si cette recherche, menée conjointement par le centre SOREP, l'Institut de recherches cliniques de Montréal et une équipe de l'Université du Texas à Dallas, n'a débuté que depuis un an.



Portneuf<sup>15</sup>. Ces enquêtes ont ainsi mis au jour le remarquable polymorphisme des gènes étudiés, conclusion qui contraste avec le modèle de l'homogénéité et qui semble le contredire<sup>16</sup>.

La plupart des recherches qui viennent d'être évoquées sont très récentes et se poursuivent actuellement. Sans préjuger des résultats à venir, on doit considérer que les données disponibles sont suffisamment convaincantes : le degré relativement élevé d'hétérogénéité génétique des Québécois francophones représente plus qu'une hypothèse, c'est un fait qu'il faut désormais intégrer aux autres faits déjà scientifiquement établis, notamment ceux qui ont été rapportés dans la première partie de cet article. Pour l'historien et le démographe-historien, entre autres, c'est une tâche qui invite à un retour sur certaines interprétations en vigueur.

### III — Nouvelles questions, nouvelles réponses

Comme il a été dit plus haut, il s'agit de mettre en cause non pas les schémas proposés, mais certains corollaires qu'on a pu hâtivement en tirer, de manière à les rendre compatibles avec les enseignements de l'ADN. Ceci nous conduit à interroger sous un éclairage différent des faits bien établis de notre historiographie afin d'en tirer des interprétations à la fois plus riches et plus nuancées. Plus particulièrement, le présent exercice de révision porte sur cinq points : les caractéristiques de la population française à l'époque de la fondation de la Nouvelle-France, le recrutement des émigrants français aux 17<sup>e</sup> et 18<sup>e</sup> siècles, le profil de la population fondatrice de la Nouvelle-France, les processus d'homogénéisation dans la population québécoise, l'apport de gènes issus de populations non francophones<sup>17</sup>.

La thèse que nous soumettons est la suivante. Après trois siècles d'une évolution qui a fait une large place aux processus d'homogénéisation, il subsiste néanmoins beaucoup d'hétérogénéité génétique dans la population francophone du Québec. Cet énoncé entraîne trois corollaires : la population fondatrice de la Nouvelle-France était beaucoup plus hétérogène qu'on le croit; l'homogénéisation subséquente a été partielle et sélective; il semble que les gènes introduits par les non-francophones ont trouvé des conditions favorables à leur reproduction et à leur diffusion dans la population.

---

15. Cette maladie est en général caractéristique des populations du bassin méditerranéen. C'est pourquoi, jusqu'ici, les Québécois ayant été identifiés comme porteurs de l'une ou l'autre des mutations responsables provenaient presque tous de la région montréalaise, laquelle a reçu environ 90 p. 100 des immigrants entrés dans cette province depuis 1981. Rappelons, par ailleurs, qu'au locus de la phénylalanine hydroxylase est associée une maladie récessive relativement fréquente, la phénylcétonurie.

16. On trouvera également dans M. De Braekeleer (1990) un compte rendu plus détaillé et plus technique de tous ces travaux.

17. On entend ici par « non francophones » les Amérindiens, les anglophones et les autres immigrants européens originaires d'un autre pays que la France.

A) *Structure de la population française à l'époque moderne (16<sup>e</sup>-18<sup>e</sup> siècles)*

On peut se représenter la France ancienne — celle qui va, disons, de François 1<sup>er</sup> à Louis XV — comme une mosaïque humaine dont les entités sont assez nettement découpées du point de vue social, culturel, géographique, souvent, et aussi génétique. La carte des provinces et régions fournit une première représentation de ces divisions auxquelles l'école française de géographie humaine s'est tant intéressée depuis la fin du 19<sup>e</sup> siècle (Carte 1). Des auteurs comme Vidal De La Blache (1941, 3<sup>e</sup> éd.), M. Brette (1907), L. Gallois (1908), E. De Martonne (1921) et A. Demandeon (1946) ont largement contribué à mettre en relief la très grande diversité de ce qu'ils appelaient les paysages français<sup>18</sup>. Au-delà des découpages administratifs et politiques issus des féodalités médiévales, ils s'efforçaient de retrouver le quadrillage humain dans ses expressions seigneuriales, coutumières, linguistiques, agraires, etc. La bigarrure des systèmes juridiques, en particulier, est bien connue. Les 360 « coutumes » recensées en France faisaient dire à Diderot : « Qu'est-ce qu'une loi dont la justice locale et l'autorité... s'évanouissent pour quiconque passe le ruisseau et la montagne ? » (cité par J. Goy, 1988). On sait, par ailleurs, que même à l'époque de la Révolution, sur une population de 25 millions d'habitants, pas plus de 3 millions maîtrisaient vraiment la langue française (chiffre maintenant révisé à la hausse, il est vrai). On dénombrait alors 30 patois encore bien vivants<sup>19</sup>.

Sur le plan strictement physique, ces découpages humains, ou ces « paysages », sont si complexes qu'ils deviennent difficiles à appréhender. Tous les géographes mentionnés plus haut ont d'ailleurs longuement disserté sur ce problème. D'un côté, en effet, on relève l'existence de grands bassins démographiques presque étanches (J.-P. Poussou, 1988), qui coïncident du reste aujourd'hui avec les principales agglomérations urbaines de la France; à l'autre extrémité, c'est environ 300 « pays » relativement cloisonnés<sup>20</sup>, cimentés par de vieilles pratiques endogames<sup>21</sup>.

---

18. Plus près de nous, l'ouvrage de G. Chabot (1966) s'inscrit encore dans cette tradition scientifique.

19. « ... qui font trente peuples au lieu d'un », écrivait le célèbre abbé Grégoire (H. Walter, 1989).

20. Comme ceux qu'a étudiés L. Gallois (1908) dans la région parisienne.

21. C'est à ce genre de microcosmes que se référait Voltaire lorsqu'il évoquait « ... entre les Alpes et les Pyrénées, plus de 140 petits peuples qui s'appellent compatriotes et qui sont réellement étrangers les uns pour les autres, comme le Tunquin l'est pour la Cochinchine » (cité par J. Goy, 1988).

Carte 1

Provinces et régions de France au 17<sup>e</sup> siècle



Source : *Historical Atlas of Canada from the Beginning to 1800.*  
 Toronto, R. Cole Harris, éd., 1987, planche 45.

(SOREP)

En fait, si les entreprises de centralisation ont commencé avec François 1<sup>er</sup>, c'est surtout avec la fin du 18<sup>e</sup> siècle, avec Robespierre et Napoléon, qu'elles ont produit leurs effets les plus spectaculaires, par le biais d'importantes réformes qui visaient à uniformiser le droit, la langue, les pratiques commerciales, etc. Mais bien au-delà de la trame sociale et culturelle, la France moderne contenait vraisemblablement une population biologiquement très hétérogène. D'abord, à cause de l'immigration internationale qui a toujours touché ce territoire depuis le début du Moyen Âge. J.-N. Biraben (1986) en a proposé récemment un bref survol pour la période qui nous occupe ici<sup>22</sup> : recrutement de colons hors frontières pour repeupler des régions dévastées (la Lorraine dépeuplée par la guerre de Trente Ans, l'Aquitaine dûment touchée par la peste de 1532, etc.), occupations militaires (les Arabes jusqu'à Poitiers, les Lombards et Florentins du 12<sup>e</sup> au 14<sup>e</sup> siècle, les Anglais en Normandie et au-delà du 14<sup>e</sup> au 15<sup>e</sup> siècle), migrations de travail (des Florentins à Lyon, puis des Hollandais, des Allemands, des Écossais, des Espagnols, etc.)<sup>23</sup>. Sans doute faut-il se garder de surestimer le volume de cette immigration; mais son caractère persistant oblige à en tenir compte. Par ailleurs, comme il a été indiqué, la population était inégalement distribuée sur le territoire français. En particulier, celui-ci était dominé par Paris et sa région, de loin l'aire la plus urbanisée dans le royaume. Au cours des 12<sup>e</sup> et 13<sup>e</sup> siècles, l'immigration y fut très intense. On relève aussi, durant les deux siècles qui suivirent, un fort exode rural en sa faveur. Dès cette époque, Paris était devenue une des principales villes d'Europe. Au milieu du 17<sup>e</sup> siècle, elle comptait près d'un demi-million d'habitants alors que derrière elle, les cinq plus grosses villes de France en comptaient 60 000 en moyenne. Selon le mot de Montesquieu, Paris « dévorait les provinces »<sup>24</sup>. De tout ceci, on peut inférer avec une certitude raisonnable que la population de la France moderne était découpée en très nombreuses entités de dimensions variables, que de l'une à l'autre, les traits socio-culturels et biologiques étaient différenciés et, enfin, que les entités les plus grosses — Paris, les principales agglomérations urbaines — étaient celles où l'hétérogénéité génétique atteignait son maximum, précisément parce qu'elles recrutaient dans de larges portions de la « mosaïque » et au-delà.

Trois siècles plus tard, une bonne partie de ces caractéristiques ont survécu, comme le confirment les analyses biochimiques effectuées par A. Cambon-Thomsen *et alii* (1986). Celles-ci font clairement ressortir les disparités spatiales de même que la superposition entre les traits culturels ou linguistiques et les traits génétiques dans plusieurs grandes régions (*voir*, en particulier, le cas de la Bretagne, du Béarn, du Limousin, de la Savoie, de la Flandre, des Cévennes).

22. Sur le même sujet, *voir aussi* A. Higoumet-Nadal (1988).

23. Pour une période plus ancienne, l'hypothèse d'une grande hétérogénéité biologique est également fondée si l'on en juge par l'ampleur et la diversité des mouvements migratoires. *Voir*, par exemple, R.R. Sokal (1990), qui en a reconstitué le calendrier d'une manière très détaillée, à partir de l'an 2000 avant J.-C.

24. *Cf.* B. Lepetit (1988).

B) *Le prélèvement migratoire aux 17<sup>e</sup> et 18<sup>e</sup> siècles*

Les travaux du Programme de recherche en démographie historique (Université de Montréal) ont contribué à une meilleure connaissance des provinces et régions d'origine des immigrants français aux 17<sup>e</sup> et 18<sup>e</sup> siècles (en particulier : H. Charbonneau *et alii*, 1987, cartes annexées; R. Jetté, 1983). Il est désormais solidement établi que certaines régions ont contribué nettement plus que d'autres à la mise en place des quelque 8 500 immigrants-fondateurs de la Nouvelle-France. Ce sont, dans l'ordre, la Normandie (1111), la région parisienne (1094), le Poitou (759), l'Aunis (679), la Bretagne (461), la Saintonge (406), l'Auvergne-Guyenne (338), l'Anjou (222), le Languedoc-Cévennes (221) et le Perche (217). Par ailleurs, entre 1700 et 1765, certaines régions de l'est et du sud de la France ont aussi fourni un nombre non négligeable de fondateurs, notamment la Champagne (194), la Lorraine (138), la Bourgogne (133), la Provence (98) et l'Alsace (91). Sur le plan culturel, il a été montré que cette sous-population d'immigrants présentait un degré relativement élevé d'homogénéité. Ainsi, la plupart se déclaraient catholiques et les deux tiers environ étaient francisants (H. Charbonneau, 1989; P. Barbaud, 1984). Néanmoins, on tient déjà un certain nombre de clés pouvant rendre compte de l'hétérogénéité génétique mise au jour par les enquêtes de biologie moléculaire évoquées plus haut à propos du Québec :

- La région parisienne, l'un des deux bassins de provenance les plus importants avec la Normandie, était précisément et sans aucun doute la plus diversifiée génétiquement parmi toutes les régions de France. C'est là une inférence qui paraît difficile à contester étant donné ce que l'on sait du mode de formation de cette population. Par ailleurs, la majorité des immigrants étaient francisants; ceci atteste également le poids des villes où ces derniers étaient concentrés. Enfin, on sait que parmi la population immigrante, les femmes étaient moins nombreuses que les hommes et elles ont donc davantage contribué au nouveau pool génique. Or, la proportion des immigrantes provenant de la région parisienne était particulièrement élevée.
- Parmi les 8 500 immigrants-fondateurs, 350 n'étaient pas français, provenant de pays comme la Suisse, l'Allemagne ou la Belgique.
- Pour la plus grande part, l'immigration en Nouvelle-France était de type individuel (jeunes célibataires voyageant seuls) (H. Charbonneau *et alii*, 1987, chap. III), ce qui accroît la probabilité d'un apport génétique diversifié, par contraste avec une immigration à caractère familial.

La trame génétique, encore une fois, devrait dans un avenir rapproché jeter un éclairage décisif sur ces questions. Nous nous bornerons ici à deux exemples de validation. Pour le sud de la France, au locus de la phénylalanine hydroxylase (PAH), on a trouvé une grande diversité moléculaire qui n'a pu être expliquée que par l'invasion sarrasine du 8<sup>e</sup> siècle (dont on se rappellera qu'elle fut arrêtée à Poitiers par Charles Martel ...) (S. Lyonnet *et alii*, 1988).

D'autre part, l'enquête « Provinces françaises » sur les HLA, déjà évoquée, confirme que des régions de France considérées comme ayant fourni très peu d'immigrants à la Nouvelle-France semblent avoir fourni une contribution importante au pool génique québécois.

En somme, et moyennant une simplification inévitable étant donné l'état embryonnaire de la recherche, nous soumettons à titre d'hypothèse que le pool génique canadien-français a été constitué à même des apports génétiques très divers, du fait que l'immigration fondatrice a puisé dans un éventail assez large de régions de France. En d'autres mots, elle a prélevé dans plusieurs morceaux de la mosaïque française, ce qui explique les forts éléments de diversité observés aujourd'hui. La Figure 1 présente un essai de schématisation de ce modèle de transfert génique.

C) *Le paradoxe de l'homogénéisation de la population canadienne-française*

En fait, et sans exagérer, il faut même aller jusqu'à se demander si en faisant exception de quelques régions (comme Charlevoix) et de quelques loci (ceux qui correspondent aux génopathies « typiques » du Québec francophone), le pool génique canadien-français n'est pas plus hétérogène que celui qui lui a donné naissance. Par hétérogénéité, on entend ici la diversité allélique moyenne dont les individus sont effectivement porteurs et non pas celle qu'on peut observer dans l'ensemble d'un territoire. Dans ce dernier sens, il est certain que l'espace français des 17<sup>e</sup> et 18<sup>e</sup> siècles était très hétérogène, mais cette diversité génétique était cloisonnée et donc très inégalement distribuée parmi les Français. Il en allait tout autrement au Québec. D'une part, à cause du mode de prélèvement migratoire, le pool génique initial a été nourri d'apports divers. D'autre part, dès la deuxième moitié du 17<sup>e</sup> siècle, des processus très énergiques d'homogénéisation sociale et culturelle se sont mis en marche et, assez paradoxalement, c'est précisément l'action de ces processus qui a contribué à diversifier les génomes individuels<sup>25</sup>. En somme, des éléments génétiques qui n'étaient que juxtaposés en France se seraient trouvés combinés au Québec.

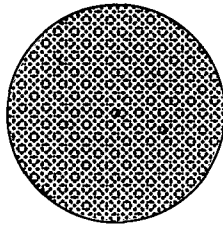
---

25. Un phénomène analogue se serait produit au Japon dans des villes comme Hiroshima et Nagasaki (J.S. Jones, 1989). Leur diversité génétique actuelle serait due à un grand éventail d'apports migratoires anciens, doublé d'une dynamique démographique et sociale qui les a ensuite fondus.

Figure 1

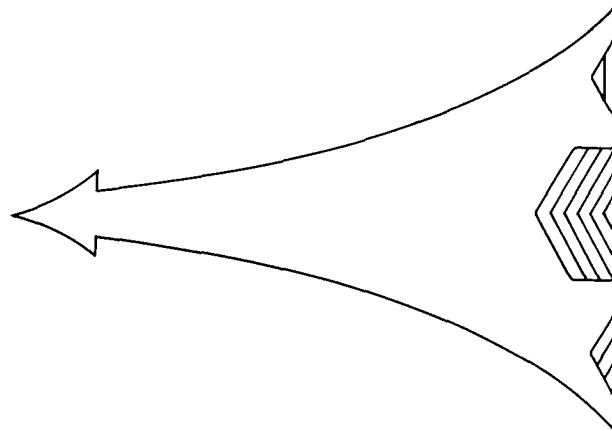
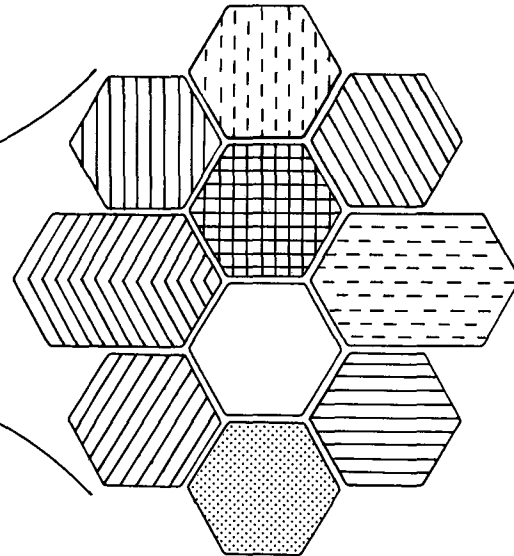
Hypothèse de schématisation du transfert génique entre la France et la Nouvelle-France  
aux 17<sup>e</sup> et 18<sup>e</sup> siècles

Génome de la population  
canadienne-française



(SOREP)

La « mosaïque » française



S'agissant d'abord de la diversité initiale de la population de la Nouvelle-France, il n'est pas inutile d'inverser une proportion rapportée plus haut et de souligner que le tiers des immigrants étaient des non-francisants. Selon P. Barbaud (1984), lui-même, la Nouvelle-France reproduisait la « mosaïque dialectale » de la mère-patrie. Par ailleurs, l'étude des fréquences patronymiques projette l'image de la diversité bien davantage que de son contraire. Le Tableau 1 montre, en effet, que sous le rapport de la diversité des noms de famille, la population de la Nouvelle-France se rapprochait de la population du Québec d'aujourd'hui<sup>26</sup>. Même l'écart par rapport à une population aussi diversifiée que celle de Montréal en 1983 paraît relativement mince. Par contre, les écarts sont considérables lorsqu'on compare la Nouvelle-France à des populations dont le bassin patronymique est généralement considéré comme très homogène (Charlevoix, Saguenay, villages pyrénéens, communautés Amish).

Par ailleurs, on sait que d'importants processus d'homogénéisation sociale et culturelle ont accompagné l'évolution de la population canadienne-française. L'uniformisation rapide des parlers régionaux en faveur du français en porte témoignage ainsi que de nombreux exemples d'acculturation, linguistique principalement, mais aussi religieuse, coutumière, etc. Dans la même veine, il faut faire état de quelques effets fondateurs régionaux, surtout dans les régions de Côte-de-Beaupré/Charlevoix et du Saguenay<sup>27</sup>. Là, un très fort accroissement naturel, conjugué soit à l'isolement, soit à des mouvements migratoires très sélectifs, a favorisé un apparemment élevé et la reproduction rapide de certains gènes. Dans Charlevoix, par exemple, une bonne partie des 599 fondateurs identifiés avant 1850 étaient apparentés soit par le sang, soit par alliance. D'une manière un peu analogue, le cas de la ville de Québec (où l'on trouve encore aujourd'hui plus de 95 p. 100 de francophones) peut être cité en exemple d'une population urbaine qui s'est homogénéisée culturellement par le biais de l'accroissement naturel et d'un recrutement migratoire relativement sélectif lui aussi, principalement centré sur l'est du Québec (M. Vallières, F. Drouin, 1989; G. Bouchard *et alii*, 1985). Enfin, pratiquement dans l'ensemble du Québec<sup>28</sup>, les mouvements migratoires suscités depuis le 17<sup>e</sup> siècle par la marche du peuplement, puis par l'urbanisation ont

---

26. Deux remarques de méthode s'imposent à propos des populations comparées dans le Tableau 1. D'abord, ces compilations n'ont pas toutes été effectuées à partir de sources tout à fait uniformes; mais nous avons pu vérifier, à partir de tests effectués sur le Saguenay, que les écarts introduits dans la valeur de l'indice étaient mineurs. D'autre part, comme nous l'avons souligné ailleurs (G. Bouchard *et alii*, 1987), si les indices patronymiques reflètent mal la diffusion d'un gène en particulier, ils demeurent des indicateurs fiables de la dynamique d'une population et de sa structure génétique considérée globalement.

27. Voir à ce sujet, R. Jetté, D. Gauvreau, M. Guérin (1990); G. Bouchard *et alii* (1988).

28. Les Îles-de-la-Madeleine font évidemment exception de même que Charlevoix et le Saguenay, mais en partie seulement (*cf. infra*).



entraîné un marché matrimonial relativement ouvert<sup>29</sup>. Même à l'échelle des paroisses les plus endogames, on observe une phase d'ouverture qui correspond à la période pionnière de mise en place du peuplement<sup>30</sup>. Tout cela a incontestablement favorisé la diffusion de modèles culturels de moins en moins contrastés.

**Tableau 1** Fréquences relatives des 15 patronymes les plus fréquents dans la population de la Nouvelle-France et dans quelques populations de comparaison

Population	Année (ou période)		Indice d'homogénéité (%) (a)
	Nlle-France	1666	(b)
Nlle-France	1681	(b)	4,8
Nlle-France	1640-1729	(c)	6,7
Charlevoix	1842-1851	(d)	47,0
Saguenay	1842-1851	(e)	39,2
Charlevoix	1983	(f)	36,7
Saguenay	1983	(f)	27,2
Ville de Montréal	1983	(f)	2,2
Ville de Québec	1983	(f)	10,2
Province de Québec	1983	(f)	5,6
Village des Pyrénées	1840-1864	(g)	70,2 et plus
Colonies Amish	1951-1960	(h)	71,8 et plus

- (a) L'indice désigne la part de la population totale recouverte par les 15 noms de famille les plus fréquents. Plus un bassin patronymique est homogène, plus la valeur de l'indice est élevée.
- (b) H. Charbonneau, J. Légaré (1980). Pour éviter de sous-évaluer l'homogénéité, nous avons fondu les patronymes très semblables. Base de la compilation : personnes énumérées dans le recensement.
- (c) H. Charbonneau *et alii* (1987). Base de la compilation : conjoints et conjointes apparaissant à la tête des fiches de famille (Appendice 2).
- (d) G. Bouchard *et alii* (1987). Base de la compilation : conjoints et conjointes mentionnées dans les contrats de mariage.
- (e) G. Bouchard *et alii* (1987). Base de la compilation : conjoints et conjointes mentionnées dans les actes de mariage.
- (f) G. Bouchard *et alii* (1985). Base de la compilation : bottins téléphoniques.
- (g) Vu Tien Khang, A. Sevin (1977).
- (h) V.A. McKusick *et alii* (1978), pp. 10 et 80. Dans ces cas, l'indice est basé sur 10 patronymes et moins.

29. L'homogénéisation de la population de la Nouvelle-France par le biais des alliances matrimoniales fait présentement l'objet de recherches au sein du Programme de recherche en démographie historique (Charbonneau-Légaré). Pour les 19<sup>e</sup> et 20<sup>e</sup> siècles, notre énoncé s'appuie sur des connaissances indirectes ou générales; les démonstrations empiriques et monographiques restent à faire.

30. À ce propos, voir, par exemple, J. Mathieu *et alii* (1981), M.I. Gradie *et alii* (1988), G. Bouchard, J. Larouche (1988), G. Bouchard (1990a).

L'élément paradoxal naît du fait que tous ces processus d'homogénéisation sociale et culturelle n'ont sans doute pas altéré la diversité allélique; dans certains cas, même, ils ont pu contribuer à l'accroître. D'abord, en ce qui concerne l'acculturation, si elle efface les traces linguistiques, religieuses et même patronymiques, elle ne supprime évidemment pas les apports géniques introduits dans la population par le biais de l'immigration. En deuxième lieu, en vertu des importantes migrations internes et des échanges matrimoniaux, ces apports géniques ont bénéficié de conditions propices à leur dispersion dans la population — même en tenant compte de la « perte » génique découlant d'une fécondité ou d'une reproduction différentielle. À cet effet, on peut dire que la diversification génique découlait directement de l'homogénéisation socio-culturelle, puisque l'intégration de non-francophones par le biais du mariage stimulait le flux génique. En outre, s'agissant des deux régions à effet fondateur, il convient de signaler deux facteurs qui ont tempéré (à des degrés inégaux) l'homogénéisation biologique. C'est, dans le cas du Saguenay, une mutation radicale dans les bassins de provenance des immigrants à partir de la fin du 19<sup>e</sup> siècle; de plus en plus, en effet, ceux-ci se recrutèrent dans les villes et dans les régions de l'ouest de la province alors que jusque-là, ils provenaient en très grande majorité de Charlevoix (D. Gauvreau, M. Bourque, 1988; G. Bouchard, J. Larouche, 1988). Quant à Charlevoix, il n'est pas inutile de rappeler que : a) les fondateurs identifiés avant 1750 provenaient ou étaient issus d'ancêtres provenant des mêmes régions que ceux de l'ensemble de la Nouvelle-France; et b) parmi les 599 fondateurs de Charlevoix avant 1850, on compte 52 non-francophones au total, dont 50 ont épousé sur place des francophones; on retrouve ici le facteur « disséminateur » évoqué plus haut. De plus, à partir de 1725, les lieux de provenance des fondateurs commencent à se diversifier, l'immigration à caractère familial s'atténue et l'intégration (par mariage) des nouveaux venus au noyau primitif se fait moins prononcée (R. Jetté, D. Gauvreau, M. Guérin, 1990).

#### D) *Sur la consanguinité*

Enfin, toute cette démonstration semble contredire ce que l'on sait sur la consanguinité traditionnellement très élevée parmi les francophones québécois. C'est là un autre dossier qu'il serait sans doute utile de revoir de près. Rappelons, en premier lieu, qu'il a été établi déjà que dans une population réputée consanguine comme celle du Saguenay, la proportion de mariages consanguins semble avoir toujours été moins élevée que dans l'ensemble du Québec; ce facteur n'est donc sûrement pas à l'origine des incidences élevées de certaines maladies récessives dans cette région (G. Bouchard, C. Laberge, C.R. Scriver *et alii*, 1984; G. Bouchard *et alii*, 1988; M. De Braekeleer, 1988). Par ailleurs, un corpus de données comparatives à l'échelle internationale (R.R. Lebel, 1983) permet d'établir que les valeurs québécoises sont semblables ou même inférieures à celles de plusieurs régions ou pays européens, aux mêmes années. Ceci inclut des pays (ou plusieurs grandes régions comprises dans des pays) comme la Belgique, la Tchécoslovaquie, la France,

la Hongrie, l'Italie, la Norvège et la Suisse. Enfin, les données compilées par N. Freire-Maia (1968) montrent que le coefficient de consanguinité « F » dans le Québec francophone était plus bas qu'en Amérique latine et plus élevé qu'au Canada anglais et aux États-Unis. Il importe cependant de souligner que ces résultats ne sont fondés que sur l'année 1959.

Il importe aussi de distinguer entre la consanguinité proche (présence d'un ancêtre commun aux deux conjoints, à cinq ou six générations de profondeur) et la consanguinité éloignée. La première seulement est un important facteur d'homogénéisation, comme il a été démontré notamment par A. Jacquard (1974, chap. V)<sup>31</sup>. Or, si la consanguinité éloignée est généralement très élevée au Québec, il n'en va pas de même avec la consanguinité proche. En effet, dans toutes les données produites jusqu'ici — hormis quelques petites populations isolées —, les mariages entre proches parents (oncle-nièce/tante-neveu, cousins germains) étaient très peu fréquents, l'interdit religieux, populaire et familial jouant ici fortement (*voir*, en particulier, J. Morissette, 1990; C. Laberge, 1967; G. Bouvhard, 1990a; M. De Braekeleer *et alii*, 1990).

Ces propos ne veulent pas nier l'effet homogénéisateur de la consanguinité sur le génome québécois. Ils visent plutôt à le relativiser et à le nuancer en montrant que sur trois siècles, il n'a visiblement pas suffi à altérer de manière sensible la diversité génétique initiale. En résumé, une forte consanguinité éloignée a causé la fréquence élevée de certaines génopathies, mais la consanguinité proche fut en général trop faible pour homogénéiser l'ensemble du pool génique.

#### E) *Apports géniques non francophones*

L'apport potentiel de gènes non francophones, avant comme après la Conquête de 1765, constitue un autre élément qui a pu soit diversifier le génome québécois, soit tempérer l'effet des facteurs d'homogénéisation. On pense en premier lieu à la présence amérindienne, dès les débuts du peuplement blanc. Les spécialistes sont presque tous d'accord sur un point essentiel : les communautés amérindienne et francophone ont vécu à distance l'une de l'autre, nourrisant peu de relations directes, sauf par le fait des coureurs de bois et des missionnaires qui fréquentaient les établissements indigènes<sup>32</sup>. Il y a eu

31. L'effet d'homogénéisation devient en effet négligeable à partir des unions entre petits-cousins. Jacquard montre que dans une population où on se marierait toujours entre frère et sœur (parenté du 1<sup>er</sup> degré), le pool génique s'homogénéiserait de 50 p. 100 après quatre générations. Le pourcentage tombe à 28 si tous les mariages impliquent des doubles cousins et à 15 dans l'hypothèse des cousins (2<sup>e</sup> degré). À partir du 3<sup>e</sup> degré, il n'y a plus d'homogénéisation.

32. *Voir*, notamment, sur ce sujet, J. Axtell (1985), C.J. Jaenen (1976), D. Delage (1985). Il convient, toutefois, de signaler deux voix discordantes : O.P. Dickason (1985) et J. Rousseau (*voir* D.B. Smith, 1974, p. 88).

moins de 100 mariages célébrés entre conjoints des deux ethnies avant 1765<sup>33</sup>. Même là où ils vivaient à proximité des Blancs, les Amérindiens étaient marginalisés, encadrés et surveillés. C'était le cas des Hurons à l'Ancienne-Lorette, des Mohawks à Kahnawake, des Algonkins et des Iroquois à Rivière-des-Prairies, puis à Oka, des Algonkins à Trois-Rivières, jusqu'en 1650, des Abénakis à Saut-de-la-Chaudière, puis à Bécancour. Par contre, on sait qu'il y eut de nombreuses unions non officielles entre coureurs de bois et Amérindiennes dans les tribus; mais les enfants nés dans ces circonstances étaient adoptés par les indigènes. Il y aurait donc eu apport de gènes européens chez ces derniers, mais non l'inverse<sup>34</sup>.

Néanmoins, des gènes typiquement amérindiens ont été introduits dans le bassin génétique canadien-français ainsi que l'ont démontré F. Décary (1986) et ses collaborateurs. Ceci donne à entendre qu'en dépit du petit nombre de mariages célébrés entre Blancs et Amérindiens à l'époque de la Nouvelle-France, les gènes introduits par les autochtones ont dû bénéficier d'une pression sélective, telle qu'ils ont pu se transmettre et être reproduits sur plusieurs générations. Il est peut-être survenu un phénomène analogue avec l'immigration non francophone, postérieure à 1765. Mais pour statuer sur ce point, il faudrait mieux connaître les effectifs d'immigrants, les modalités de leur intégration ou de leur acculturation, leur descendance, etc.

En tout état de cause, il faut souligner la possibilité que tous ces apports géniques aient exercé sur le génome québécois actuel un impact sans proportion avec les effectifs humains impliqués au départ. On sait, en effet, que dans l'histoire de toute population, c'est finalement une minorité d'ancêtres qui alimente à long terme le bassin génétique<sup>35</sup>. Encore une fois, seule l'expertise biochimique permettra de trancher dans ce qui, pour l'instant, est surtout matière à conjecture.

Ceci pour les non-francophones. Il faut dire un mot, en terminant, sur les Acadiens. On sait qu'ils ont été nombreux à émigrer vers la vallée du Saint-Laurent, particulièrement entre 1750 et 1775. Plus tard, aux 19<sup>e</sup> et 20<sup>e</sup> siècles, leurs descendants ont alimenté des courants migratoires vers les régions de colonisation du Québec. Dans l'ensemble, les apports géniques qu'ils représentent dans la population ne sont certainement pas négligeables. Mais dans la perspective du présent article et dans l'état actuel de la recherche, il est difficile de qualifier ces apports.

33. Précisément 85 (communication personnelle de Hubert Charbonneau).

34. Cette partie de notre article doit beaucoup à des discussions avec Cornelius Jaenen et John Dickinson.

35. Ceci a pu être vérifié pour de petites communautés comme les Kel Kummer du Sahara (A. Jacquard, 1972), les Jicaques d'Amérique centrale (A.-M. Chapman, A. Jacquard, 1971), les habitants de quelques villages pyrénéens (Vu Tien Khang, A. Sevin, 1977), mais aussi sur des populations beaucoup plus nombreuses comme celles du Danemark (M. Lamy, J. De Grouchy, 1967), de la France (J.-N. Biraben, 1986) et du Québec francophone lui-même (H. Charbonneau et alii, 1987, chap. VI).

#### IV — Homogénéité et diversité : les deux faces du génome québécois

Cet article visait à mettre certains schémas de l'historiographie démographique et sociale du Québec en accord avec des constats récents issus de la génétique moléculaire. Ces derniers ne sont pas complets ni définitifs, tant s'en faut. Mais dans leur état actuel, ils autorisent déjà de nouvelles interrogations et quelques réinterprétations. En résumé, nous sommes conduits à faire l'hypothèse que le bassin génétique canadien-français serait au moins aussi diversifié que celui qui lui a donné naissance au 17<sup>e</sup> siècle. Ce phénomène tiendrait essentiellement à deux ordres de facteurs. Les premiers ont trait aux modalités de transfert de population entre la France et sa colonie aux 17<sup>e</sup> et 18<sup>e</sup> siècles. Génétiquement, il est vraisemblable que la France constituait une sorte de mosaïque dont les pièces étaient homogènes en elles-mêmes (sauf pour les grands bassins urbains, dont la région parisienne), mais différentes les unes par rapport aux autres. Or, l'immigration vers la Nouvelle-France a recruté dans une large partie de la mosaïque. En plus, les différents apports géniques ainsi prélevés ont été en grande part fusionnés dans la population québécoise en raison d'un flux génique intense, favorisé par d'importantes migrations internes et par un marché matrimonial relativement ouvert. En somme, des éléments géniques qui n'étaient que spatialement juxtaposés en France ont été ici combinés chez les mêmes individus. Cette dynamique démographique et sociale représente le deuxième type de facteurs. À partir du 17<sup>e</sup> siècle se sont mis en marche d'importants processus d'homogénéisation socio-culturelle qui ont engendré deux effets contraires. Par le biais de l'intégration et des mariages, ils ont contribué à diversifier les génomes individuels. Mais là où il y a eu effet fondateur et isolement, certains allèles ont pu être reproduits très rapidement et atteindre une fréquence très élevée, d'où homogénéité génétique. C'est le cas, en particulier, des allèles délétères qui sont à l'origine des génopathies maintenant associées à la population canadienne-française et qui trouvent leurs racines historiques dans le nord-est du Québec. Dans tout ceci, la consanguinité a tenu une place ambivalente. D'un côté, on peut imputer à la consanguinité *éloignée* les incidences élevées de génopathies récessives, mais, par ailleurs, la consanguinité *proche* a généralement été trop faible pour exercer un effet important d'homogénéisation sur l'ensemble du génome.

Ainsi, une même dynamique de population caractérisée par un très fort accroissement naturel aurait assuré, d'un côté, la reproduction d'un stock génique déjà diversifié au départ, ce qui expliquerait l'hétérogénéité aujourd'hui observée au plan biochimique tandis qu'ailleurs, dans quelques espaces plus fermés (Charlevoix, Saguenay, ...), elle aurait aussi conduit à élever considérablement la fréquence de certains allèles, en particulier, d'allèles mutants, ce qui rendrait compte des éléments d'homogénéité bien connus depuis longtemps et qu'il n'est évidemment pas question ici de nier. C'est ce dernier point du reste qui fait l'originalité de la population québécoise dans le contexte nord-américain. Mais pour en avoir exagéré la portée — jusqu'à l'étendre à l'ensemble du génome —, on a été amené à « lire » le passé

québécois à travers le seul prisme de l'homogénéité. Grâce au généticien, l'historien accède peut-être aujourd'hui à une vision plus large et plus équilibrée de son objet<sup>36</sup>.

Le bénéfice le plus immédiat va consister dans une représentation plus riche et plus nuancée de l'homogénéité de la population québécoise où une problématique de la diversité est sans doute appelée à se faire une place de plus en plus large<sup>37</sup>. Certes, à maints égards, l'évolution du Québec a suivi un itinéraire diamétralement opposé à celui de l'Ontario, de l'Ouest canadien ou des États-Unis. Mais il recèle aussi des éléments de ressemblance, à intégrer dans des schémas plus complexes, moins rigides que ceux auxquels notre historiographie nous a habitués. Au-delà des disparités spatiales évidentes à l'échelle du Québec, la structure des bassins patronymiques régionaux offre un très bel exemple de la complexité et du polymorphisme de la réalité québécoise. En effet, les études que SOREP a réalisées sur ce sujet (G. Bouchard *et alii*, 1985, 1987) montrent que dans plusieurs régions du Québec, la distribution des fréquences patronymiques (nombre de porteurs par nom de famille) est très concentrée à une extrémité et extrêmement étalée pour le reste. Ainsi, cette double structure reproduit parfaitement à la fois les éléments d'homogénéité, représentés par quelques patronymes très fréquents, et les éléments de diversité, reflétés dans quelques milliers de noms relativement rares<sup>38</sup>.

Plus que l'homogénéité elle-même, la spécificité et le véritable intérêt du « cas » québécois viendraient des combinaisons et articulations originales établies entre homogénéité et hétérogénéité, d'où la nécessité d'accorder à l'avenir plus d'attention aux processus de diversification<sup>39</sup>.

---

36. Il sera peut-être utile désormais de suivre l'avis formulé par le généticien québécois Claude Laberge au dernier colloque de l'Association des démographes du Québec (tenu en mai 1989 à Montréal dans le cadre du Congrès de l'ACFAS). Ce dernier soulignait que les concepts d'homogénéité et de diversité s'appliquent mal à l'ensemble d'un bassin génétique, puisqu'en réalité, ils font référence à la fréquence plus ou moins élevée de certains gènes ou allèles pris individuellement. Pour cette raison, il paraît plus approprié de parler d'homogénéité ou de diversité *génique*, de préférence à *génétique*.

37. Pour une tentative dans cette direction, voir G. Bouchard (1990b).

38. Par exemple, dans le fichier saguenayen de SOREP, entre 1842 et 1971, les 15 patronymes les plus fréquents représentent environ le tiers de la population; mais il en faut plusieurs centaines pour rendre compte des deux autres tiers.

39. À ce propos, voir G. Bouchard (1990b).

## *Bibliographie*

AXTELL James

1985 *The Invasion Within. The Contest of Cultures in Colonial North America*. New York, Oxford University Press, 390 p.

BARBAUD Philippe

1984 *Le choc des patois en Nouvelle-France. Essai sur l'histoire de la francisation au Canada*. Québec, Les Presses de l'Université du Québec, 204 p.

BARBEAU André

1966 "The Syndrome of Hereditary Late Onset Ptosis and Dysphagia in French Canada" dans *Symposion über progressive Muskeldystrophie*, E. Kunhn (ed.). Berlin, Springer-Verlag, pp. 102-109.

BECKMAN L. et N. MYRBERG

1972 "The Incidence of Cleft Lip and Palate in Northern Sweden", *Human Heridity*, Vol. 22, pp. 417-422.

BIRABEN Jean-Noël

1986 « Démographie historique et génétique » dans E. Ohayon et A. Cambon-Thomsen (sous la direction de), *Génétique des populations humaines*. Paris, INSERM, pp. 29-40.

BOUCHARD Gérard

1983 « Les systèmes de transmission des avoires familiaux et le cycle de la société rurale au Québec, du XVII<sup>e</sup> au XX<sup>e</sup> siècle », *Histoire sociale — Social History*, Vol. XVI, n<sup>o</sup> 31 (mai/May), pp. 35-60.

BOUCHARD Gérard

1988 « Sur la distribution spatiale des gènes délétères dans la région du Saguenay (XIX<sup>e</sup>-XX<sup>e</sup> siècles) », *Cahiers de géographie du Québec*, Vol. 32, n<sup>o</sup> 85 (avril), pp. 27-47.

BOUCHARD Gérard

1990a « Les alliances conjugales au Saguenay : paramètres géographiques et sociaux (1842-1921) », *Anthropologie et sociétés*, Vol. 13, n<sup>o</sup> 2, 1989, pp. 143-167.

## BOUCHARD Gérard

1990b « Représentations de la population et de la société québécoise : l'apprentissage de la diversité », à paraître dans les *Cahiers québécois de démographie*.

## BOUCHARD Gérard et Jeannette LAROUCHE

1988 « Dynamique des populations locales : la formation des paroisses rurales au Saguenay (1840-1911) », *Revue d'histoire de l'Amérique française*, Vol. 41, n<sup>o</sup> 3 (hiver), pp. 363-388.

## BOUCHARD Gérard et Hubert WATELET

1987 « Un nouveau territoire pour l'historien ? Vers une rencontre de l'histoire sociale et de la génétique humaine », *Histoire sociale — Social History*, Vol. XX, n<sup>o</sup> 39 (mai-May), pp. 145-175.

## BOUCHARD Gérard, Claude LABERGE et Charles SCRIVER

1985 « La tyrosinémie héréditaire et le rachitisme vitamino-dépendant au Saguenay. Une approche génétique et démographique », *L'Union Médicale du Canada*, Tome 114 (août), pp. 633-636.

## BOUCHARD Gérard, Claude LABERGE et Charles R. SCRIVER

1988 « Reproduction démographique et transmission génétique dans le nord-est de la province de Québec (18<sup>e</sup>-20<sup>e</sup> siècles) », *European Journal of Population/Revue européenne de démographie*, Vol. 4, pp. 39-67.

## BOUCHARD Gérard, Jean MORISSETTE et Kevork KOULADJIAN

1987 « La statistique agrégée des patronymes du Saguenay et de Charlevoix comme indicateurs de la structure de la population aux XIX<sup>e</sup> et XX<sup>e</sup> siècles », *Cahiers québécois de démographie*, Vol. 16, n<sup>o</sup> 1 (avril), pp. 67-98.

BOUCHARD Gérard, Marie-Ange DESJARDINS-OUELLETTE,  
France MARKOWSKI et Kevork KOULADJIAN

1985 « La distribution des patronymes au Québec : témoins des dynamiques de population », *Anthropologie et Sociétés*, Vol. 9, n<sup>o</sup> 3, pp. 197-218.



BOUCHARD Gérard, Raymond ROY, Manon DECLOS,  
Kevork KOULADJIAN et Jean MATHIEU

1988 « La diffusion du gène de la dystrophie myotonique au Saguenay (Québec) », *Journal de génétique humaine*, Vol. 36, n° 3, pp. 221-237.

BOUCHARD Gérard, Raymong ROY, Manon DECLOS, Jean MATHIEU  
et Kevork KOULADJIAN

1989 "Origin and Diffusion of the Myotonic Dystrophy Gene in the Saguenay Region (Quebec)", *Canadian Journal of Neurological Sciences*, numéro spécial sur le Symposium Steinert, tenu à l'Université Laval en 1986, Vol. 16, n° 1 (février), pp. 119-122.

BOUCHARD Gérard, Claude LABERGE, Charles-R. SCRIVER, Francis  
GLORIEUX, Manon DECLOS, Lise BERGERON, Jean LAROCHELLE et  
Saidi MORTEZAI

1984 « Étude démographique et généalogique de deux maladies héréditaires au Saguenay », *Cahiers québécois de démographie*, Vol. 13, n° 1 (avril), pp. 117-137.

BRETTE M.

1907 *Les limites et les divisions territoriales de la France en 1789*.  
Paris, Cornély.

CAMBON-THOMSEN A., N. BOROT et A. SEVIN

1986 « Éléments d'analyse inter-régionale : distances génétiques entre les provinces françaises » dans *Génétique des populations humaines*. Paris, INSERM, pp. 323-338.

CHABOT Georges

1966 *Géographie régionale de la France*. Paris, Masson et Cie,  
Éditeurs, 433 p.

CHAPMAN Anne-M. et Albert JACQUARD

1971 « Un isolat d'Amérique centrale : Les Indiens Jicaques du Honduras » dans *Populations et Génétique. Hommages à Jean Sutter*. Paris, INED, pp. 163-185.

CHARBONNEAU Hubert

1988 « Les francophones du Québec de 1608 à 1960 », *L'Action nationale*, Vol. LXXVIII, n° 5 (mai), pp. 220-232.

## CHARBONNEAU Hubert

- 1989 « L'origine géographique des fondateurs de la souche canadienne-française aux 17<sup>e</sup> et 18<sup>e</sup> siècles », communication présentée au colloque annuel de l'Association des démographes du Québec dans le cadre du Congrès de l'ACFAS, à Montréal (mai).

CHARBONNEAU Hubert *et alii*

- 1987 *Naissance d'une population. Les Français établis au Canada au XVII<sup>e</sup> siècle*. Paris, Institut national d'études démographiques et Montréal, Les Presses de l'Université de Montréal, 232 p.

## CHARBONNEAU Hubert, Jacques LÉGARÉ (sous la direction de)

- 1980 *Répertoire des actes de baptême, mariage, sépulture et des recensements du Québec ancien*. Montréal, Les Presses de l'Université de Montréal, Vol. 6.

## COURVILLE Serge

- 1985 « Le développement québécois, de l'ère pionnière aux conquêtes postindustrielles », *Le Québec statistique*. Québec, Les Publications du Québec, pp. 37-55.

## DE BRAEKELEER Marc

- 1988 *Les maladies héréditaires au Québec*. SOREP, Doc. n<sup>o</sup> III-C-58, 136 p.

## DE BRAEKELEER Marc, Gérard BOUCHARD et Margaret GRADIE

- 1990 « Consanguinité et parenté au Saguenay » dans G. Bouchard, M. De Braekeleer (sous la direction de), *Histoire d'un génome. Population, génétique et société dans l'est du Québec*, ouvrage à paraître aux Presses de l'Université du Québec.

## DE BRAEKELEER Marc

- 1990 « Homogénéité génétique des Canadiens français du Québec : mythe ou réalité ? », à paraître dans les *Cahiers québécois de démographie*.

## DÉCARY Francine, A. LEBRUN et L. CARTIER

- 1986 « Québec », *Journal de génétique humaine*. Vol. 34, n<sup>o</sup> 2, pp. 128-129.

DE LA BLACHE P. Vidal

1941 *Principes de géographie humaine*. Paris, Armand Colin (3<sup>e</sup> édition), 327 p.

DELAGE Denys

1985 *Le pays renversé : Amérindiens et Européens en Amérique du Nord-Est: 1600-1664*. Montréal, Boréal Express, 416 p.

DEMANGEON Albert

1946 *La France économique et humaine*. Paris, Géographie Universelle, 2 vol.

DIAMOND Jared M. et Jerome I. ROTTER

1987 "Observing the Founder Effect in Human Evolution", *Nature*, Vol. 329, pp. 105-107.

DICKASON Olive P.

1985 "From 'One Nation' in the Northeast to 'New Nation' in the Northwest: A Look at the Emergence of the Métis" dans J. Peterson et J.S.H. Brown (dirs.), *The New Peoples: Being and Becoming Metis in North America*. Winnipeg, The University of Manitoba Press, pp. 19-36.

FREIRE-MAIA Newton

1968 "Inbreeding Levels in American and Canadian Populations: A Comparison with Latin America", *Eugenics Quarterly (Social Biology)*, Vol. 15, pp. 22-33.

GALLOIS Lucien

1908 *Régions naturelles et noms de pays. Étude sur la région parisienne*. Paris, Colin, p. in-8.

GAUVREAU Danielle et Mario BOURQUE

1988 « Mouvements migratoires et familles : le peuplement du Saguenay avant 1911 », *Revue d'histoire de l'Amérique française*, Vol. 42, n<sup>o</sup> 2 (automne), pp. 167-192.

GOMILA Jacques et Louise GUYON

1969 « Étude comparative de petites communautés rurales. Méthode et premiers résultats à propos de la consanguinité à Bois-Vert (Québec) », *Population*, Vol. 24, n<sup>o</sup> 6 (nov.-déc.), pp. 1128-1152.

GOY Joseph

- 1988 « Code civil » dans F. Furet et M. Ouzouf (sous la direction de), *Dictionnaire critique de la Révolution française*. Paris, Flammarion, pp. 508-518.

GRADIE Margaret I., Lynn B. JORDE et Gérard BOUCHARD

- 1988 “Genetic Structure of the Saguenay, 1852-1911: Evidence from Migration and Isonymy Matrices”, *American Journal of Physical Anthropology*, n° 77, pp. 321-333.

GRADIE Margaret I., R. LAFRAMBOISE et A. STAMBOULOPOULOU

- 1989 “Ethnic Differences in Risk for Genetic Disease in the Magdeleine Islands of Quebec”, texte d’une communication au congrès annuel de l’American Association of Physical Anthropologists, San Diego, (avril).

HARRIS R. Cole et Geoffrey J. MATTEWS (sous la direction de)

- 1987 *Historical Atlas of Canada. I: From the Beginning to 1800*. Toronto, Buffalo, London, University of Toronto Press, 198 p.

HENRIPIN Jacques

- 1954 *La population canadienne au début du XVIII<sup>e</sup> siècle*. Paris, Les Presses Universitaires de France, 129 p.

HIGOUNET-NADAL Arlette

- 1988 « Dépression et promesses de renouveau » dans J. Dupâquier (sous la direction de), *Histoire de la population française*. Paris, Les Presses Universitaires de France, Vol. 1, pp. 367-420.

HOBBS H. Helen, M.S. BROWN, D.W. RUSSEL, J. DAVIGNON et J.L. GOLDSTEIN

- 1987 “Deletion in the Gene for the Low-Density-Lipoprotein Receptor in a Majority of French-Canadians with Familial Hypercholesterolemia”, *New England Journal of Medicine*, Vol. 317, pp. 734-737.

JACQUARD Albert

- 1972 « Évolution du patrimoine génétique des Kel Kummer », *Population*, Vol. 27, n<sup>os</sup> 4-5 (juillet-octobre), pp. 783-800.

JACQUARD Albert

1974 *Génétique des populations humaines*. Paris, Les Presses Universitaires de France, 220 p.

JAENEN Cornelius J.

1976 *Friend and Foe: Aspects of French-Canadian Cultural Contact in the Sixteenth and Seventeenth Centuries*. Toronto, McClelland and Stewart, 207 p.

JETTÉ René

1983 *Dictionnaire généalogique des familles québécoises, des origines à 1730*. Montréal, Les Presses de l'Université de Montréal, 1176 p.

JETTÉ René, Danielle GAUVREAU et Michel GUÉRIN

1990 « Aux origines d'une région : le peuplement fondateur de Charlevoix avant 1850 » dans G. Bouchard, M. De Brakeleer (sous la direction de), *Histoire d'un génome. Population, génétique et société dans l'est du Québec*, ouvrage à paraître aux Presses de l'Université du Québec.

JOHN S., R. ROZEN, R. LAFRAMBOISE, C. LABERGE et C.R. SCRIVER

1988 "RFLP Haplotypes Associates with Hyperphenylalaninemia Alleles at the Phenylalaline Hydroxylase (PAH) Locus in French-Canadians", *American Journal of Human Genetics*, Vol. 43, n° 3, A216.

JOMPHE Michèle *et alii*

1988 "Familial Hypercholesterolemia in French-Canadians: Geographical Distribution and Centre of Origin of an LDL-Receptor Deletion Mutation", *American Journal of Human Genetics*, Vol. 43, n° 3, A216.

JONES J.S.

1989 "A Tale of Three Cities", *Nature*, Vol. 339, pp. 176-177.

KAPLAN Feige *et alii*

1988 "The Beta-Globin Gene, a Beta-Thalassemia Allel and Associated RFLP Haplotypes in French-Canadians", *American Journal of Human Genetics*, Vol. 43, n° 3, A216.

KAPLAN Feige, Georgia KOKOTSIS, Marc DE BRAEKELEER,  
Kenneth MORGAN et Charles R. SCRIVER

1989 “Bêta-Thalassemia Genes in French Canadians: Haplotype and Mutation Analysis of Portneuf Chromosomes”, à paraître dans *American Journal of Human Genetics*.

LABERGE Claude

1967 « La consanguinité des Canadiens Français », *Population*, Vol. 22, n° 5, pp. 861-896.

LABERGE Claude

1969 “Hereditary Tyrosinemia in a French Canadian Isolate”, *The American Journal of Human Genetics*, Vol. 21, n° 1 (January), pp. 36-45.

LAMY M. et J. DE GROUCHY

1967 *L'homme et l'hérédité*. Paris, Hachette, 281 p.

LANGLOIS Georges

1934 *Histoire de la population canadienne-française*. Montréal, Éditions Albert Lévesque, 309 p.

LEBEL Robert R.

1983 “Consanguinity Studies in Wisconsin I: Secular Trends in Consanguineous Marriage, 1843-1981”, *American Journal of Medical Genetics*, Vol. 15, pp. 543-560.

LEPETIT Bernard

1988 « La population urbaine » dans J. Dupâquier (sous la direction de), *Histoire de la population française*. Paris, Les Presses Universitaires de France, Vol. 2, pp. 81-98.

LYONNET Stanislas, F. REY, C. CAILLAUD, V. ABADIE, A. MUNNICH  
et J. REY

1988 « Bases moléculaires de la phénylcétonurie en France : de l'invasion celtique à la bataille de Poitiers », *Médecine/Science*, Vol. 4, pp. 544-552.

MARTONNE Emmanuel de

1921 *Les régions géographiques de la France*. Paris.

MATHIEU Jacques, François BÉLAND *et alii*

- 1984 « Peuplement colonisateur au XVIII<sup>e</sup> siècle dans le gouvernement du Québec », *L'Homme et la nature*, Actes de la Société canadienne d'étude du dix-huitième siècle, Tome II, R.L. Emerson, W. Kinsley, W. Moser (éds). Montréal, pp. 127-138.

MATHIEU Jacques, Céline CYR, Guy DINEL, Jeannine POZZO et Jacques SAINT-PIERRE

- 1981 « Les alliances matrimoniales exogames dans le gouvernement de Québec, 1700-1760 », *Revue d'histoire de l'Amérique française*, Vol. 35, n<sup>o</sup> 1 (juin), pp. 3-32.

MAYR E.

- 1963 *Animal Species and Evolution*. Cambridge, Mass., Harvard University Press.

McKUSICK Victor A. (sous la direction de)

- 1978 *Medical Genetic Studies of the Amish*. Baltimore and London, The Johns Hopkins University Press, 525 p.

McKUSICK Victor A.

- 1983 *Mendelian Inheritance in Man*. Baltimore, London, The Johns Hopkins University Press, 1378 p. (6<sup>e</sup> édition).

MOORJANI Sital, Madeleine ROY, Claude GAGNÉ, Jean DAVIGNON *et alii*

- 1989 "Homozygous Familial Hypercholesterolemia among French Canadians in Quebec Province", *Arteriosclerosis*, Vol. 9, n<sup>o</sup> 2 (March-April), pp. 211-216.

MORISSETTE Jean

- 1990 « La consanguinité dans la population de Charlevoix (1680-1852) » dans G. Bouchard et M. De Braekeleer (sous la direction de), *Histoire d'un génome. Population, génétique et société dans l'est du Québec*, ouvrage à paraître.

MYEROWITZ R., N.D. HOGIKYAN

- 1986 "Different Mutations in Ashkenazi Jewish and non-Jewish French-Canadians with Tay-Sachs Disease", *Science*, Vol. 232, n<sup>o</sup> 4758, pp. 1646-1648.

NEVANLINNA H.R.

1980 "Rare Hereditary Diseases and Markers in Finland: An Introduction", *Population Structure and Genetic Disorders*, Aldur W. Eriksson *et alii* (sous la direction de). New York, Academic Press, pp. 569-576.

NORIO R., H.R. NEVANLINNA et J. PERHEENTUPA

1973 "Hereditary Diseases in Finland: Rare Flora in Rare Soil", *Annals of Clinical Research*, Vol. 5, pp. 109-141.

OHAYON Elisabeth, Andrée CAMBON-THOMPSEN (sous la direction de)

1986 *Génétique des populations humaines*. Paris, INSERM, 410 p.

PHILIPPE Pierre et Jacques GOMILA

1971 « Structure de population et mariages consanguins à l'Isle-aux-Coudres (Québec) », *Population*, n° 4, (juillet-août), pp. 707-716.

POUSSOU Jean-Pierre

1988 « Mobilité et migrations » dans J. Dupâquier (sous la direction de), *Histoire de la population française*. Paris, Les Presses Universitaires de France, pp. 99-143, Tome 2.

PRÉVOST Claude, R. LAFRAMBOISE, M. BARDANIS, C. CLOW *et alii*

1988 « Le gène de la bêta-thalassémie au Canada français : relance dans le comté de Portneuf », *Union Médicale du Canada*, Vol. 3, pp. 241-244.

ROZEN Rima et Kenneth MORGAN

1987 "Ethnic Variation in DNA Haplotypes Linked to the Cystic Fibrosis Mutation", *Pediatric Pulmonary*, Supplement 1, 110 p.

SINNETT Daniel, L. LAVERGNE, S.B. MELANÇON, L. DALLAIRE, M. POTIER et D. LABUDA

1988 "Lesch-Nyhan Syndrome: Molecular Investigation of Three French Canadian Families using a Hypoxanthine-Guanine Phosphoribosyltransferase cDNA Probe", *Human Genetics*, Vol. 81, pp. 4-8.

SMITH Donald B.

1974 *Le Sauvage*. Ottawa, Musées nationaux du Canada.



SOKAL R.R.

- 1990 "Migrations in the ethnohistory of the people of Europe", *American Journal of Physical Anthropology*, Vol. 81, n° 2 (February), p. 298, communication au congrès annuel de l'American Association of Physical Anthropologists, Miami, avril 1990.

THIBEAULT Marie-Christine, Jean MATHIEU, Sital MOORJANI,  
André LESCAULT, Claude PRÉVOST, Daniel GAUDET,  
Jean MORISSETTE et Claude LABERGE

- 1989 "Myotonic Dystrophy: Linkage with Apolipoprotein E and Estimation of the Gene Carrier Status with Genetic Markers", *Le Journal canadien des sciences neurologiques/The Canadian Journal of Neurological Sciences*, Vol. 16, n° 1, (February-février), pp. 134-140.

TRUDEL Marcel

- 1973 *La population du Canada en 1663*. Montréal, Fides, 368 p.

VALLIÈRES Marc et François DROUIN

- 1989 « Évolution de la population de la ville de Québec aux 19<sup>e</sup> et 20<sup>e</sup> siècles », communication présentée au colloque annuel de l'Association des démographes du Québec dans le cadre du Congrès de l'ACFAS, à Montréal (mai).

VU TIEN KHANG Jacqueline et André SEVIN

- 1977 *Choix du conjoint et patrimoine génétique. Étude de quatre villages du Pays de Sault, de 1740 à nos jours*. Paris, Centre National de la Recherche Scientifique, 159 p.

WALTER Henriette

- 1989 *Des mots sans-culottes*. Paris, Robert Laffont, 244 p.

## *Glossaire*

**ADN** (Acide désoxyribonucléique)

Substance biochimique dont sont composés les gènes.

**Allèle**

Forme particulière que peut prendre un gène à un locus donné.

**Bassin génétique**

Ensemble des gènes présents dans une population.

**Consanguinité**

Le fait de deux conjoints ayant un ancêtre commun ou plus. Lorsque cet ancêtre se situe à moins de sept générations, on parle de consanguinité proche. Dans le cas contraire, on parle de consanguinité éloignée.

**Délétion**

Perte de matériel génétique.

**Dérive génétique**

Modification des fréquences géniques dans une population due au hasard de la transmission.

**Effet fondateur**

Création d'une nouvelle population à partir d'un nombre relativement restreint d'individus appartenant à une population-mère.

**Endogamie**

Se dit des unions au sein desquelles les deux partenaires proviennent de la même population.

**Exogamie**

Se dit des unions au sein desquelles les deux partenaires n'appartiennent pas à la même population.

**Flux génique**

Diffusion des gènes dans l'espace, entre sous-populations.

**Fondateur**

On appelle ainsi l'ancêtre qui a introduit un gène dans une population. C'est aussi, dans une ascendance, l'ancêtre au-delà duquel on ne dispose plus d'information.

**Gène**

Unité physique et fonctionnelle fondamentale de l'hérédité consistant en un fragment d'ADN (*voir ce mot*).

**Gène délétère**

Gène qui est à l'origine d'une maladie.

**Gène létal**

Gène qui entraîne le décès de l'individu chez qui il s'exprime.

**Gène mutant**

Gène dont la structure a été modifiée.

**Génome**

Ensemble des gènes portés par un individu. Se dit aussi de l'ensemble des gènes présents dans une population.

**Génopathie**

Maladie due à une anomalie dans un gène.

**Génotype**

Désigne une partie ou la totalité de la composition génique d'un individu.

**Haplotype**

Association relativement stable d'allèles situés à des loci voisins.

**HLA**

Ensemble de protéines situées à la surface des cellules, produites par un ensemble de gènes et jouant un rôle important dans le système immunitaire d'un individu. Ces protéines déterminent, notamment l'acceptation ou le rejet des greffes.

**Homozygote**

Le fait d'un individu qui, pour un locus donné, a reçu de ses père et mère deux copies identiques d'un gène.

**Incidence**

C'est, pour une maladie quelconque et pendant une période déterminée, la proportion de nouveaux cas rapportée à l'ensemble de la population.

**Isolat**

Au sens originel, population au sein de laquelle tous les mariages sont endogames. Se dit aussi des populations dites fermées, qui ne reçoivent pas d'immigrants une fois constituées.

**Locus**

Emplacement physique d'un gène sur un chromosome.

**Maladie**

- autosomale : maladie due à un gène situé sur un autosome, c'est-à-dire un chromosome non sexuel.
- autosomale dominante : maladie dont l'expression nécessite la présence d'une seule copie d'un gène mutant.
- autosomale récessive : maladie dont l'expression nécessite la présence de deux copies d'un gène mutant.
- mendélienne : maladie due à un gène dont les probabilités de transmission obéissent aux lois de l'hérédité, telles qu'énoncées par Mendel au 19<sup>e</sup> siècle.
- multifactorielle : maladie causée par l'action combinée des gènes et de l'environnement.

**Marqueur génétique**

Fragment d'ADN voisin d'un gène (mutant ou non) et qui sert à en attester la présence.

**Mutation**

Processus qui modifie la structure d'un gène ou d'un chromosome.

**Parenté**

Le fait de deux individus quelconques ayant au moins un ancêtre commun.

**Phénotype**

Manifestation observable d'un génotype (*voir ce mot*). Un phénotype peut être pathologique (ex. : une maladie héréditaire) ou non (ex. : la couleur des yeux ou des cheveux).

**Polymorphisme**

Se dit d'un fragment d'ADN qui comporte au moins deux allèles ayant une fréquence minimale de 1 p. 100 dans la population.

**Prévalence**

C'est, pour une maladie quelconque, à un moment donné, la proportion de tous les cas vivants rapportée à l'ensemble de la population.

**Proposant (ou propositus)**

Individu qui permet de déceler la présence d'une maladie dans une famille ou une descendance donnée.

**RFLP**

Fragment d'ADN qui a la propriété de se présenter sous diverses formes ou allèles (*voir ce mot*) dans une population.

**Sélection**

Avantage ou désavantage associé au fait de porter un génotype (*voir ce mot*) déterminé.

# Colloque

## « La médecine ancienne dans son contexte socio-culturel »

Leyde, 13-15 avril 1992

Une petite équipe de l'Institut de philologie classique de l'Université de Leyde, à savoir le professeur de latin P.H. Schrijvers, l'helléniste P.H. Van Der Eijk et l'historien de l'Antiquité H.F.J. Horstmanshoff, envisage d'organiser un colloque sur l'histoire de la médecine ancienne.

L'histoire de la médecine ancienne est devenue de plus en plus une partie de l'histoire de la mentalité de l'Antiquité. Sous cet angle, l'attention est concentrée sur la position des maladies, des malades et de la médecine dans leur contexte socio-culturel. Il semble utile de confronter les résultats récents des recherches strictement médico-historiques avec les voies d'approche développées dans la philologie classique, l'histoire sociale et religieuse, l'archéologie et la philosophie de l'Antiquité. Le congrès proposé a pour but de promouvoir une approche inter-disciplinaire de la maladie et de la médecine à l'intérieur de la civilisation gréco-romaine. Il ne s'agit pas seulement d'étudier les rapports entre la médecine et le contexte culturel du point de vue moderne de l'histoire des sciences; la réflexion faite par les médecins anciens eux-mêmes sur ces rapports sera aussi un des thèmes du congrès envisagé.

En plus, étant donné le rôle que l'Université de Leyde a joué dans l'histoire de l'humanisme, nous envisageons de consacrer une section spéciale aux textes médicaux néo-latins en collaboration avec la Bibliothèque universitaire de Leyde.

### **I Être malade**

- réactions individuelles et collectives sur les maladies
- le rôle de thèmes médicaux dans la littérature et l'art figuré

### **II La médecine**

- la position de la médecine à l'intérieur des sciences anciennes et ses rapports avec la philosophie
- l'influence de l'idéologie, de la religion et de la mentalité anciennes sur la terminologie et les concepts médicaux et sur la pratique thérapeutique
- le rôle de la rhétorique et du langage métaphorique dans la littérature médicale

### **III Médecine et professions médicales**

- la position sociale du médecin et d'autres professionnels médicaux
- l'organisation institutionnelle de la protection de la santé
- la femme et la pratique professionnelle des médecins

Les réactions et propositions de communications peuvent être adressées à :

H.F.J. Horstmanshoff  
Département d'histoire ancienne  
Rijksuniversiteit Leiden  
Postbus 9515  
2300 RA Leiden  
Pays-Bas