

## **L'ADN mitochondrial de Catherine Pillard**

### **Dr Jacques Beaugrand**

Professeur honoraire de L'UQAM

Email : Beaugrand.Jacques@UQAM.Ca

### **Président francophone du projet ADN Héritage Français**

Dans un article paru dans le Chaïnon, Lussier, King et Robitaille (2007) prétendent que l'ADN mitochondrial de Catherine Pillard ne peut pas être d'origine européenne et qu'il s'apparente à celui des Algonquiens et d'autres autochtones du nord-est de l'Amérique du Nord. Ainsi, selon cette hypothèse, au lieu d'être une Fille du Roi originaire de La Rochelle, France, comme son baptistère l'indiquait, Catherine Pillard, épouse de Pierre Charron (m: 1665), aurait été en fait une jeune femme amérindienne, silencieusement assimilée par la population de colons blancs de la Nouvelle France. Cette hypothèse a reçu une large diffusion lors d'un appel publié dans les Mémoires de la SGCF par Ducharme (2008).

Le présent auteur a déjà indiqué sur le blogue du Projet ADN Héritage Français (Beaugrand, 2008a, b) le point de vue soutenant que l'ADN mitochondrial des descendants de Catherine Pillard ne présentait pas les caractéristiques nécessaires et suffisantes pour être déclaré amérindien de souche fondatrice, même si la variation T16311C possédée par cet ADN était présente chez certains Amérindiens Inuits et Chukchis du même haplogroupe A et du sousclade A2 (Volodko & al., 2008). Notre argument reposait sur le fait que, même si cette variation T16311C était présente dans cet ADN, toutes les variations critères situées en amont de celle-ci et qui servaient de critères d'entrée en A2 étaient absentes de l'ADN-mt des descendants de Catherine Pillard. Une telle absence multiple ne pouvait s'expliquer par des réversions à l'état ancestral. À la lumière des connaissances en génétique des populations, cet ADN n'était pas Amérindien fondateur mais eurasién. Or, la récente classification de PhyloTree.org (2009) n'accorde aucune valeur critère de classement à la variation T16311C qui est devenue banale, confirmant ainsi notre classement de l'ADN-mt de Catherine Pillard dans l'haplogroupe ancestral A. La littérature scientifique du domaine s'entend pour reconnaître que dans l'haplogroupe A, uniquement les sousclades dérivés A2 et A2a sont fondateurs des autochtones Amérindiens (voir, par exemple : Tamm & al., 2007; Perego & al., 2009). La forme ancestrale A\* à laquelle appartient l'ADN-

mt de Catherine Pillard est considérée eurasiennne. Par ailleurs, un examen comparatif des variations possédées par l'ADN-mt des descendants de Catherine Pillard montre des caractéristiques qui sont aussi présentes dans l'ADN mitochondrial de certaines populations indigènes de l'Oural, de la Sibérie et des régions occidentales de la Russie. Ces régions ont été très tôt colonisées et furent des lieux de passage obligatoire très importants au cours du peuplement européen. D'autres peuples ont déjà été complètement assimilés par les populations occidentales. Il est donc tout à fait plausible que l'ADN-mt de Catherine Pillard, tout en possédant une origine autochtone eurasiennne lointaine, se soit retrouvé dans la population européenne française au 17<sup>e</sup> siècle, puis transplanté au Canada par une Fille du Roi. Pour le présent auteur, c'est l'affinement avec le temps de nos connaissances scientifiques sur l'ADN-mt humain, en particulier par l'apport de nouveaux échantillons d'ADN-mt amérindiens, eurasiens et particulièrement français, qui aura le dernier mot en ce qui concerne la véritable origine de l'ADN mitochondrial des descendants de Catherine Pillard.

-0-0-

L'ADN mitochondrial (ADN-mt) se transmet d'une mère à ses enfants. Or, uniquement les filles peuvent le transmettre lorsqu'elles ont à leur tour des enfants. L'ADN-mt permet donc d'identifier les lignées maternelles. Ainsi une femme transmet son ADN-mt à ses enfants; ses filles transmettent cette même signature ADN-mt à leurs propres enfants et ainsi de suite, de telle sorte que toutes les filles et tous les fils d'une mère qui appartient à ce matrilignage possèdent cette signature, aussi appelée haplotype.

Le génome complet d'une molécule d'ADN mitochondrial chez l'humain comprend 16,569 bases (Adénine, Cytosine, Thymine, Guanine). Le génome mitochondrial entier de Catherine Pillard est connu suite au séquençage complet d'échantillons d'ADN-mt fournis par ses descendants dont la descendance par matrilignage est bien documentée, avérée. Ce haplotype comprend les variations suivantes:

A73G A235G A263G 315.1C C522- A523- C544T A663G A750G A1438G  
A1736G A2706G T4248C A4769G A4824G T5393C C7028T C7468T C8794T  
A8860G G9948A C10094T G11719A C12705T C14766T A15326G C16223T  
A16227C C16290T T16311C G16319A T16519C

Les variations sont identifiées en comparant systématiquement les bases qui composent le génome de Catherine Pillard à celles qui lui correspondent au même endroit dans la séquence de référence fournie par la Séquence de

Référence de Cambridge (CRS). Ainsi, les variations depuis le CRS comprennent des substitutions de bases. Au locus 73 de l'ADN-mt de CP, la base Guanine s'est substituée à la base Adénine qui s'y trouve au CRS, cette substitution étant notée A73G. Certaines variations correspondent à des insertions. Ainsi, immédiatement après le locus 315 du CRS, une base Cytosine s'y est insérée, notée 315.1C. Le génome de Catherine Pillard comprend aussi des délétions. Ainsi, les bases C et A qui composent les respectivement les loci 522 et 523 du CRS sont absentes chez ces descendants de CP. Ces délétions sont notées C522- et A523-

Toutes ces substitutions, insertions et délétions définissent donc un haplotype, une signature type, qui peut être partagée par plusieurs descendants et descendantes.

### **À quel haplogroupe appartient l'haplotype de Catherine Pillard?**

Les généticiens, en examinant la composition des divers haplotypes qui deviennent connus sont en mesure de reconnaître plusieurs grandes familles d'haplotypes, appelées «haplogroupes ». La notion d'haplogroupe est l'équivalent du genre dans une taxonomie. Ils ont construit une taxonomie qui reflète le plus parcimonieusement possible la phylogénèse des divers haplogroupes les uns par rapport aux autres. La phylogénèse est l'équivalent de la descendance généalogique mais pour des regroupements d'haplotypes qui partagent certaines caractéristiques communes et se distinguent des autres regroupements par d'autres caractéristiques. Le généalogiste peut donc avoir recours à une taxonomie pour déterminer à quel haplogroupe appartient un ADN mitochondrial. Il s'agit d'examiner chacune des variations présentes dans une signature et de décider de sa valeur classificatoire en la retrouvant dans la taxonomie qui a été construite par les généticiens moléculaires pour le même type d'ADN. Il faut considérer une taxonomie comme un instrument théorique qui reflète les connaissances scientifiques courantes à propos des variations et à propos de leur phylogénèse. Il s'agit d'un instrument en continu développement. En effet, une taxonomie est appelée à être régulièrement révisée par l'apport de nouvelles connaissances qui concernent les propriétés des divers génomes ADN-mt échantillonnés à travers le monde. La taxonomie des ADN-mt est complexe. L'espace ne nous permet pas ici de l'illustrer. Notre lecteur est invité à visiter le site de [PhyloTree.org](http://PhyloTree.org) pour connaître l'état actuel de cette taxonomie. Il faut examiner la branche N qui comprend l'haplogroupe A des descendants de Catherine Pillard.

La taxonomie que l'on retrouve à PhyloTree.org prescrit au classificateur les variations essentielles ou critères pour un classement rigoureux. Cet arbre de décision conduit ainsi dans un premier temps au classement de l'ADN-mt de CP dans l'haplogroupe A. C'est la conjonction des variations A235G, A663G, A1736G, T4248C, A4824G, C8794T, C16290T et G16319A qui nous conduit en A. Par conjonction, il faut entendre une présence simultanée des variations concernées dans le génome étudié, ou parfois, mais rarement, par la présence d'alternatives. Le point de départ est toujours le CRS qui appartient à l'haplogroupe H2a2. Ainsi, parmi les variations faisant partie du génome de Catherine Pillard, les variations A73G, A263G, A750G, A1438G, A2706G, A4769G, C7028T, A8860G, G11719A, C12705T, C14766T, A15326G et C16223T conduisent ce génome depuis le CRS-H2a2 jusqu'à l'entrée de l'haplogroupe A, en passant par R0, R et N. Les variations A235G, A663G, A1736G, T4248C, A4824G, C8794T, C16290T et G16319A l'introduisent ensuite dans l'haplogroupe A.

Toutes les variations qui ont servi à conduire cet ADN-mt en A peuvent dès lors être ignorées dans la suite du processus de classement. Il reste donc les variations suivantes:

315.1C, 522-, 523-, C544T, T5393C, C7468T, G9948A, C10094T, A16227C, T16311C, C16519T.

Or, parmi les variations restantes, il s'en trouve qui ne peuvent servir au classement à cause de leur pouvoir discriminant trop faible. C'est le cas de la variation 315.1C qui est très ancienne et qui se retrouve un peu partout dans la taxonomie. Il en est de même pour les délétions 522- et 523-; idem pour l'inversion très fréquente de C en T au locus 16519. La variation T16311C subit aussi le même sort. On la retrouve partout dans la taxonomie. Ainsi, uniquement dans l'arbre de l'haplogroupe N (cet arbre inclut l'haplogroupe A qui nous intéresse ici), cette variation T16311C est rencontrée dans six sousclades différents, à savoir en A2, I1, N5, Y2, S3, et X2e1a1a. Dans la classification de Volodko & *al.* (2008) la variation T16311C semblait jouer un rôle critère, étant rencontrée chez des Eskimos qui appartenaient au sousclade amérindien A2a. C'est cette présence qui pouvait suggérer que l'haplogroupe de Catherine Pillard pouvait être amérindien. Or, en 2009, la classification PhyloTree.org n'accorde aucun rôle critère à T16311C dans la subdivision de l'haplogroupe A.

## **À quel sousclade appartient l'ADN-mt de Catherine Pillard?**

Un sousclade est un sous-groupe qui vient subdiviser un haplogroupe et qui permet, dans certains cas, de déterminer les origines biogéographiques ou ethniques de l'ancêtre en matrilineage. Deux sousclades de A nous intéressent ici, à savoir A2 et A2a. En effet, la littérature scientifique (e.g., Tamm & al., 2007; Perego & al., 2009) reconnaît que dans l'haplogroupe A, uniquement les sousclades dérivés A2 et A2a peuvent avoir été fondateurs des autochtones amérindiens.

Il nous reste six variations pour les fins de détermination du sousclade, une fois que celles déjà utilisées ou simplement banales (dont T16311C) ont été éliminées. Ce sont: C544T, T5393C, C7468T, G9948A, C10094T, A16227C.

Or, nous référant à la taxonomie de PhyloTree.org du 10 mai 2009, aucune des variations restantes n'est le critère pour le classement en un sousclade de A. De plus, la taxonomie courante indique que pour être A2, A2a ou A2b il faut obligatoirement posséder la variation C16111T (à ne pas confondre avec T16311C) et au moins une des variations que l'on trouve en aval vers A2, puis les autres variations conduisant à A2a ou A2b. Or, si ces variations ont déjà existées dans l'ADN-mt de CP, elles ne peuvent pas toutes être retournées à un état ancestral suite à des autocorrections dans les séquences d'ADN (réversions). C'est scientifiquement hautement improbable, pour ne pas dire impossible sur le plan généalogique.

La conclusion qui s'impose par défaut au classificateur est que la signature des descendants en matrilineage de Catherine Pillard appartient à l'haplogroupe A, forme ancestrale (notée A\*). Elle n'appartient pas au sousclade dérivé A2, et encore moins au sous-sousclade A2a, ces deux catégories pouvant être amérindiennes.

L'explication la plus parcimonieuse est donc celle d'un ADN mitochondrial eurasiatique (asiatique ou européen). Par surcroît, au plan généalogique, nous avons en preuve documentaire le baptistère de Catherine Pillard.

Les experts de Family Tree DNA (www), la compagnie qui a procédé aux séquençages des génomes des descendants de Catherine Pillard parvenaient à cette même conclusion dès 2006. Les auteurs de l'article du Chaïnon (Lussier & al., 2007), s'ils avaient été rigoureux, seraient eux aussi être parvenus à cette même conclusion et n'auraient pas dû inutilement alimenter la controverse à propos des origines de l'ADN-mt de Catherine Pillard. Le scepticisme scientifique demeure une qualité à cultiver, même en généalogie.

## **L'ADN mitochondrial amérindien**

L'ADN-mt A\* ancestral est une forme d'ADN-mt des peuples eurasiens. Le projet Genographic de la National Geographic Society ([www](http://www.genographic.com)) propose un scénario quant au peuplement réalisé par l'ADN-mt A. La première femme A serait née d'une femme dont l'haplogroupe ADN-mt était N il y a environ 50,000 ans dans les hautes plaines de l'Asie centrale, entre la mer Caspienne et le lac Baïkal, dans la région qui correspond au Kazakhstan actuel. Le fait que les A\* ne soient pas très représentées dans la population de l'ancien monde suggère que ces femmes ne furent pas très prolifiques comparativement à d'autres haplogroupes ADN-mt, comme par exemple les H et les U. Il est possible que la plupart des A\* aient été éliminés lors du paroxysme glaciaire. Les femmes de l'haplogroupe A\* se multiplièrent d'abord dans la région immédiate où la première apparut. Certaines de leurs descendantes progressèrent vers le nord, peuplant ainsi la Sibérie centrale. Leurs descendantes à leur tour propagèrent progressivement leur signature vers l'est, dans toute la Sibérie de l'Est. Selon les régions, entre 1 et 5% de l'ADN-mt des habitants appartient à l'haplogroupe A. Un autre groupe de descendantes A\* des régions du Kazakhstan, au lieu d'aller vers le nord, se déplaça à la même latitude tout en peuplant en direction de l'est, établissant en chemin leur descendance mitochondriale à travers toute l'Asie de l'Est. Le sousclade A4 serait apparu en route il y a 30,000 ans. Environ 10% des Chinois sont de ce sousclade. Un autre sousclade, le A5, serait apparu beaucoup plus récemment, il y a 10,000 ans. Il est spécifique aux populations coréennes et japonaises.

Des populations A4 ont progressé vers le nord-est et se sont aussi établies sur l'isthme de Béring, aujourd'hui presque totalement submergé. Or, à l'époque des grandes glaciations, l'eau emprisonnée dans les glaces fait baisser le niveau de la mer. Des passages, voire des continents entiers, apparaissent. Il est probable que les lointains ancêtres des Amérindiens vécurent pendant plusieurs milliers d'années en Béringie avant que leurs descendantes ne soient en mesure de s'engager sur le continent américain avec le retrait des glaciers. Entretemps, les femmes de peuple de Béringie avaient acquises de nouvelles variations, entre autres la C16111T, devenant ainsi des A2. Plusieurs de leurs descendantes se différencièrent à leur tour en de multiples sousclades, peuplant rapidement les deux Amériques. Cette pénétration fut rendue possible par le retrait de la glaciation qui ouvrait ainsi un passage vers le Sud. La faible diversité génétique rencontrée en Amérique du Nord et du Sud suggère que la pénétration se fit il y a 15 à 20,000 ans. Évidemment toutes les femmes

fondatrices n'étaient pas de l'haplogroupe A2. Les travaux récents portant sur l'ADN-mt s'accordent pour reconnaître comme ADN-mt fondateurs des amérindiens les haplogroupes A2 et plus en aval A2a, de même que B2, C1 et D1 que l'on retrouve en Amérique du Nord, Centrale et du Sud. Ce sont là les principaux haplogroupes ADN-mt de peuplement. Il existe aussi des haplogroupes amérindiens secondaires quant à leur importance relative. Ce sont les haplogroupes C4c, D2a, D3, D4h3 et X2a. Par fondateurs, il faut entendre précolombiens. L'étude récente faite par Perego & al. (2009) a porté sur les sousclades rares D4h3 et les X2a. Elle montre que ces deux sousclades pénétrèrent l'Amérique du Nord en utilisant deux voies différentes. Les D4h3, qui correspondent aux amérindiens d'expression Na-dené entrèrent vraisemblablement en Amérique du Nord en passant par la côte du Pacifique. Quant aux X2a, ils auraient pénétré le continent à la même époque mais en utilisant le passage dégagé dans la plaine suite au retrait des glaciers des Rocheuses et des Laurentides. Il n'est pas encore établi si les X étaient d'origine asiatique. En effet, contrairement aux haplogroupes A-D, X ne semble pas avoir été présent en Asie, ni en Béringie. Certains (e.g., Brown & al., 1998; Straus, 2000; Stanford & Bradley, 2006) posent l'hypothèse que l'haplogroupe X serait venu depuis le Nord-est de l'Europe, il y a 16,000 ans, bien avant la colonisation européenne. Cet haplogroupe X aurait été apporté par des Solutréens qui passèrent en cabotage sur la banquise qui relia à plusieurs reprises l'Europe au Labrador canadien. Ainsi, les ossements du chef Nonosabasut de la tribu amérindienne des Béothuks du Labrador ont révélé que son ADN-mt était X2a, avec les variations T93C, T189C, G213A,C 223T, C278T (site de l'ISOGG).

Mentionnons que l'étude de l'ADN amérindien pose certains problèmes particuliers. En effet, il s'avère difficile, pour ne pas dire impossible, pour les chercheurs de distinguer entre l'ADN précolombien, caractéristique des amérindiens avant l'arrivée des colonisateurs, et l'ADN qui a été apporté par ces derniers par ad-mixture une fois la colonisation installée. Il ne faut pas non plus oublier qu'il s'est probablement produit un certain apport génétique en provenance des vieux continents au cours de notre ère et avant 1492, par les Basques, les Portugais et les Vikings norvégiens qui venaient pêcher sur les Grands bancs et chasser la baleine du Labrador. Certains groupes amérindiens contemporains présentent un important taux de matériel génétique « emprunté » à la colonisation. Plus de 50% des hommes de certaines tribus de l'Est possèdent un chromosome Y appartenant à des haplogroupes eurasiens (R, I, E, G). L'ad-mixture d'ADN-mt semble par contre avoir été plus rare. Mais cela s'est sûrement produit. Malgré cette possibilité, à notre connaissance, la

signature ADN-mt de Catherine Pillard n'a pas été notée chez aucun Amérindien qui se dit « de souche ». Cependant, la poursuite de l'échantillonnage auprès des autochtones d'Amérique pourra éventuellement révéler sa présence, sans que l'on sache s'il est précolombien ou non.

### **À quel groupe humain eurasien l'haplogroupe de Catherine Pillard ressemble-t-il le plus?**

Nous avons vu l'origine de l'haplogroupe ancestral A et son peuplement des vieux et nouveaux continents. On retrouve donc l'haplogroupe A\* en Asie de l'Est, et à un moindre degré en Europe. Il nous a semblé intéressant de trouver à quels groupements humains ou tribus cet ADN-mt A\* pouvait appartenir ou ressembler le plus.

Le Tableau I fait cette comparaison en fonction de ce qui est connu à ce jour. Nous avons comparé les mutations de l'ADN-mt de Catherine Pillard à celles que l'on trouve dans la base mondiale de données GENBANK ([www](http://www.genbank.org)). Les seules coïncidences significatives obtenues se sont produites avec un haplogroupe japonais et avec les haplotypes mentionnés au Tableau I et inscrits à Genbank par Derbeneva & *al.* (2002) ou, plus récemment, par Tamm & *al.* (2007).

L'examen de ce Tableau permet de constater que l'haplogroupe de Catherine Pillard ressemble à celui d'individus appartenant à des tribus qui vivent de nos jours en Sibérie. Il ressemble aussi à celui de certaines tribus amérindiennes, sauf pour la variation 16227C, systématiquement présente chez les eurasiens, mais toujours absente chez les amérindiens.

L'haplogroupe de Catherine Pillard ressemble à celui des tribus de l'Oural, les *Taimyr, les Nganasan, Tajiki, Dolgan, Mansi et Selkup*.

La Figure 1 indique sur une carte eurasienne les régions où les tribus ouraliennes mentionnées au Tableau I sont localisées. Comme on peut le constater, elles se trouvent regroupées en Sibérie centrale et non orientale. La plupart sont sous le cercle polaire. L'immense région que ces tribus occupent est aussi éloignée du détroit de Béring que de l'Europe Occidentale.

La partie plus au Sud Ouest, appelée steppe pontique, fut complètement investie par les Hittites (culture du tumulus ou Kourgane) il y a 5,000 ans et c'est cette même culture qui s'étendit aussi à toute l'Europe, apportant le cheval domestique, la roue, l'élevage domestique, et les langues indo-européennes. Pour Ingram & *al.* (2009), la mutation qui permet de digérer le lactose serait d'abord apparue chez les Hittites (Kourganes), originaires du Sud



de l'Oural, qui auraient apporté avec eux cette importante adaptation digestive, d'abord aux européens des régions nordiques, puis occidentales. Il faut aussi mentionner qu'il y a environ 2000 ans, les régions du Kazakhstan plus au Sud et autour du lac Aral furent colonisées par des Juifs dont les descendants s'établirent successivement plus à l'Ouest.

La partie la plus nordique de la Voie de la Soie passait aussi dans ces régions. Plus récemment, c'est la partie côtière des régions où vivent des peuples Ouraliens que les Vikings colonisèrent. Comme on le sait, une grande partie des Russes sont les descendants de ces Vikings qui établirent de nombreux comptoirs commerciaux et qui fondèrent des villes importantes le long de la côte et tout au long des fleuves, la Volga, l'Ob, et d'autres qui pénètrent profondément cette immense région.

Encore plus récemment, au cours du 13<sup>e</sup> siècle, les peuples qui vivaient dans les régions plus méridionales, dont les Selkup (Ostyak-Samoyèdes), devinrent tributaires des Turcs. Quant à ceux qui occupaient des territoires plus nordiques, dès 1628 les Russes les obligèrent à participer aux citées fortifiées dont celle de Krasnoïarsk. Les autres peuples de l'Oural, en particulier ceux vivant le long de la mer Baltique (par ex., Lituanie, Lettonie, Estonie, ancienne Livonie) furent complètement assimilés aux européens du Nord-Ouest. D'autres sont menacés de la même disparition dans un proche avenir. Les régions où vivent ces autochtones ont aussi été des lieux d'occupation et de passage obligatoire pour de multiples invasions et migrations vers l'Ouest, vers l'Europe centrale et occidentale. On peut d'emblée affirmer que les ancêtres des européens vinrent d'Eurasie, d'Asie mineure et d'Anatolie. Les Finno-Ougriens (dont les Hongrois) revendiquent même une descendance directe des peuplades de l'Oural.

Faut-il alors s'étonner que, suite à ce fantastique brassage, l'ADN mitochondrial des peuples de l'Oural se soit graduellement diffusé vers l'Europe centrale, puis occidentale, pour contribuer, bien que humblement, au pool génétique des européens?

En 1663, Catherine Pillard, une jeune française née et baptisée à Notre-Dame-de-Cogne, a pu vraisemblablement s'embarquer au port de La Rochelle, à destination de Québec. Sans le savoir, elle transportait dans l'ADN de ses mitochondries une signature apparue 50,000 années auparavant, entre la mer Noire et celle d'Aral.

## Références et liens

ADN Héritage Français: <http://adnfrancais.org> <http://frenchdna.org>

Beaugrand, J. (2008a). Analyse de l'haplogroupe de Catherine Pillard. Blogue du 23 mai 2008: <http://adnhf.blogspot.com>

Beaugrand, J. (2008b). A note on the haplogroup of Catherine Pillard. Blogue du 23 août 2008: <http://adnhf.blogspot.com>

Brown M.D., Hosseini S.H., Torroni A., Bandelt H.J., Allen J.C., Schurr T.G., Scozzari R., Cruciani F. & Wallace D.C. (1998). "mtDNA haplogroup X: An ancient link between Europe/Western Asia and North America?" *American Journal of Human Genetics*, 63, 1852-1861.

Derbeneva, O.A., Starikovskaya, E.B., Wallace, D.C. & Sukernik, R.I. (2002). *American Journal Human Genetics*, 70, 1009-1014.

Ducharme, P. (2008). Appel à la descendance féminine de Catherine Pillard. *Mémoires de la Société généalogique canadienne-française*, 59(1), 28-29.

FTDNA: Family Tree DNA: <http://familytreedna.com>

GENBANK of National Center for Biotechnology Information  
<http://ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/index.html>

Genographic project of the National Geographic Society:  
<https://genographic.nationalgeographic.com/genographic/index.html>

ISOGG: International Society of Genetical Genealogy: <http://ISOGG.org> ;  
rubrique "Ancient DNA".

Lussier, R.F., King-McMahon, T. & Robitaille, J. (2007). Catherine Pillard: Fille du Roi, Algonquienne d'ascendance sibérienne, née en France vers 1651 ... Où est l'erreur ...? *Le Chaînon*, 25(3), 25-35.

Perego, U.A., & al. (2009). Distinctive Paleo-Indian Migration Routes from Beringia Marked by two Rare mtDNA Haplogroups. *Current Biology*, 19, 1-8.

PhyloTree.org: voir van Oven & Kayser (2009).

Stanford, D. & Bradley, B. (2006) "The Solutrean-Clovis connection: reply to Straus, Meltzer and Goebel." *World Archaeology*, 38, 704-714.

Straus, L.G. (2000). "Solutrean Settlement of North America? A Review of Reality". *American Antiquity*, 63, 7-20.

Tamm & al. (2007). Beringian Standstill and Spread of Native American Founders. PLoS ONE, <http://plosone.org> September 2007(9), E829.

van Oven, M. & Kayser, M. (2009). Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. Humane Mutations, 30(2), E386-E394. <http://phylotree.org>

Volodko & al. (2008). Mitochondrial Genome Diversity in Arctic Siberians, with Particular Reference to the Evolutionary History of Beringia and Pleistocenic. American Journal of Human Genetics, doi:10.1016/j.ajhg.2008.03.019 <http://download.ajhg.org/AJHG/pdf/PIIS000292970800253X.pdf>

**Le texte original a été publié en juin 2009 dans le  
Trait d'Union Charron-Ducharme,  
Bulletin de l'Association des Charron et Ducharme inc.  
Vol. 16 No. 3, page 10.**

**Tableau I.** Comparaison de certaines variations présentes dans l'ADN mitochondrial des descendants de Catherine Pillard, à celles de tribus ouraliennes, japonaises et amérindiennes du même haplogroupe. Cette comparaison montre que la variation T16227C présente chez Catherine Pillard est aussi présente chez plusieurs individus des peuples de l'Oural, mais jamais chez les amérindiens. Ce tableau repose sur l'article de Tamm & *al.* (2007), en particulier sur les données supplémentaires s003.cn et, à un moindre degré, sur les résultats publiés par Derbeneva & *al.* (2002). Légende: (+) variation toujours présente; (-) variation toujours absente; (±) toujours présente sauf chez les amérindiens Kuna et Embera; (-\*) toujours absente sauf dans 3 cas sur 262 examinés chez les amérindiens Embera.

	Variations HVRI						
	C16111T	C16223T	T16227C	C16290T	T16311C	G16319A	T16519C
<b>Catherine Pillard</b>	-	+	+	+	+	+	+
<b>Taimyr</b>	-	+	+	+	+	+	+
<b>Nganasan</b>	-	+	+	+	+	+	+
<b>Mansi</b>	-	+	+	+	+	+	+
<b>Tajiki &amp; Dolgan</b>	-	+	+	+	+	+	+
<b>Selkup</b>	-	+	+	+	+	+	+
<b>Japonais</b>	-	+	-	+	+	+	+
<b>Amérindien</b>	±	+	-	+	-*	+	+

pjb 20090531



**Figure 1.** Localisation encadrée des tribus de l'Oural mentionnés au Tableau I. La capacité de digérer le lactose serait apparue génétiquement dans la partie Sud-ouest de cette région, pour ensuite se propager plus au Nord et à l'Ouest vers l'Europe (Ingram & al., 2009). Sont aussi illustrées les probables trajectoires de peuplement et de migration qu'a suivi l'ADN mitochondrial A, depuis son apparition chez une femme N vivant entre les mers Caspienne et d'Aral (Kazakhstan actuel; d'après le projet Genographic). Le trajet passe directement au Nord à travers la Russie, suivant le versant ouest de la chaîne de l'Oural qui, par convention, délimite l'Europe et l'Asie. Le cercle marqué K indique la région où serait apparue la civilisation du tumulus (kourganes) des Hittites qui déferla sur toute l'Europe 3000 ans avant notre ère. Pjb 20090602