

PREMIÈRE DANS LES ALPES **UNE ÉTUDE ALLIANT** **LA GÉNÉALOGIE** **GÉNÉTIQUE À L'HISTOIRE** **ET LA GÉNÉALOGIE** **MÉDIÉVALES**

Panorama exhaustif de l'ADN-Y des familles vivant
au XIII^e siècle dans les vallées du Trient et de l'Eau Noire
Finhaut, Salvan, Trient, Vernayaz, Valais (Wallis), Suisse
Vallorcine, Haute-Savoie, France

Par Raymond Lonfat



PREMIÈRE DANS LES ALPES **UNE ÉTUDE ALLIANT** **LA GÉNÉALOGIE** **GÉNÉTIQUE À L'HISTOIRE** **ET LA GÉNÉALOGIE** **MÉDIÉVALES**

Panorama exhaustif de l'ADN-Y des familles
vivant au XIII^e siècle dans les vallées
du Trient et de l'Eau Noire
Finhaut, Salvan, Trient, Vernayaz,
Valais (Wallis), Suisse
Vallorcine, Haute-Savoie, France

Par Raymond Lonfat¹

1. Citoyen médiéviste amateur. Je ne suis pas employé de FamilyTreeDNA et je ne perçois aucune rémunération de leur part. Je suis bénévole et j'ai consacré une partie de mon temps libre et de mes ressources à retrouver et déterminer, par la recherche médiévale, les tests et l'analyse génétiques, des informations sur les ancêtres paternels anciens des familles des vallées du Trient et de l'Eau Noire, Finhaut, Salvan, Trient, Vernayaz, Valais (Wallis) en Suisse, et Vallorcine (Argentières), Haute-Savoie en France. (www.vallee-trient.ch).

Photo de couverture: la mer de nuages enveloppe la vallée du Trient tout comme la brume de la mémoire perdue obscurcit la réalité historique... Avant l'avènement de la génomique.

PARTIE I²

CONTRIBUTEURS³

Nicolas Carrier⁴, Iain McDonald⁵, Dave Vance⁶

Cet article se veut accessible au grand public.

Ce texte est traduit de l'anglais qui fait foi.

2. Les parties II, III, IV jusqu'à XXII couvriront l'analyse de 51 familles, regroupées en 21 clusters.

3. Par ordre alphabétique. La contribution de nombreux administrateurs de divers projets d'haplogroupes et de sous-haplogroupes se trouvera principalement dans les parties II, III, IV jusqu'à XXII.

4. Professeur d'histoire du Moyen Âge, université Lyon 3.

5. Administrateur bénévole du projet Y-DNA de l'haplogroupe R-U106, PhD, astrophysicien, auteur de *Phylogeography of R-U106*, 2026. Orcid iD 0000-0003-0356-0655.

6. General Manager de FamilyTreeDNA.



Trient et l'arrivée au col de la Forclaz
au XIX^e siècle.

RÉSUMÉ

Huit siècles de continuité : la première étude d'ADN-Y ancrée dans les archives médiévales alpines.

Alors que l'ADN autosomal de parenté s'estompe progressivement au fil des générations, le chromosome Y (ADN-Y) permet d'identifier des parents proches et des lignées patrilineaires lointaines en remontant dans le temps, et par conséquent de localiser des ancêtres communs les plus récents (MRCA), proches ou éloignés, sur la lignée paternelle. Les noms de famille, parfois identiques depuis le milieu du ^{xiii}^e siècle, ont pu changer plusieurs fois au fil des temps. Dans ce type d'analyse, il est essentiel de retracer leur évolution avec précision. De même, une bonne compréhension du contexte historique dans lequel vivaient les familles analysées, ainsi que de leur positionnement social, est indispensable pour mener à bien une telle étude.

Pour la première fois dans les Alpes, grâce à la conservation d'archives essentielles datant du ^{xiii}^e et du début du ^{xiv}^e siècle, un ouvrage a été publié en 2010, retraçant de manière exhaustive les débuts de l'histoire médiévale de toutes les familles d'une région spécifique : les vallées du Trient et de l'Eau Noire⁷. En associant cette étude à la génomique, une science en plein essor, il devient possible d'établir une comparaison entre les généalogies médiévales, souvent imprécises (les registres des naissances, mariages et décès n'existent pas avant 1600 dans la région étudiée), et les familles, notamment les macro-familles, révélées par la génomique et les résultats de l'ADN-Y. Cela offre un éclairage inédit sur l'histoire génétique et les migrations au sein de cette région alpine.

Cette étude présente un inventaire complet et exhaustif de l'ADN-Y de 51 familles actuelles, dont les ancêtres patrilineaires, révélés dans les archives médiévales, étaient déjà présents dans ces vallées au ^{xiii}^e siècle. Nous avons analysé l'ADN-Y 700 de plus de 200 participants⁸, et en avons sélectionné plus de 150, tous descendants de ces familles par des lignées paternelles indépendantes établies entre 1200 et aujourd'hui.

Nos recherches confirment la cotransmission des chromosomes Y et des noms de famille au sein de ces lignées, ce qui nous permet de définir un haplotype Y correspondant à chaque nom de famille. Nous avons constitué une base de données solide, en génotypant chaque participant sur un maximum de 838 marqueurs Y-STR et en les recoupant avec le plus grand arbre haplogénétique d'ADN-Y au monde, issu de la vaste base de données de FamilyTreeDNA. Nous les comparerons également ultérieurement à ceux de plus de 650 participants du projet ValaisADN-WallisDNA, Suisse. Lorsque pertinent, cette étude pourra

7. Cf. Bibliographie, Raymond Lonfat, **vol. I**, *L'erba, Histoire de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, des origines jusqu'en 1349, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2010. Raymond Lonfat, **vol. II**, *L'erba, Familles de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, des origines jusqu'en 1349, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2010. Raymond Lonfat, **vol. III**, *L'erba, Histoire de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, un monde vide en crise et sa lente reconstruction, de 1350 jusqu'à vers 1475, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2021 (Non publié). Raymond Lonfat, **vol. IV**, *L'erba, Familles de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, un monde vide en crise et sa lente reconstruction, de 1350 jusqu'à vers 1475, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2021 (Non publié).

8. Nous avons dû tester des familles vivant dans certains villages entourant les vallées du Trient et de l'Eau Noire, afin de détecter d'éventuelles familles locales qui seraient passées inaperçues à l'époque médiévale, et qui subsistent encore aujourd'hui sous des noms de famille différents.

être complétée et renforcée à l'avenir par les marqueurs autosomiques et mitochondriaux (ADN-mt) déjà disponibles.

Les 51 familles sont regroupées en 21 clusters. De nombreuses macro-familles ont été identifiées, dont deux comptant neuf patronymes et plusieurs en comptant quatre ou cinq. Chaque cluster fait l'objet d'un document dédié comprenant un rappel historique médiéval, un compte rendu anonymisé des tests entrepris, une comparaison des résultats génétiques avec la généalogie médiévale, une recherche de parents proches en dehors des deux vallées, et une comparaison avec l'ADN-Y ancien. Les discontinuités patronymiques (SDE) survenues au fil des siècles sont précisément documentées, ce qui permet de mettre en évidence la corrélation entre l'ADN-Y patrilinéaire et le nom de famille final. Nous déterminons les ancêtres communs les plus récents (MRCA) à différentes périodes. Nous présentons ces informations détaillées pour chaque sous-haplogroupe spécifique englobant ces structures familiales plus larges, offrant des indices remarquables quant à la période à laquelle vivaient ces ancêtres communs, la région où ils résidaient et, par conséquent, les mouvements migratoires les plus récents de leurs descendants.

Ce travail offre le premier panorama du paysage génétique et de la structure globale des haplogroupes au sein de ces deux vallées alpines.

« C'est de l'histoire vivante, qui relie directement les gens à leurs ancêtres du XIII^e siècle et confirme les récits fondateurs de la communauté grâce à la science moderne⁹. »



Vers 1900, un hameau du village de Trient abritant la scierie hydraulique.

9. Christian Rottensteiner (chercheur en populations alpines : phylogénétique et haplogroupes, admixture [mélange] et histoire; Orcid iD 0000-0002-3069-2154) a relu la structure et la composition de l'un des premiers clusters actuellement mis en place. Sa contribution a été précieuse.

TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ	4
I • INTRODUCTION Dave Vance	7
II • DES GÈNES AUX PARCOURS : EXTRAIRE LES SCHÉMAS MIGRATOIRES DE L'ADN Iain McDonald	9
III • LIMITES GÉOGRAPHIQUES	12
IV • OCCUPATION DES VALLÉES DU TRIENT ET DE L'EAU NOIRE AU FIL DES ÂGES	15
V • SEIGNEURS DES VALLÉES DU TRIENT ET DE L'EAU NOIRE	17
VI • COMMUNAUTÉS PAYSANNES DANS LE CADRE DES SEIGNEURIES DE SAINT-MAURICE ET DE CHAMONIX Nicolas Carrier	25
VII • CRÉATION DES NOMS DE FAMILLE HÉRÉDITAIRES MÉDIÉVAUX, UN PROCESSUS DE TRANSFORMATION MULTIPLE	28
VIII • LES FAMILLES AVANT ET APRÈS LA PESTE NOIRE DANS LES VALLÉES DU TRIENT ET DE L'EAU NOIRE	31
IX • MÉTHODE D'ÉCHANTILLONNAGE GÉNÉTIQUE	35
X • PANORAMA EXHAUSTIF DE L'ADN-Y DES FAMILLES ANCIENNES DES VALLÉES DU TRIENT ET DE L'EAU NOIRE – FINHAUT, SALVAN, TRIENT, VERNAYAZ, VALAIS (WALLIS), SUISSE – VALLORCINE, HAUTE-SAVOIE, FRANCE	37
XI • POPULATIONS EN MOUVEMENT ET DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE	46
XII • FORCES DE L'ANALYSE	51
XIII • CORRÉLATION ENTRE LES RÉSULTATS ADN-Y ET MÉDIÉVAUX	53
XIV • CONCLUSION	56
ANATOMIE DE L'HISTOIRE D'UN CLUSTER	58
LIMITES DE L'ÉTUDE	59
PERSPECTIVES FUTURES	60
REMERCIEMENTS ET RECONNAISSANCE	61
BIBLIOGRAPHIE ET RÉFÉRENCES	62
GLOSSAIRE (ACRONYMES ET ABRÉVIATIONS)	63
FINANCEMENT	65

I • INTRODUCTION

DAVE VANCE¹⁰

Ambrose Bierce disait un jour, avec ironie, que la généalogie n'est rien d'autre qu'« *un récit de la descendance d'un ancêtre qui ne se souciait guère de retracer la sienne* ». Pour quiconque tente de reconstituer une lignée familiale à travers les sommets escarpés et grandioses des Alpes, une approche strictement documentaire est la recette assurée d'un casse-tête généalogique, voire d'une légère crise existentielle. Les documents ont été rédigés par des gens qui ne nous imaginaient pas, dans des langues qui ont depuis évolué, par des scribes dont l'orthographe peut être décrite, au mieux et fort poliment, comme créativement personnelle.

Dans des lieux aussi profondément reculés que les vallées du Trient et de l'Eau Noire, un arbre généalogique documenté ne suffit que rarement à lui seul. Les registres paroissiaux de naissances, mariages et décès ne remontent souvent pas au-delà de la fin du Moyen Âge dans cette région, ce qui efface d'emblée certains des siècles les plus intéressants. Et même lorsqu'un chercheur a la chance de mettre la main sur une charte ou un rôle fiscal ancien, en comprendre le sens exige une solide connaissance des normes culturelles locales et des mouvements particuliers des sous-populations à travers ces vallées étroites. Même durant la période charnière où les noms de famille se fixaient dans la région, les paysans alpins médiévaux, comme dans bien d'autres régions du monde à cette époque, pouvaient changer de nom de famille deux ou trois fois au cours d'une même vie, sans compter l'usage de variantes d'un même nom qui ne sont pas toujours des dérivations évidentes pour les chercheurs actuels.

Sans une bonne compréhension des normes et pratiques culturelles locales, les seules preuves documentaires traditionnelles pourraient allègrement conduire le chercheur imprudent tout droit au bord d'une falaise alpine. Et même les preuves culturelles et généalogiques écrites parvenues jusqu'à nous peuvent ne pas suffire à démêler la confusion et à formuler des conclusions étayées sur les liens unissant nos ancêtres. C'est là que l'ADN – n'importe quel ADN, en réalité, qu'il s'agisse de l'ADN-Y, de l'ADN mitochondrial ou même de l'ADN autosomal – peut éclairer notre chemin à travers cette confusion.

C'est précisément la raison pour laquelle les groupes familiaux résidant dans ces vallées suisses isolées constituent un terrain de recherche aussi idéal. Leur géographie impitoyable a favorisé un isolement physique et culturel profond, limitant sévèrement les flux génétiques externes sur de nombreux siècles. Ces vallées ont fonctionné, en réalité, comme de véritables laboratoires naturels, préservant les lignées d'ADN-Y anciennes et les noms de famille fondateurs qui leur sont associés avec une fidélité qui aurait été impossible dans les basses terres plus cosmopolites et fréquentées, où les lignées ont été continuellement diluées et brassées.

10. Dave Vance, General Manager de FamilyTreeDNA.

L'étude Première dans les Alpes constitue, à cet égard, un véritable exercice de maîtrise dans la navigation d'une histoire complexe. Elle renforce l'application rigoureuse de méthodes structurées et refuse poliment de prendre la documentation médiévale pour argent comptant. En testant plus de 200 descendants masculins avec le test Big Y-700, à la plus haute résolution disponible, le projet réalise une intégration minutieuse et sans précédent de la généalogie génétique moderne avec la recherche historique et onomastique traditionnelle. La thèse sous-jacente est simple : pour parvenir à des conclusions pleinement étayées, les deux disciplines doivent être tissées ensemble plutôt que consultées isolément. La génétique fournit la vérité biologique fondamentale ; la documentation médiévale fournit le contexte culturel qui nous indique ce que cette vérité signifie réellement. Ni l'une ni l'autre, seule, ne suffit.

En fin de compte, Première dans les Alpes constitue un exemple convaincant de la façon dont l'analyse familiale génétique de familles et de micro-populations peut transformer notre travail. En exploitant l'ADN-Y, le gardien ultime des registres patrilinéaires, et en combinant cette preuve génétique avec les preuves documentaires traditionnelles, nous pouvons étendre notre compréhension des liens entre ancêtres sur de nombreuses générations. Cette approche nous permet de renouer avec ces ancêtres de façon bien plus sûre, et bien plus intime, que ce qui serait jamais possible en s'appuyant uniquement sur les preuves documentaires rares et fragiles ayant survécu aux ravages du temps, du feu, des inondations, et de l'occasionnel archiviste distrait. Des travaux tels que ceux qui constituent Première dans les Alpes nous enseignent donc, nous guident, nous stimulent, et finalement nous invitent à élargir notre champ de recherche vers de plus vastes horizons¹¹.



11. À compléter et renforcer à l'avenir par les marqueurs autosomiques et mitochondriaux, lorsqu'ils sont informatifs.

II • DES GÈNES AUX PARCOURS : EXTRAIRE LES SCHÉMAS MIGRATOIRES DE L'ADN

IAIN
MCDONALD¹²

De l'haplotype à la terre d'origine : comment l'ADN-Y réécrit la carte des migrations

Pour aider le lecteur non spécialiste à s'approprier ce changement de perspective, j'ai invité Iain McDonald – administrateur bénévole du projet R-U106 et auteur de l'ouvrage de référence sur sa phylogéographie – à expliquer, dans ses propres mots, comment la généalogie génétique reconstitue les migrations là où les archives papier se taisent.

La généalogie génétique représente un ajout puissant aux méthodes généalogiques traditionnelles, mais son utilisation exige un changement de mentalité par rapport à la vision généalogique classique.

Tout d'abord, la généalogie génétique retrace l'arbre généalogique génétique, et non l'arbre social. Prenons l'exemple d'un enfant trouvé, abandonné sur le pas d'une porte et élevé par une famille qui n'est pas la sienne. Il se peut qu'il n'existe aucune trace écrite d'une telle adoption, si bien qu'un arbre généalogique traditionnel pourrait indiquer les parents adoptifs comme étant les parents réels, mais un arbre généalogique génétique retracera ses parents biologiques. Cela peut s'avérer très utile pour corriger un arbre généalogique – non seulement en cas d'adoptions cachées, mais aussi de parents mal attribués lorsque les généalogies sont incorrectes ou incomplètes. De tels cas concernent non seulement des registres généalogiques de mauvaise qualité, mais aussi l'identification d'enfants issus de mariages précédents, etc.

Cela peut également s'avérer utile pour repérer les enfants nés hors mariage. Il ne faut pas s'étonner que nos ancêtres aient été tout aussi « portés sur la chose » que les gens d'aujourd'hui et, en l'absence de contraception fiable, bon nombre d'enfants doivent leur existence à une rencontre clandestine derrière une meule de foin. Les tests génétiques permettent également de détecter l'infidélité : parfois, le père n'est pas vraiment le père !

Nous appelons cette situation un « événement de non-paternité », ou NPE, mais un terme plus large, qui tient compte du caractère incomplet des registres généalogiques, est « ce n'est pas le parent attendu ». Nous avons tous ce genre de particularités dans notre arbre généalogique. Loin d'être une source de honte, ce sont des réalités bien humaines, qui font partie de la riche tapisserie de la vie et, littéralement, de ce qui fait de nous... nous. Mais cela signifie qu'au fil des siècles, l'arbre généalogique génétique d'une personne s'éloignera de son arbre généalogique documentaire. Les taux typiques sont de l'ordre de 1 à 2 % à chaque lien parent-enfant, et bien davantage si la généalogie de départ est déjà peu fiable !

¹² Iain McDonald, administrateur bénévole du projet Y-DNA de l'haplogroupe R-U106, PhD, astrophysicien, auteur de *Phylogeography of R-U106*, 2026.

L'autre grande différence de la généalogie génétique réside dans sa perspective à long terme. Les tests d'ADN autosomal sont les plus courants et permettent de révéler l'origine ethnique élargie d'une personne ainsi que ses cousins proches sur quelques générations. Pour aller plus loin, on peut utiliser les tests du chromosome Y et de l'ADN mitochondrial (ADN-Y et ADN-mt), qui remontent respectivement les lignées masculine et féminine. Ici, on quitte le territoire des arbres généalogiques finement dessinés, génération par génération. On peint plutôt à grands traits, à la recherche de pays ou de continents ancestraux, et le temps se compte en siècles ou en millénaires. Ces tests portent sur l'ascendance profonde, retraçant les origines des noms de famille et suivant le parcours d'un ensemble particulier d'ancêtres depuis les premiers temps de l'humanité moderne jusqu'à aujourd'hui.

Tous les tests ADN fonctionnent non pas en comparant les personnes à des registres existants, mais en les comparant entre elles. Par conséquent, nous ne disposons d'informations que lorsqu'une famille laisse plusieurs descendants. Dans le cas de l'ADN-Y, cela suppose qu'un père ait eu deux fils, tous deux ayant survécu et engendré une descendance encore vivante et testable aujourd'hui. Si seule la famille d'un des deux fils a survécu, on ne peut rien apprendre de cette génération grâce à l'ADN-Y. Et la plupart des lignées finissent par s'éteindre : une fonction mathématique appelée processus de Galton-Watson établit que, dans une population stable, 95 % des noms de famille disparaissent dans les 500 ans suivant leur création (davantage pour une population en déclin, moins pour une population en expansion).

Explorer les origines par la généalogie génétique de l'ADN-Y consiste donc à faire correspondre des groupes de testeurs partageant des résultats génétiques communs (haplogroupes), et à rechercher les similitudes entre eux. Si un haplogroupe de niveau familial s'est formé il y a 500 ans et ne se retrouve qu'en Suisse, il y a de fortes chances que son ancêtre commun d'il y a 500 ans ait vécu dans la Suisse actuelle. Peut-être appartiennent-ils à un haplogroupe plus large, formé il y a 1 000 ans, comptant également des testeurs en Allemagne. Dans ce cas, une partie de la famille s'est probablement déplacée entre l'Allemagne et la Suisse (mais on ignore dans quel sens). Cependant, les indices tirés de la répartition d'un haplogroupe sont généralement plus difficiles à interpréter.

Ce type de fragments d'information dresse un tableau très flou des mouvements d'une famille au fil du temps. C'est pourquoi la reconstitution de ces mouvements a parfois été comparée, par le passé, à de la « boule de cristal ». Cependant, le nombre bien plus important de personnes réalisant aujourd'hui des tests d'ADN-Y (et d'ADN-mt) fait progressivement sortir la science de la reconstitution des parcours ancestraux du domaine de la pseudo-science pour l'ancrer dans les faits scientifiques.

Par exemple, je suis moi-même issu d'une longue lignée de paysans et de mineurs. Ma propre lignée masculine remonte à un mariage célébré en 1791 dans l'Aberdeenshire, au nord-est de l'Écosse. Mon ADN-Y correspond à celui d'autres personnes portant mon nom de famille sur plusieurs siècles avant cette date, ce qui m'indique que mon nom de famille n'a pas changé dans les siècles précédant 1791. Je correspond également à des personnes portant d'autres noms de famille dans la région d'Aberdeen, ce qui m'indique que l'origine de mon nom de famille se situe probablement près d'Aberdeen, où mes ancêtres vivaient

vers les années 1400. Avant cela s'étendent quelques milliers d'années de toile encore vierge, où nous attendons que d'autres testeurs viennent y ajouter des touches de couleur, mais il est probable que mes origines se situent dans le nord ou l'est de la France et, avant cela encore, dans le sud de l'Allemagne, puis finalement en Tchéquie. Il n'est pas impossible que certains de mes ancêtres aient cultivé une vallée alpine, il y a fort longtemps, à l'âge du bronze.

L'ADN ancien (archéologique) peut également apporter quelques touches de couleur à ces parcours ancestraux. Il existe désormais des milliers d'échantillons d'ADN ancien publiés dans des centaines d'articles, qui ont permis de cartographier les migrations aussi bien des humains que de la peste bubonique, en identifiant et en retraçant des mouvements de population que l'ADN moderne est incapable de différencier. L'ADN ancien n'est cependant pas non plus une panacée, car il ne dispose ni du nombre de testeurs ni de la précision des tests ADN modernes. Personnellement, j'ai la chance de disposer de deux tests ADN qui situent avec certitude mes ancêtres il y a 4 000 à 5 000 ans, près de la Bohême. Le plus récent des deux, un individu nommé PNL001, est très proche de l'ancêtre de R-L151, un haplogroupe qui représente la majorité des hommes tant en Suisse que dans l'ensemble de l'Europe occidentale¹³.

Le niveau de détail de ma propre histoire est plutôt représentatif. Certains hommes ont plus ou moins de chance. On peut généralement établir avec certitude si les ancêtres néolithiques d'un homme étaient des chasseurs-cueilleurs européens, des agriculteurs venus d'Anatolie, ou des cavaliers envahisseurs venus des steppes asiatiques. On peut souvent formuler une hypothèse raisonnable quant à savoir si l'ascendance classique d'une personne est probablement germanique, celte ou romaine, mais la capacité à identifier des tribus précises nous échappe encore. On parvient généralement à combler certains détails pour l'époque médiévale, mais cela dépend fortement de chaque famille.

Il est important de garder à l'esprit à quel point ces reconstitutions reposent encore largement sur des conjectures et sur des méthodes d'interprétation des données qui en sont encore à leurs balbutiements. Il s'agit d'un domaine émergent, où de nouvelles découvertes font évoluer les idées chaque année – mais c'est aussi ce qui en fait tout l'intérêt ! Il faut néanmoins comprendre que la reconstitution des migrations par l'ADN-Y pousse souvent les données disponibles jusqu'aux limites de ce qu'elles peuvent nous dire, de sorte que certaines interprétations sont susceptibles d'être erronées en raison du caractère incomplet de ces données. Les grands traits que nous connaissons aujourd'hui continueront de dessiner le même tableau d'ensemble, mais l'interprétation de l'histoire familiale d'un individu peut évoluer à mesure que de nouvelles données viennent préciser une lignée en particulier. Nous pouvons espérer que l'avenir nous permettra de mieux nous souvenir de notre passé.



13. Voir par ex. : M. Zieger et S. Utz, 2020, FSI: Genetics, 48, 102345 ; <https://doi.org/10.1016/j.fsign.2020.102345>.

III • LIMITES GÉOGRAPHIQUES

« Là où deux rivières se rencontrent, deux destins se séparent. »

La vallée du Trient se situe dans le canton du Valais (Wallis), en Suisse. Son nom vient de la rivière du Trient, bien que la partie supérieure de la vallée soit traversée par l'Eau Noire, qui prend sa source dans le département de la Haute-Savoie, en France, en amont du village de Vallorcine. En réalité, les deux vallées n'en forment qu'une seule, l'une se jetant dans l'autre.

Le destin des populations vivant dans cette région est resté étroitement lié au fil des siècles. Certaines familles faisant partie de l'étude, étroitement apparentées à des familles de Vallorcine, sont originaires d'un village situé en dehors de cette zone, Argentière, dans la Haute Vallée de l'Arve.

De manière générale, la zone d'étude a été divisée en deux zones distinctes : la vallée du Trient, à l'est et au sud-est, circonscrite entre Vernayaz et Finhaut, et la vallée de l'Eau Noire, à l'ouest et au sud-ouest, circonscrite entre Finhaut et Vallorcine.

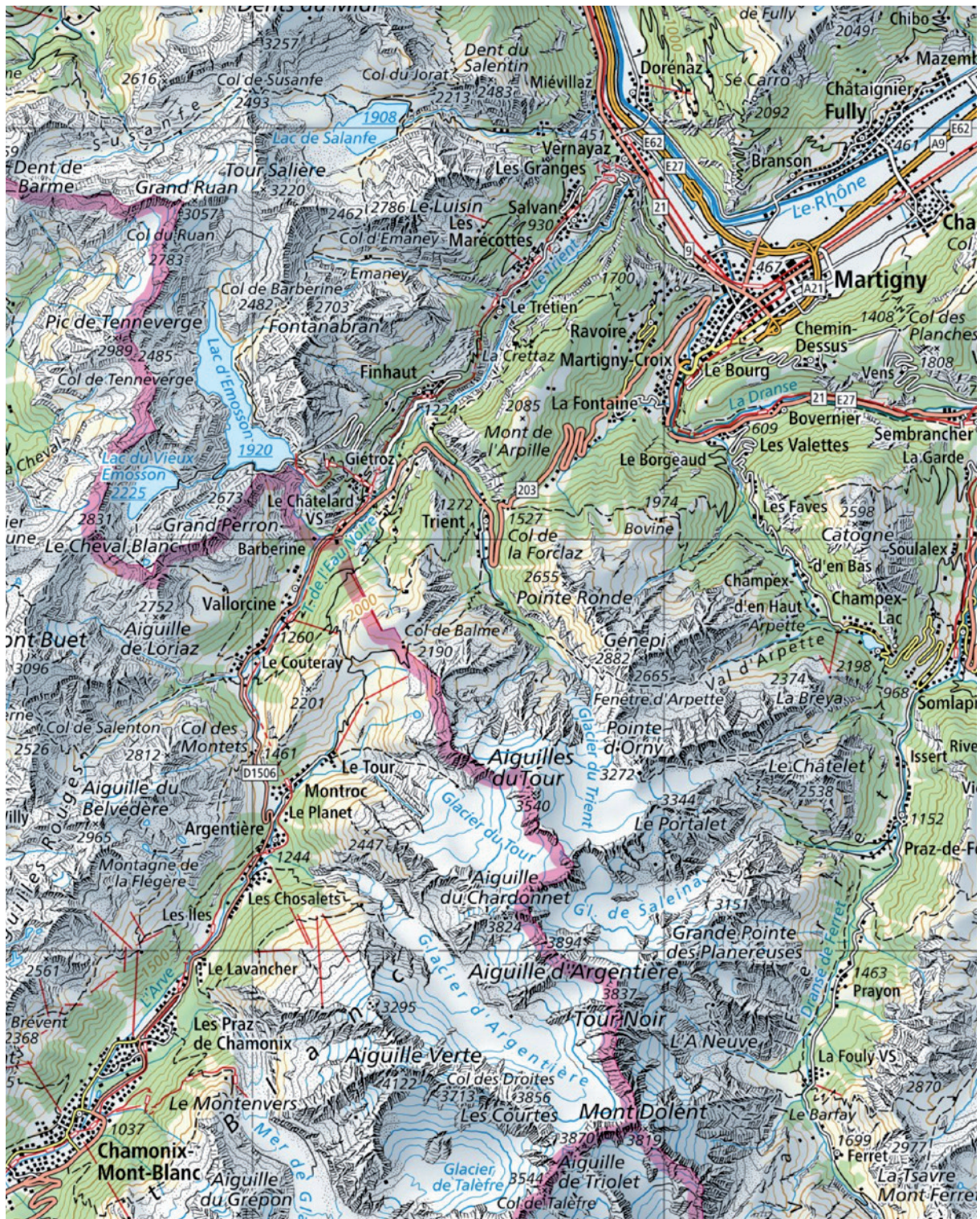
↓ Carte de la Suisse, vallées du Trient et de l'Eau Noire.



Dans la toponymie contemporaine, parfois peu soucieuse de la vérité du terrain, cette région du canton du Valais est connue sous le nom de « Vallée du Trient ». En réalité, la zone supérieure de la vallée se trouve dans la vallée de l'Eau Noire. En effet, une large portion du territoire de la commune de Salvan, la majeure partie du territoire de la commune de Finhaut et de ses hameaux, Châtelard et

Giétroz, surplombent et bordent la rive gauche de cette rivière. Il en va de même pour une masse de terre du territoire de la commune de Trient, avec le hameau des Jeurs, situé entièrement sur la rive droite de l'Eau Noire. Quant à Vallorcine, tout son territoire se déverse dans cette rivière, déjà nommée *aqua nigra* en 1264.

↓ Les vallées du Trient et de l'Eau Noire, de Vernayaz jusqu'à Vallorcine (carte suisse).



À l'époque médiévale, pour relier les vallées du Rhône et de l'Arve, les vallées du Trient et de l'Eau Noire offrent une alternative au col de la Forclaz. Cependant, cette route semble peu engageante pour les voyageurs de passage : la vue des gorges du Trient depuis Ottanel (Vernayaz, dans la plaine du Rhône) est inquiétante. Plus haut, la coupure brutale du Triège impose un détour.

À cette époque, le chemin le plus évident et le plus court est le col de la Forclaz, qui mène à la zone encore inhabitée de Trient. Puis, en empruntant le sentier classique des *Tseppes*, longeant les mines de fer déjà exploitées à la fin de l'époque romaine, on atteint le col de Balme avant de redescendre vers Le Tour, à la source de l'Arve. Plus tard, un chemin difficile et dangereux, sur un tronçon appelé *Maupas*, reliera Trient à Vallorcine.

↓ La vallée de l'Eau Noire, de Finhaut à Vallorcine (*L'erba*).



IV • OCCUPATION DES VALLÉES DU TRIENT ET DE L'EAU NOIRE AU FIL DES ÂGES

« Avant les archives, les pierres se souviennent. »

Il est probable que les premiers campements permanents aient occupé le Mont de Salvan vers la fin du néolithique.



Des roches à cupules, des centaines de gravures rupestres à Salvan et ailleurs dans la vallée (aujourd'hui largement détruites, mais documentées graphiquement), telles que le poignard camunien du néolithique moyen de Fénéstral, sont encore visibles. Des haches en pierre polie et en bronze, des tombes à dalles du Cloesé de la Vella à Salvan, de la Combe, de la Vella des Marécottes, des figurines romaines, des fragments de vases, de céramiques, de poteries, ainsi que des pièces de monnaie romaines trouvées parfois sur les alpages, témoignent de cette ancienne présence humaine¹⁴.



14. Raymond Lonfat : cf. **vol I. L'erba, Histoire de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, des origines jusqu'en 1349, Salvan, Finhaut, Vernayaz.** 2010. Cf. chap. *Les premiers visiteurs*, p. 36 ss., qui fournit un inventaire assez complet des découvertes archéologiques identifiées dans la région.

La hache de bronze retrouvée dans la forêt du Triège, près des *Peutex*, atteste-t-elle d'une occupation permanente durant cette période ? L'analyse des pollens retrouvés dans les tourbières du Tour et des Houches suggère l'existence d'une agriculture céréalière entre 2700 et 2300 av. J.-C. Des vestiges de l'époque romaine — des figurines, un dupondius très usé de l'empereur Néron (54-68), une magnifique clé en fer à poignée de bronze représentant une panthère bondissante, trouvée à Miéville, des fragments de vases, de céramiques, de poteries, des gobelets sigillés augustéens trouvés sur *le Perron* des Marécottes vers 1970, une pièce de Divus Augustus trouvée sur le chemin de Van en 1991, une pièce de bronze romaine de Germanicus, frappée sous Caligula (37-38), trouvée près de la frontière au Châtelard, et un antoninien de Claude II, dit Claude le Gothique, empereur de 268 à 270, trouvé sur le chemin non loin du *Tsanté di Dàlys*, sous *la Louye Dèjo* — témoignent-ils eux aussi de la présence d'habitants bien établis dans la vallée ? Près du col des Montets, à Vallorcine, sous un petit abri rocheux, une douzaine de morceaux de cristal de roche et un dépôt de pièces de bronze romaines ont été retrouvés. Au *Scex de la Vella*, aux Marécottes, deux tombes ont été observées, disposées presque côte à côte, selon une orientation ouest-est. Ces petites nécropoles pourraient avoir contenu des sépultures à la fois de La Tène et gallo-romaines. Elles témoignent de la présence d'une population durablement installée dans la région.



Ci-dessus : une pièce de monnaie de l'empereur Claude II (46-48 apr. J.-C., perdue et trouvée en 1990 dans une tombe de la nécropole de l'antiquité de Martigny. Diamètre 3,4 cm. (Photographie Archéologie cantonale, François Wille, Martigny). En bas : Trouvée près de la frontière du Châtelard, une monnaie en bronze de Germanicus, frappée sous Caligula (37-38) (collection Pierre-Alain Bezat).



Pièces romaines. En haut : profil de l'empereur Claude II (46-48 apr. J.-C.) frappé sur un sesterce trouvé en 1990 dans une tombe de la nécropole de l'antiquité de Martigny. Diamètre 3,4 cm. (Photographie Archéologie cantonale, François Wille, Martigny). En bas : Trouvée près de la frontière du Châtelard, une monnaie en bronze de Germanicus, frappée sous Caligula (37-38) (collection Pierre-Alain Bezat).



que des stations de plateau [...]. Ces sites n'ont pas livré d'art paréadoles, par contre, de nombreux objets mobiliers sont porteurs de témoignages artistiques. Les os et le galet servent de support pour différentes gravures animalières. Bien que différencié, l'outillage des nombreuses stations démontre que les post-magdaléniens continuaient à pratiquer une économie de chasseurs-cueilleurs. L'abandon progressif des abris sous roche et leur remplacement par des stations de plein air n'est certainement pas étranger à la naissance de l'art rupestre alpin. Deux des trois roches de Salvan ont livré entre autres, des motifs animaliers. Le motif 1, gravé sur la roche 1, flanc est, s'inscrit dans des dimensions suivantes : 76 x 50 cm ; la profondeur irrégulière varie entre 0,3 et 0,7 cm. Le tracé n'est pas jointif, ce ne sont plus des zones denses de piquetage : un trait continu délimite le sujet. On peut attribuer ce thème à une représentation de saut. Placé sur la roche 3, le motif 2 représente très vraisemblablement un bouquetin. Incisé sur une roche verticale où figurent entre autres, plusieurs têtes d'animaux, ce thème mesure 24 cm sur 18 cm. La profondeur du motif demeure constante : 0,3 à 0,5 cm. Les petites dimensions de l'animal ont influencé les techniques d'exécution, celles-ci diffèrent dans le cadre de ce motif. En effet, les traits dominants de l'animal sont clairement rendus. Le détail de la tête est très précis, en revanche, les auteurs négligent les jambes.

Les **stèles anthropomorphes** : deux stèles gravées se rattachant sûrement à un contexte chronologique constituent une découverte essentielle. Nous pouvons dès lors établir une typologie complète grâce à la mise en relation des zones est et sud.

La plus petite : 30 x 30 cm, présente un visage en tête de chouette. Les yeux sont en relief alors que le collier ou pendentif sont gravés ; le contour

extérieur de la gravure est signalé par un trait continu [...] le visage de la stèle Châmbave, Val d'Aoste, présente également des affinités avec la gravure de Salvan [...]. Deux gravures de Gressio (Valle d'Aoste) reprennent plusieurs fois le contour de la stèle de Salvan. Toutes ces similitudes nous permettent de rattacher cette gravure dans un contexte précampaniforme, c'est-à-dire durant le Néolithique moyen (3800-3500/3400 av. J.-C.). Mentionnons que l'étude de la plus grande stèle 60 x 170 cm n'est pas encore terminée. De visage non défini, les auteurs ont privilégié le buste pour y figurer des motifs de haches et de hallebardes. Ils nous restituent ainsi un thème d'écluse largement répandu. Nous comparons pour l'instant ce motif unique dans nos régions à la figuration camunienne du Carpe à Sellero, le tout s'inscrivant dans un cadre chronologique datable de la période du Néolithique final (2800-2600 av. J.-C.).

Une **roche à cupules** : la prospection de la roche dite Dos de l'éléphant laisserait penser que cette zone a été fréquentée durant le Néolithique ancien. Disposée sur le sommet, sur une longueur proche de 2 m pour une largeur de 0,30 m, un semis de dix-neuf cupules, d'un diamètre variant entre 3,8 et 8,2 cm, et d'une profondeur oscillant entre 0,8 cm et 2,4 cm. Deux gravures sont simplement ébauchées. Pour les dix-sept autres, il ne fait pas de doute qu'elles résultent d'une conception unique. Pour obtenir une telle identité, l'exécutant a pratiqué une seule technique en se servant d'un percuteur lourd, afin de marteler la roche et d'en polir le creux.

C'est, selon l'avis de certains spécialistes, l'ensemble le plus homogène et le mieux conservé de l'arc alpin (4200-3800 av. J.-C.) (...).

André Blain signale également des gobelets sigillés augustéens²² trouvés au Perron des Marécottes vers 1970. S'agit-il des mêmes objets ? M. Coquoz, ancien voyer de l'État valaisan, possédait deux vases augustéens provenant de la place centrale des Marécottes.

²² La sigilla est une sorte de revêtement d'argile qui semble plus tardif.

44 •  **Entre** Cadre historique



V • SEIGNEURS DES VALLÉES DU TRIENT ET DE L'EAU NOIRE¹⁵

« L'histoire se répète ; les historiens se répètent entre eux. »

(P. Guedalla, 1889-1944)

Vallées perdues ? Isolées ? Peu accueillantes pour des éleveurs et agriculteurs classiques ? À l'écart des flux migratoires, des mouvements militaires et politiques ? Elles le sont assurément. Elles sont pourtant les gardiennes d'une frontière très précise, en amont du Trient, située près de l'intersection des rivières Barberine et Eau Noire, qui à la fois divise et unit trois seigneurs !

1. LES ABBÉS DU MONASTÈRE D'AGAUNE¹⁶

La fondation du monastère d'Agaune en 515, à proximité des terres de la vallée et surtout de ses alpages, n'a pas laissé ses seigneurs abbés contempler une terre sans hommes, tant le revenu des alpages revêtait une grande importance pour l'abbaye.



Dès 856, l'abbaye passa sous le contrôle de princes séculiers. En 888, Rodolphe I^{er} fonda à Saint-Maurice le second royaume de Bourgogne, où il fut « abbé laïc ». Le 15 février 1018, le roi Rodolphe III de Bourgogne donna ou restitua divers domaines dans le comté du Valais, y compris tous les alpages de la région du Chablais. Cela comprenait certainement la rive gauche de la vallée du Trient, y compris Salvan et Ottanel. Entre 1025 et 1031, l'archevêque Bourcard II, abbé de Saint-Maurice, et l'évêque Bourcard d'Aoste, prévôt de Saint-Maurice, concédèrent à *Tipoldus*, diacre et chanoine de Saint-Maurice, ainsi qu'à ses trois fils

15. Raymond Lonfat: cf. **vol I**. *L'erba, Histoire de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, des origines jusqu'en 1349, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2010. Raymond Lonfat: cf. **vol III**. *L'erba, Histoire de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, un monde vide en crise et sa lente reconstruction, de 1350 jusque vers 1475, Salvan, Finhaut, Vernayaz* (non publié).

16. Abbaye de Saint-Maurice, Valais (Wallis), Suisse.

Durando, Harmann et Stevilio, avec l'accord du vieux roi Rodolphe et de son épouse Ermengarde, six *tènements* en divers lieux¹⁷, « et tout ce que nous l'avons vu détenir » entre les deux rivières appelées *Trioncia* et *Salontia*, et sur *Monte Salvano*, avec tous ses usages. Cette donation renforça cette emprise et montra clairement qu'un domaine comprenant plusieurs alpages était toujours habité. Bien que probablement peu peuplée compte tenu de sa géomorphologie, la vallée présentait néanmoins un intérêt économique. Elle fut temporairement « volée » à l'abbaye vers 1070 par la noble famille d'Allinges, avant d'être restituée en 1138. Confirmation supplémentaire s'il en fallait : les paroissiens du *Mont* étaient bien présents, et une chapelle existait à Ottanel (Vernayaz) en 1147.

Le territoire du monastère d'Agaune, comprenant les alpages d'Emaney, Fénéstral, Émosson et Barberine, venait buter contre la limite du pont de l'Île du Châtelard et la frontière mouvante du col de Balme. Les hommes de ce monastère exploitaient aussi l'alpage de Tenneverge, vertigineusement suspendu au-dessus du Fer à cheval de Sixt, propriété de l'abbé de Sixt et non accessible au gros bétail de ses éleveurs.

↘ Une partie du territoire du monastère, carte de 1692-1709 (L'erba).

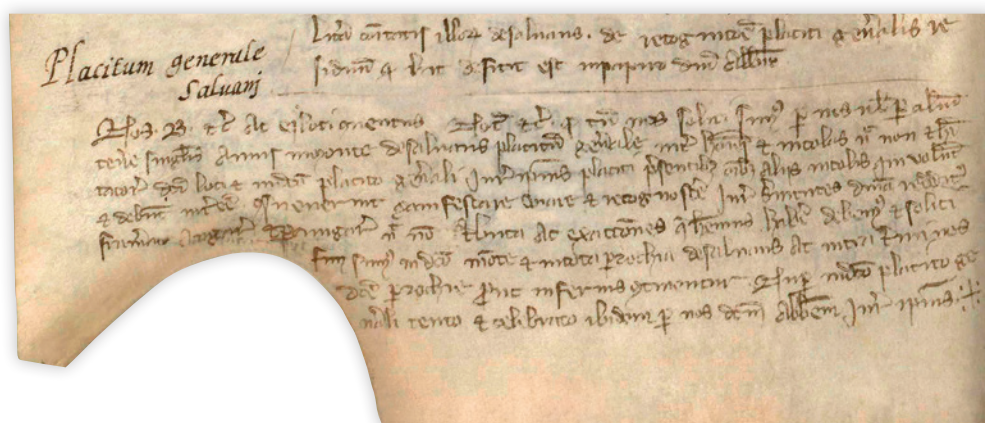


Hugo, prieur en 1137, futur abbé, Rodolphe, gestionnaire efficace et réformateur, abbé avant 1153, Bourcard, abbé en 1174, excellent défenseur des droits du monastère, Guillaume, abbé en 1179, suivi d'un autre Guillaume, à nouveau très bon gestionnaire, Gontier, abbé en 1198... Aimon, abbé en 1203... ces personnages ont sans doute joué un rôle actif dans la mise en valeur du *Mont de Salvan*.

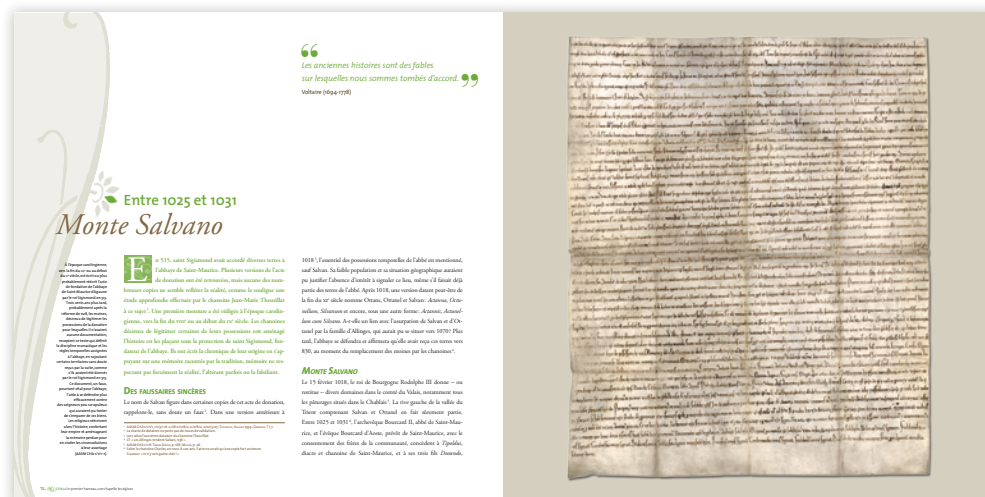
17. Bien immobilier et terre détenus sous le régime de la tenure féodale.

Les documents du XIII^e siècle donnent une image claire des terres défrichées et, par conséquent, de l'évolution de la population, de l'occupation progressive des nouveaux établissements et de la construction de leurs hameaux. En 1313, environ 580 personnes demeuraient sur la rive gauche de la vallée du Trient, alors que moins de 200 peut-être vivaient à Salvan, Le Bioley, Les Granges, Les Marécottes et Le Trétien un siècle plus tôt, tandis que Finhaut, Giétroz et Le Châtelard n'étaient pas encore habités.

↓ En 1324, un *Placitum generale*, preuve d'une communauté bien établie, un « record de coutume », est conclu à Salvan lors d'une cérémonie au cours de laquelle les hommes rendent hommage et prêtent allégeance à leur seigneur (AASM CHL 0/0/2/120).



Cette vallée, rarement empruntée pour quelque transit que ce soit en raison de sa configuration accidentée, notamment la difficile traversée du Triège, aurait pu être oubliée par l'histoire. Pourtant, le développement de la vallée a toujours impliqué un acteur clé. Le monastère, en tant que propriétaire temporel, a régulièrement tenté de peupler cette terre particulièrement ingrate, qui offrait néanmoins de nombreux pâturages, sources essentielles de nourriture pour les moines grâce à leurs propres troupeaux, mais surtout, de manière progressive mais certaine, grâce aux redevances perçues en fromage, sérac, beurre et viande. Probablement avec l'aide d'intermédiaires, par contact avec d'autres monastères de Suisse alémanique, les abbés reçurent des migrants envoyés vers le *Mont de Salvan*, dans les vallées du Trient et de l'Eau Noire.



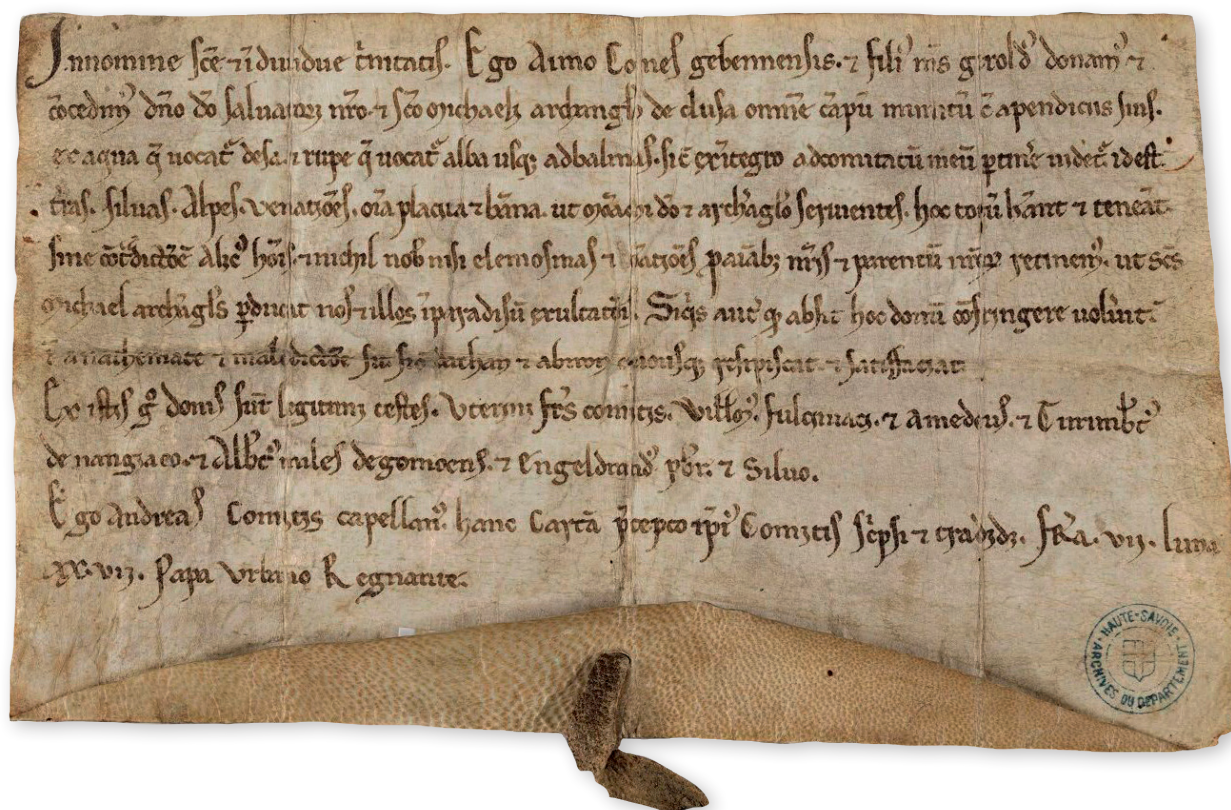
Seuls deux *serfs*, Christin et Martin, sont mentionnés en 1180 comme des hommes donnés à l'abbé de Saint-Maurice¹⁸. Ces hommes faisaient l'objet d'un certain commerce, car ils étaient la propriété d'un maître. Cependant, étant protégés par la coutume locale, ils ne sont jamais assimilés à de la marchandise. Leur statut n'en demeure pas moins humiliant : la possibilité d'être cédés comme des biens meubles marque une infériorité réelle, du moins ressentie comme telle.

Encore vers la fin du XIII^e siècle, la documentation montre que l'abbaye fit défri-cher par des colons teutoniques l'une des terres de la vallée, le « pré vertigineux » du Gueuroz. Étaient-ils les ancêtres de certaines des familles de la communauté ?

2. LES PRIEURS DE CHAMONIX

L'acte de donation du comte de Genève Aymon I^{er} aux bénédictins de l'abbaye de Saint-Michel de la Cluse, abbaye fondatrice du prieuré, régit Chamonix tant sur le plan temporel que spirituel jusqu'en 1520. Il ne porte aucune date, mais se situe entre 1088 et 1099, sous le pontificat d'Urbain II.

↓ Charte fondatrice du prieuré de Chamonix, fin du XI^e siècle (Archives départementales de la Haute-Savoie).



18. Le servage était une condition d'asservissement présentant des similitudes et des différences avec l'esclavage.

La donation indique brièvement les limites du territoire. Le val de Diosaz, Vallorcine et le col de Voza n'y sont pas mentionnés. Le rédacteur de l'acte et le donateur n'étant probablement pas familiers des lieux, la formule *cum appendiciis suis*, signifiant « avec ses dépendances », fut employée pour couvrir tout ce qui ne pouvait être précisé, terres et droits. Aux deux extrémités de la vallée, en particulier dans la région de Vallorcine, des conflits fréquents éclataient entre les habitants des communes voisines. Certains d'entre eux dégénéraient souvent en luttes armées et en déprédations autorisées, voire encouragées, par les prieurs et les abbés.



Pâturée par des troupeaux depuis le néolithique, la vallée de Chamonix connut de profonds changements entre le XI^e et le XIII^e siècle.

Le premier prieur de Chamonix semble avoir eu affaire à une communauté de paysans libres. L'analyse de documents plus tardifs suggère une faible population. L'acte de donation du prieuré indique que des terres et des alpages étaient exploités. Toutefois, l'absence de tout hameau n'exclut pas la présence de feux¹⁹ épars. Cette situation peut être comparée à celle de la vallée du Trient, où les premiers feux de certains hameaux, comme Finhaut, n'apparaissent qu'à la fin du XIII^e siècle. Les moines bénédictins firent venir des colons pour défricher la terre, à l'origine des villages et des alpages actuels.

Les prieurs émergèrent vers 1224, à la suite de conflits avec certains hommes de la communauté. Le 12 janvier 1236, Aymon, seigneur de Faucigny, prit la communauté de Chamonix sous sa protection. Ce n'est qu'en 1292 qu'une sentence arbitrale fut rendue entre le prieur et les habitants locaux, établissant de nouvelles franchises et modalités de fonctionnement et renforçant encore l'autorité du prieur. L'abbé de Saint-Maurice ne connaissait probablement pas le contenu exact de l'acte. Il ne pouvait cependant ignorer l'existence du nouveau prieuré. Le nom de *Balmes* marque une limite, probablement au col de Balme, à l'extrémité de la haute vallée de l'Arve, jouxtant les possessions de l'évêque de Sion. Le territoire de Vallorcine reste imprécis. Fait inhabituel, cette partie amont de la vallée de

19. Ménage, foyer domestique.

l'Eau Noire se situe en dehors de la vallée de l'Arve, et n'est pas mentionnée dans la description des limites. L'abbé avait-il connaissance de l'existence de cette terre aux confins du territoire du *Mont de Salvan*, qui logiquement aurait dû lui appartenir ? Il ne réagit pas à la mise en place d'une nouvelle communauté dans la haute vallée de l'Eau Noire.

↓ Une nouvelle communauté à *Vale Ursina*, Vallorcine. (Le hameau de Barberine).



↓ Ratification de l'acte du 14 mai 1264, accordant aux *Theutonic* le droit d'occuper *Vale Ursina* (ASTO, mazzo da inv.).



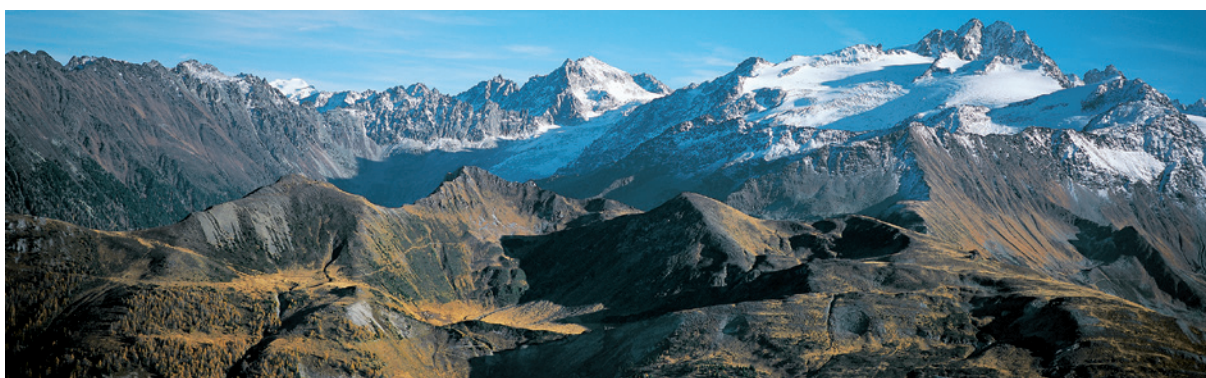
Une différence dans le fonctionnement de la communauté de Salvan devint apparente, l'une des communautés se défendant contre l'autorité du prieur, tandis que l'autre semblait « accepter » plus volontiers le pouvoir des abbés.

Le territoire du prieur se heurtait à celui de son confrère, l'abbé de Saint-Maurice, à la fameuse limite du pont de l'Île du Châtelard, et à celui du col de Balme pour l'évêque de Sion.

3. LES ÉVÊQUES DE SION ET LES PRÉVÔTS DU GRAND-SAINT-BERNARD

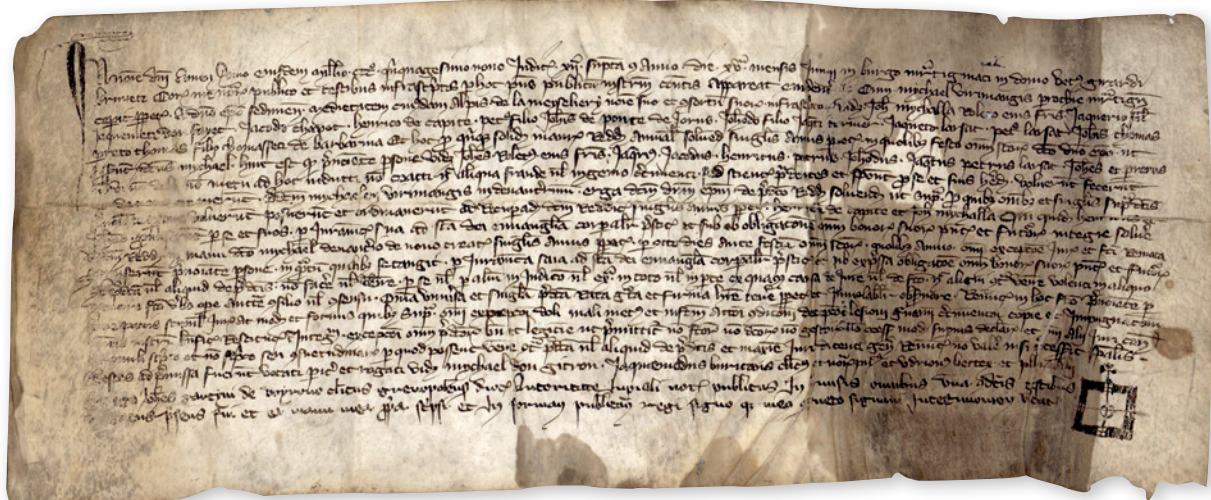
En 1359, l'évêque de Sion concéda la moitié de l'alpage de *la Meysellière* de Catogne, en échange du paiement régulier d'une redevance à la *mense* épiscopale²⁰ par les éleveurs de la Combe de Martigny, et notamment ceux des Jeurs de Trient. En tant que propriétaires de terres presque systématiquement défrichées par des migrants venus de Vallorcine et de la haute vallée de l'Arve, ces seigneurs voyaient avec satisfaction l'arrivée de ces nouveaux contribuables, qui occupèrent progressivement la majeure partie de la Combe de Martigny et de ses hameaux. L'un ou l'autre des deux coudomnes de Martigny, fréquemment à cette époque l'écuyer (jeune seigneur) Aymon de Martigny, percevait les redevances pour le compte de l'évêque de Sion.

↓ Alpages des Jeurs de Trient. À gauche, une zone proche d'une ancienne mine de fer, déjà en activité à l'époque romaine (À tire-d'aile. Trient-Mont-Blanc).



D'autres seigneurs détenaient également des domaines dans cette région, comme le prévôt du Grand-Saint-Bernard, représenté par son prieur à Martigny. Le territoire de l'évêque de Sion rejoignait celui de ses deux confrères de Chamonix et de Saint-Maurice au Pont de l'Île du Châtelard.

20. Une forme de revenu ecclésiastique dans l'Église catholique, un impôt foncier.



↑ Le 15 juin 1359, un consortage reçoit de l'évêque de Sion la moitié d'un alpage dans les montagnes des Jeurs de Trient (JRS 1/2).

Vers 1300, la mosaïque de seigneurs à laquelle devaient faire face les éleveurs des vallées du Trient et de l'Eau Noire était complexe. Outre leurs liens avec l'abbé de Saint-Maurice ou le prieur de Chamonix, lorsqu'ils émigraient sur la rive droite de la basse vallée de l'Eau Noire, tout en restant hommes de loi de leurs seigneurs précédents, ils devaient reconnaître qu'ils tenaient ces nouvelles terres du comte de Savoie.



VI • COMMUNAUTÉS PAYSANNES DANS LE CADRE DES SEIGNEURIES DE SAINT-MAURICE ET DE CHAMONIX

NICOLAS
CARRIER²¹

« Serfs en droit, libres en esprit : le paradoxe du paysan alpin. »

Pour ancrer ces lignées génétiques dans la réalité vécue des communautés qui les ont portées, j'ai demandé à Nicolas Carrier, professeur d'histoire médiévale à l'université Jean Moulin Lyon 3 et éminent spécialiste des communautés paysannes alpines, de décrire l'univers social et juridique dans lequel les familles des vallées du Trient et de l'Eau Noire ont bâti leur existence.

Les groupes humains qui se sont constitués avec le peuplement de Salvan, de Finhaut, de Trient, de Vallorcine et de la vallée de Chamonix ont reçu dans les sources médiévales des appellations qui laissent entendre de plus en plus clairement qu'ils ont constitué des communautés politiques structurées. Ces dernières se sont d'abord développées dans le cadre des paroisses, car la construction et l'entretien de l'église et du cimetière ont sans doute été parmi les premières tâches qui supposaient des décisions à prendre en commun. Mais ensuite les villages se sont regroupés pour défendre leurs intérêts communs face aux seigneurs, si bien que ces communautés ont pris une plus grande ampleur. Cette évolution s'observe des deux côtés de l'actuelle frontière franco-suisse, qui était alors la limite entre les possessions de l'abbaye Saint-Maurice d'Agaune et celles du prieuré bénédictin de Chamonix.

En 1250 sont mentionnés les « hommes de Salvan » (*homines de Salvan*), dont il est dit alors qu'ils forment une « communauté » (*communitas*). Puis Finhaut s'est peuplé progressivement et, à partir de 1299, les hommes de Salvan et de Finhaut sont toujours cités ensemble. En 1264, on trouve la première mention de la *communitas et universitas* de Chamonix, qui ne désigne que les habitants de la paroisse du même nom. C'est encore le cas lors de la concession des premières franchises de Chamonix en 1292. Mais dans un texte de 1320, l'*universitas* regroupe les habitants des deux paroisses de Chamonix et de Vallorcine, et lors du renouvellement des franchises en 1330, elle englobe également ceux de la paroisse Notre-Dame du Lac. Au ^{xiv}^e siècle, les abbés d'Agaune et les prieurs de Chamonix font donc face à des communautés paysannes unifiées.

Les paysans de Salvan et de Finhaut, aussi bien que ceux de la vallée de Chamonix, vivaient sous un statut juridique paradoxal qui en faisait à la fois des serfs et des privilégiés. En effet, l'abbé de Saint-Maurice et le prieur de Chamonix, comme tous les seigneurs des Alpes à cette époque, n'acceptaient de concéder des terres qu'à des hommes qui se reconnaissaient leurs serfs ou, comme on disait alors, leurs « hommes liges » (*homines ligii*). En droit, ceux-ci devenaient de véritables propriétés humaines : ils pouvaient faire l'objet d'achats, de ventes ou d'échanges. C'était une manière de reconnaître qu'ils dépendaient uniquement de leur nouveau

21. Nicolas Carrier, professeur d'histoire du Moyen Âge. Université Lyon 3.

seigneur et qu'ils avaient rompu tout lien avec celui qu'ils avaient quitté pour venir s'installer dans les montagnes. Ils devaient d'ailleurs présenter un acte d'affranchissement pour prouver qu'ils ne dépendaient plus de personne. S'ils souhaitaient plus tard quitter la vallée, ils le pouvaient, mais uniquement en y vendant leurs biens à d'autres serfs. En fait, ce que voulaient l'abbé et le prieur, c'est que les hommes qui cultivaient leurs terres ne dépendent que d'eux et ne puissent avoir recours à aucun autre seigneur. Ils étaient en effet entourés de voisins puissants et menaçants, comme le comte de Savoie, le comte de Genève ou le dauphin de Viennois. Ils ont réussi finalement à se faire reconnaître par ces derniers une juridiction exclusive sur leurs paysans, comportant le droit de vie et de mort.

Et pourtant, les sources montrent que les paysans de Chamonix, de Vallorcine, de Finhaut et de Salvan bénéficiaient d'une condition privilégiée par rapport à ceux des vallées environnantes. Ils étaient notamment dispensés de deux charges spécialement lourdes à supporter. La première était la taille (*tallia ad misericordiam*), une redevance que les autres seigneurs levaient à volonté, sans aucune limite coutumière ou contractuelle. Les hommes de Salvan et de Finhaut en ont obtenu la limitation dès 1250 et ceux de Chamonix et Vallorcine ne l'ont jamais payée. L'autre charge était la mainmorte (*manusmortua*), qui consistait en une incapacité à transmettre ses biens à d'autres qu'à ses enfants mâles. Si un « mainmortable » mourait sans laisser après lui un garçon, le seigneur confisquait ses biens, sans que les collatéraux puissent hériter de lui. Les hommes de Saint-Maurice et surtout ceux de Chamonix ont obtenu tellement d'exceptions que la mainmorte ne s'appliquait quasiment jamais : par exemple, elle ne concernait pas ceux qui mouraient d'une chute en montagne.

Les négociations entre les paysans et leurs seigneurs se passaient le plus souvent dans le cadre du « plaid général » (*placitum generale*), c'est-à-dire de l'assemblée de tous les habitants de la communauté paysanne autour de leur seigneur. Elle avait un triple but : le seigneur ou son juge y rendait la justice, aidé par des assesseurs paysans. On y faisait un « record de coutume », c'est-à-dire qu'on demandait à des « jurés », choisis parmi les anciens et les notables du village, de rappeler la coutume du lieu. Enfin, on y traitait des affaires communes : redevances seigneuriales, gestion des pâtures alpines et des forêts, travaux à réaliser en commun, etc. L'assemblée pouvait donc faire évoluer la coutume : elle avait un véritable pouvoir législatif. Après des discussions qui pouvaient être longues et des négociations acharnées, non seulement entre la communauté paysanne et le seigneur, mais aussi entre les diverses factions de la communauté, on cherchait à arriver à un consensus. C'était nécessaire, car on ne votait pas. En effet, comme l'indique le terme latin d'*universitas* (« la totalité »), la communauté rurale n'avait pas de personnalité juridique indépendante de l'ensemble de tous ses membres. On ne pouvait donc prendre les décisions qu'à l'unanimité. Il suffisait qu'une personne s'oppose à la décision pour que celle-ci soit annulée. Lorsqu'un consensus avait été atteint, l'accord de tous était manifesté par un rituel où les jurés formulaient à voix haute la décision prise, dans un silence religieux qui manifestait l'accord de tous. Tous les paysans étaient alors engagés par la décision, et le seigneur était chargé de la faire appliquer.

Toute cette procédure était orale et nous ne la connaissons que parce qu'à partir du ^{xiv}^e siècle, il est arrivé qu'on en dresse un procès-verbal écrit, comme à Salvan en 1324. C'est souvent parce qu'on avait discuté de problèmes particulièrement conflictuels et qu'on préférait garder une trace écrite pour être sûr que les décisions prises seraient appliquées. On a ainsi conservé à Chamonix toute une série de transactions écrites qui illustrent les conflits entre les habitants et leur prieur aux ^{xiv}^e et ^{xv}^e siècles.

Très attachées à la coutume de prendre les décisions à l'unanimité, les communautés rurales n'ont désigné que très tardivement des représentants permanents. En 1264, dans un conflit qui l'opposait à ses voisins, celle de Chamonix était encore représentée par le prieur lui-même. Plus tard sont apparus des procureurs désignés pour traiter des problèmes ponctuels. Puis, dans le courant du ^{xiv}^e siècle, ont été institués des syndics permanents, élus par les communautés rurales mais sous le contrôle du seigneur. Ceux-ci ont pu obtenir des privilèges importants. À Chamonix, en contrepartie du fait que le prieur avait le droit de vie et de mort sur ses paysans sans que ceux-ci puissent faire appel à un autre juge, les syndics, au nom de la communauté, ont obtenu le droit de juger eux-mêmes les Chamoniards dans les cas où ils encouraient la peine de mort.

C'est ainsi que la vie politique locale a toujours recherché un équilibre instable entre la soumission au seigneur et les franchises de la communauté paysanne. Il y a un point sur lequel toutes les parties prenantes étaient d'accord : c'était la nécessité de résoudre les problèmes entre soi, afin de préserver l'autonomie locale.



VII • CRÉATION DES NOMS DE FAMILLE HÉRÉDITAIRES MÉDIÉVAUX, UN PROCESSUS DE TRANSFORMATION MULTIPLE²²

« *Retracer les noms de famille à travers le temps : une étude pionnière de l'ADN-Y de deux vallées alpines.* »

Beaucoup a été écrit sur la construction des noms de famille, mais très peu sur les multiples SDE et leurs raisons²³. C'est pourtant un sujet essentiel pour les chercheurs s'intéressant à l'ADN-Y.

Sur le *Mont de Salvan*, les plus anciens registres concernant des individus ne mentionnent qu'un prénom accompagné des formules « habitant de... » et, plus occasionnellement, « fils de... ». Données au baptême, souvent inspirés de la Bible ou d'origine germanique, ces prénoms relativement uniformes ont connu des évolutions par l'ajout de diminutifs. Le fils aîné portait le nom de son père, tandis que les cadets recevaient celui de leur parrain ou marraine (presque toujours un oncle ou une tante) ou de leur grand-père paternel. À partir de la seconde moitié du XIII^e siècle apparut une nouvelle façon de préciser l'identité, sur le modèle romain : l'ajout d'un nom transmissible aux héritiers.

Près d'un tiers des noms de famille dérivent d'un toponyme. Le nom de lieu sert à identifier une personne et, lorsque ses descendants le conservent, il devient un nom de famille. L'usage fréquent d'un même prénom au même endroit nécessitera la création de nouveaux noms de famille, différents du toponyme. Un lieu d'origine situé hors de la vallée sera également une source de noms de famille.

Dans un cinquième des cas, ils dérivent du prénom d'un ancêtre.

Des éléments géographiques, tels que la présence d'un ruisseau, d'une source, d'un vallon, d'une falaise ou d'un marais peuvent également inspirer la création d'un nom. Le couvert végétal, la présence marquante d'une essence d'arbre particulière, ou la prédominance d'une espèce végétale fournissent d'excellents qualificatifs. Le caractère d'une personne, ses traits physiques ou moraux, ses défauts, ses tares, ou son statut marital deviennent des surnoms ironiques ou affectueux, assez puissants pour définir une famille. La profession ou la fonction du père marque toute la famille. Les noms d'animaux sauvages ou domestiques, d'objets, d'outils, d'ustensiles, de vêtements et, plus rarement, de fêtes religieuses, deviennent des patronymes. Les déménagements successifs entraînent des changements. S'installer dans un nouveau lieu signifie souvent en recevoir le toponyme comme patronyme. Si celui-ci est déjà pris, la personne qui déménage conserve celui de son ancien lieu de résidence. Changer de profession ou de responsabilité sociale, ou vivre chez son grand-père maternel pouvait conduire à la création d'une nouvelle appellation. Vivre chez son beau-père, en particulier en l'absence d'héritier mâle, et travailler avec lui sur ses terres suffisait à s'y trouver assimilé.

Les différents noms de famille utilisés par une personne peuvent apparaître successivement, parfois précédés d'un *dictus* ou *alias*. Progressivement, l'un

22. Raymond Lonfat : cf. **vol. II**, *L'erba, Familles de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, des origines jusqu'en 1349, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2010. Cf. chap. Histoire et généalogie.

23. Discontinuités patronymiques (*Surname discontinuity events*).

d'eux deviendra le nom dominant. La difficulté de choisir entre le nom du père ou celui de la mère se transmettra souvent aux héritiers.

L'origine de certains noms demeure un mystère. C'est le cas de la famille *Unzat* (plus tard transformée en Lonfat). Changer de nom quatre fois !

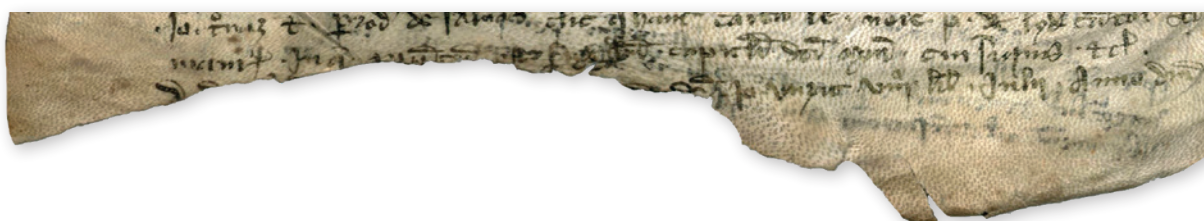
Jean *Juglar*, nommé d'après le nom de famille de son père, devient parfois Jean *Willielmi*, d'après le prénom de son père. Puis Jean *d'Espinasse*, d'après son lieu d'origine. Il est finalement connu sous le nom de Jean Claivoz, d'après le nom de famille de son grand-père du Trétien vivant à Finhaut, Perrier Claivaz ! Les deux villages sont très proches, mais la prononciation se fait entendre *az* au Trétien, et *oz* à Finhaut, le *z* ne se prononçant dans aucun des deux cas.

En 1321, Martin *Magnoz* du Trétien, hameau de la communauté de Salvan, n'est plus appelé *Magnoz*, mais *Niezat*. Après son déménagement au Rosel, il apparaît sous le nom de Martin *de Salvan*. Par la suite, il est consigné dans les documents sous le nom de Martin *du Rosel*...

Garder le même nom de famille... changer d'haplogroupe trois fois !

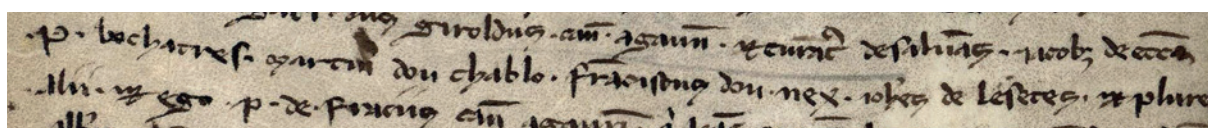
La famille Gross «**anciens 1**», qui s'éteint au début du *xv^e* siècle, voit son nom repris par un certain Pierre Valet, qui devient Pierre Gross «**anciens 2**» en épousant l'une des dernières descendantes de la famille. Ironie du sort, Pierre Gross n'a que des filles ! L'un de ses gendres, étranger à la vallée du Trient, portant à l'origine le nom de famille *Bex*, reprend le patronyme déjà usurpé de Gross et devient l'ancêtre de la «**nouvelle**» famille Gross de Finhaut.

↓ Le 24 juin 1329, à Salvan, un acte concernant sa sœur Raymonde est signé au domicile de Jean Unzat (l'ancêtre de l'auteur). (AASM CHL 0/0/2/166).



D'autres restent presque inchangés : les Bochatay – Bochatay, Derivaz, Borgeat...

↓ Le 20 octobre 1278, Pierre *Bochatres* (Bochatay – Bochatay) est témoin lors de la vente d'une parcelle de terre au Trétien. (AASM CHL 0/0/1/436).



Retracer l'évolution d'une famille à la fin du *xiv^e* siècle et tout au long du *xv^e* siècle est souvent complexe, car certaines de leurs lignées peuvent changer de nom plusieurs fois avant que des branches spécifiques ne soient identifiées puis dotées d'un nom de famille définitif. Parfois, les mystères continuent d'intriguer et réservent d'agréables surprises. **Le même jour**, Étienne des Granges est désigné comme Étienne du Crestel ou Étienne Reymondet. Michaud Derivaz : Michaud Coquoz. François Morand : François Fournier. Jean Bochatay : Jean Cergneux. Johannod Derivaz : Johannod Duchoud... À tel point qu'un notaire, épuisé par tant de complications, en présence de Jean Morand alias Mermet, Jean Morand alias Aymon, Jean Morand alias Murisier et Jean Morand alias Reymond nomme, en désespoir de cause, un personnage Jean Morand alias Morand !

Le fait que les registres de Vallorcine pour une période débutant vers 1260 et se terminant vers 1450 soient très lacunaires par rapport aux archives de Salvan change tout pour le chercheur. La compréhension de l'évolution des noms de famille à Vallorcine s'en trouve donc compromise. Alors qu'à Salvan **seuls 5 noms de famille sur 35 sont restés stables au fil des siècles depuis leur première apparition au XIII^e siècle**, à Vallorcine, il semble que 13 sur 16 n'aient pas changé. Avec une distinction cruciale : la plupart d'entre eux n'apparaissent que dans la seconde moitié du XIV^e siècle. Il est certain que beaucoup de ces noms ont changé au moins une fois depuis l'arrivée des migrants à Vallorcine vers 1260.

Cette compréhension étant hors de portée, il se pourrait qu'une ou plusieurs des familles testées se soient installées à Vallorcine après l'arrivée des migrants, en provenance de la Haute Vallée de l'Arve ou d'ailleurs. Une telle possibilité demeure toutefois hautement improbable. Au fil des siècles, les gens ont constamment quitté Vallorcine à la recherche de meilleures opportunités ; ils n'y venaient depuis les villages voisins que lorsqu'ils étaient invités à s'y marier à des conditions attractives, un scénario qui s'est produit rarement compte tenu de la situation économique globalement très précaire de ce lieu sauvage.

Dans l'atoll isolé qu'est la communauté de Salvan à l'époque médiévale, de nombreux paysans et éleveurs alpins ont changé de nom plus d'une fois au cours de leur vie et sont souvent désignés par plusieurs patronymes ou surnoms à la fois. Dans notre travail, nul besoin de recourir à une « analyse de fréquence de correspondance des noms de famille » comme on a pu le voir dans certains rapports. Au fil des siècles : **aucune des personnes apparaissant dans la documentation relative aux deux vallées n'est inconnue !**

Chaque famille des vallées du Trient et de l'Eau Noire décrite dans cette analyse trouvera une description détaillée de l'évolution de son nom de famille lors de sa publication en tant que sous-clade dans les parties suivantes.



VIII • LES FAMILLES AVANT ET APRÈS LA PESTE NOIRE DANS LES VALLÉES DU TRIENT ET DE L'EAU NOIRE²⁴

« Une première dans les Alpes : quand l'ADN-Y rencontre 800 ans d'histoire écrite. »

Cette description n'est précise que pour la **communauté de Salvan**, dans les vallées du Trient et de l'Eau Noire car, en raison du manque de documents d'archives, seules des informations très limitées sont disponibles sur l'évolution des familles arrivées peu avant 1264 à Vallorcine, dans la vallée de l'Eau Noire.

Il convient de noter que cette connaissance très précise de l'attribution des noms de famille n'a été rendue possible pour Salvan que grâce au *minutarium breviarum*²⁵, une situation plutôt exceptionnelle dans les Alpes européennes²⁶.

À Salvan, un seul nom de famille apparaît dans la documentation avant 1250, un peu moins de 40 supplémentaires avant 1300, un peu plus de 40 supplémentaires avant 1350.

En 1313, le chiffre de 85 foyers est donné par un recensement seigneurial. Selon un décompte précis établi par l'auteur, fondé sur l'histoire de toutes les familles vivant dans les vallées à cette époque, ce nombre semble plutôt être de 99, représentant une population de 580 personnes, pauvres compris. Cela donne un ratio d'environ 5,9 personnes par foyer.

À cette époque, un certain nombre de hameaux demeurent inhabités. Vernayaz par exemple, situé dans la plaine du Rhône, à la sortie de la vallée du Trient, aujourd'hui le plus grand village, n'enregistrera ses premiers habitants qu'au xvi^e siècle.



24. Cf. Bibliographie, Raymond Lufat, **vol. I**, *L'erba, Histoire de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, des origines jusqu'en 1349, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2010. Raymond Lufat, **vol. II**, *L'erba, Familles de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, des origines jusqu'en 1349, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2010. Raymond Lufat, **vol. III**, *L'erba, Histoire de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, un monde vide en crise et sa lente reconstruction, de 1350 jusqu'à vers 1475, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2021 (non publié). Raymond Lufat, **vol. IV**, *L'erba, Familles de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, un monde vide en crise et sa lente reconstruction, de 1350 jusqu'à vers 1475, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2021 (non publié).

25. Voir « digi-archives.org », sous CHL. Fondation des archives historiques de l'abbaye de Saint-Maurice (Suisse), une institution mise en place par l'auteur.

26. Il s'agit d'un registre chancelier exceptionnel divisé en deux parties appelées *majus* et *minus*, mais qui, en réalité, forment un tout unique, contenant environ 1 600 parchemins couvrant la seconde moitié du xiii^e siècle jusqu'en 1345. Une part importante de ces documents concerne les vallées du Trient et de l'Eau Noire.

Que penser des 32 foyers enregistrés dans les comptes de subside de 1359 pour l'ensemble de la paroisse, peu avant qu'une nouvelle épidémie, la deuxième par son ampleur, ne frappe le haut Faucigny, le canton de Vaud, et certainement les vallées du Trient et de l'Eau Noire vers 1361 ? En appliquant le même ratio, la population serait estimée à moins de 200 personnes, ce qui signifierait une baisse de 65 % en moins de 50 ans. Une situation désastreuse.

Pour une période se terminant en 1350, nous avons étudié 48 familles portant au moins 66 noms de famille, plus une vingtaine d'autres noms attribués à des familles n'apparaissant que sur une brève période²⁷.

Qu'est-il advenu des 48 familles après la peste noire ? Une tâche complexe que de le découvrir.

Beaucoup de familles enregistrées à partir de 1209 ne sont plus présentes après 1350, n'ayant pas survécu aux ravages de la grande peste, ou s'étant éteintes naturellement, faute de descendance mâle. Quelques-unes, trop affaiblies par les épidémies récurrentes de la Peste noire, incapables de gérer efficacement leurs exploitations familiales et de survivre, sont assimilées à des familles plus fortes et changent de nom²⁸. Certaines familles ne réapparaissent pas sous leur nom mais donnent naissance à des lignées portant de nouveaux noms de famille. Certaines réapparaissent, disparaissent avant 1475²⁹, sans donner naissance à de nouvelles lignées. Certaines réapparaissent, disparaissent avant 1475, donnant naissance à des lignées portant de nouveaux noms de famille. Certaines réapparaissent, encore présentes après 1475, sans donner naissance à de nouvelles lignées. Certaines réapparaissent, encore présentes après 1475, donnant naissance à des lignées portant de nouveaux noms de famille. Sept nouvelles familles migrantes venues de l'extérieur de la communauté apparaissent entre 1350 et 1475, certaines donnant naissance à des lignées portant des noms de famille déjà en usage, encore présentes après 1475, à l'exception d'une seule ayant disparu avant.

Au total, 72 familles, y compris celles éteintes, seront recensées entre 1350 et 1475. Les 13 familles déjà présentes avant 1350, rejointes après 1350 par 24 nouvelles familles issues d'anciennes, puis par 6 familles migrantes, totalisent, en 1475, 43 familles aux noms de famille distincts. Au cours des siècles suivants, un certain nombre d'entre elles disparaîtront, partiellement compensées par quelques nouvelles branches de familles existantes recevant de nouveaux noms de famille.

En conséquence, 35 familles de l'époque médiévale, dont 3 arrivées dans la vallée du Trient entre 1400 et 1500, feront partie de l'analyse³⁰.

27. Seuls deux migrants sont recensés entre 1200 et 1350 : l'un venu de Chamonix, en Haute-Savoie, qui, par un mariage avantageux, apporte à Salvan son savoir-faire de cordonnier, et l'autre venu de Liddes, en Valais (Wallis), qui, par un autre mariage avantageux, apporte à Salvan et Finhaut son savoir-faire de forgeron. La première famille s'éteint avant 1325 ; la seconde ne compte plus qu'un seul descendant après la grande peste, qui émigre à Évionnaz, en Valais (Wallis), et ne semble pas avoir eu de descendance.

28. Une liste et une description détaillée de ces indications figurent dans : Raymond Lonfat, **vol. II**, *L'erba, Familles de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, des origines jusqu'en 1349, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2010. Raymond Lonfat, **vol. IV**, *L'erba, Familles de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, un monde vide en crise et sa lente reconstruction, de 1350 jusque vers 1475, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2021. *Familles de Vallorcine* (non publié).

29. L'année 1475 marque un tournant, menant à la conclusion du volume III mentionné plus haut. À cette époque, la maison de Savoie, souveraine de cette région, fut chassée du canton du Valais et remplacée par de nouveaux maîtres, les dizains du Valais (Wallis) alliés à l'évêque de Sion.

30. Malheureusement, à ce stade, un certain nombre de familles anciennes et importantes ayant quitté Salvan au cours des derniers siècles n'ont pu être retrouvées jusqu'à présent : les Constantin – Cottentin, les Mermet, les Murisier...

TRENTE-CINQ FAMILLES TESTÉES, INVENTAIRE EXHAUSTIF DES FAMILLES MÉDIÉVALES ANCIENNES DE LA VALLÉE DU TRIENT³¹

Bochatey – Bochatay	Duchoud	Jacquier
Borgeat	Fournier	Lonfat
Cergneux	Frasseren ³²	Lugon-Moulin
Chappot	Gay – Guex	Lugon
Cheseaux	Gay-Balmaz	Mathey
Claivaz	Gay-Couttet	Moret
Claivoz	Gay-Crosier – Guex-Crosier	Mottier
Coquoz	Gay-des-Combes	Raymond
Décaillet – Caillet	Gay-Fraret	Revaz
Délez	Gross	Veuthey
Délez-Guilloud	Hugon	Voeffray
Derivaz	Jacquemoud	

Pour Vallorcine, un territoire situé uniquement dans la vallée de l'Eau Noire, la situation est bien différente de celle de Salvan. La zone est un *saltus*, un lit de rivière plutôt sauvage sujet aux avalanches hivernales. Des migrants d'origine germanique arrivent peu avant 1264. Le prieur de Chamonix leur accorde le droit de s'y installer cette même année.

Il est probable que les migrants soient arrivés par Balme, aient descendu vers les zones des trois futures « *dîmes* », Le Tour, Argentière, La Rosière, probablement très peu peuplées, où le prieur en installa certains, avant d'en diriger d'autres vers Vallorcine³³.

Les archives relatives à cette nouvelle communauté sont très rares pour la fin du XIII^e siècle, moment charnière pour découvrir la formation des noms de famille, et relativement limitées pour le XIV^e siècle.

Dans cette communauté, les premiers noms de famille peuvent être retracés depuis 1307, tous aujourd'hui disparus. Certains, encore en usage aujourd'hui, ne peuvent être retracés qu'à partir de 1320 pour le premier d'entre eux, et un peu plus tard pour bon nombre d'autres. Il faudra de nombreuses années avant qu'une image plus claire des noms patronymiques de ce village et de ses nombreux hameaux n'émerge. Grâce à la préservation des archives, certains d'entre eux apparaissent aux Jours de Trient ou dans la région de Martigny, avant même d'être mentionnés à Vallorcine.

À partir de cette époque, les noms de famille de nombreuses personnes, dont certains ont depuis disparu, émergent de la documentation : *Abbet*, *Ancey – Ançay*³⁴, *Alub*, *Amedei*, *Allamand*, *Barberin*, *Bergier*, *Marguerand – Berguerand*, *du Bettex*, *Bonniat*, *Bosonier – Bozon*, *Breysat*, *Brunet – Burnet*, *Carrier*, *Cheneau*, *Claret*, *Coduri*, *Coindat*, *Colard*, *Comitis*, *Corteys – Martin*, *de Cotaz Corbos – Corbet*, *Coquar*, *de Cresta – Nerio*, *dou Crot*, *Devillaz*, *Duc*, *Dunand*, *de l'Envers*, *Fabri*, *de Fey*, *François*, *Girard*, *Grelant*, *Johanni*, *Jugnier*, *Larsat*, *Lechyat*, *Lombard*, *de Lormey – Corbet*, *Magnin*, *Marin*, *Mermoz – Mermoud*, *du Molard*, *Michala*, *de Monros*, *du Nant*, *Nicolet*, *des Ouches*,

31. La famille Chappex a été testée avec les familles de Vallorcine. La famille Moret de Salvan n'a aucun lien avec les familles Moret d'Argentière, de Bourg-Saint-Pierre, ou d'ailleurs. Il n'a pas été possible jusqu'à présent de retrouver un descendant de la famille Valet (Giétroz-Finhaut), qui n'est plus présente en Valais, avec une migration vers Amiens, en France.

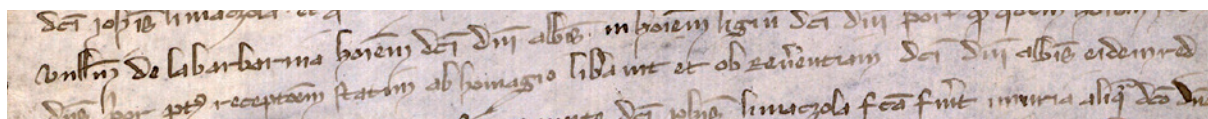
32. Originaire d'Argentière.

33. Une « *dîme* », désignant principalement une taxe ou un impôt obligatoire, généralement 10 % de la production, du revenu ou du travail, versé à l'Église ou à un souverain.

34. Orthographe principalement utilisée dans la région de Fully, en Valais, Suisse.

Pache – Pasche, Pecluz, du Perron, Petry, Pitoudi, de Ponte – Pont-Dupont, Praeys, Rufin, Roux, Salamon, Semblanet, Sertoris, Tairraz, Tavelle, Thomas, Tyssot, Virimangi, Viviandi, **Vouilloz**, Voutier, Wichar...

↓ Un nom de famille est révélé : le 24 octobre 1320, *Vullus de la Barbarina* (ancêtre de la famille **Vouilloz**) est vendu par le prieur de Chamonix à l'abbé de Saint-Maurice pour la somme de 20 livres. (AASM CHA 15/2/3).



Nombre de familles observées vers 1400 se sont éteintes, ont changé de nom... Au moment de l'impôt sur le sel de 1561 à Vallorcine, quelques-unes étaient encore présentes sous leur nom d'origine, certaines sont nouvelles : Ancey – Ançay, Bergruerand, Bozon, Brunet – Burnet, Claret, Devillaz, Dunant – Dunand, Jugnier, Mermoz, Molard, Pache – Pasche, Ros – Roux, Tournier, Vouilloz. Elles sont rejointes par des familles aux noms nouveaux : Blanc, Charlet, Folliguet, du Lay, Noble...

En 1398, chaque foyer doit payer au prieur de Chamonix une *quarte* de seigle³⁵, et Guillaume Abbet en livre 48, ce qui signifie qu'il y a 48 foyers. Le 26 août 1411, 46 foyers sont enregistrés lors de la visite épiscopale à Vallorcine. Dans les années suivantes, la population semble avoir chuté fortement. Trente-six foyers en 1443, 24 foyers en 1471, 28 foyers en 1481...

Seize de ces familles ont été analysées : celles arrivées à Argentière vers 1260 et immédiatement installées à Vallorcine ; celles très étroitement apparentées à celles qui se sont immédiatement installées à Vallorcine, mais qui, elles, ne s'y sont installées que plus d'un siècle plus tard (Ancey – Ançay) ; celles très étroitement apparentées à celles qui se sont installées à Vallorcine mais sont restées à Argentière (Carrier, Girard) ; celles arrivées vers 1260 à Argentière ou à Vallorcine et ayant émigré peu après vers le Valais (Abbet, Chappex, Bergruerand, Cretton, Moret). Toutes ces familles ont survécu pendant tant de siècles, et ont vu leurs descendants participer au projet ADN-Y³⁶.

INVENTAIRE EXHAUSTIF DES 16 FAMILLES DE LA VALLÉE DE L'EAU NOIRE³⁷

Abbet	Burnet	Cretton	Mermoud
Ancey – Ançay	Carrier	Devillaz	Moret
Bergruerand	Chappex	Dunand	Pache
Bozon	Claret	Girard	Vouilloz



35. Environ 15 litres par quarte.

36. Telle est la nature d'une science en constante évolution ! La famille Mugnier du Tour d'Argentière, dont la parenté étroite avec une famille de Vallorcine vient d'être découverte, sera analysée dans la publication du cluster concerné. Certaines familles de la région d'Argentière, susceptibles de correspondre aux anciennes familles migrantes de Vallorcine, n'ont peut-être pas encore été détectées à ce stade, ou n'ont peut-être pas été testées de manière exhaustive.

37. Quelques familles de Vallorcine n'ont été découvertes qu'après leur émigration vers les hameaux voisins de Giétroz, Châtelard, Trient, les Jours de Trient. Les familles Carrier, Girard, Moret, qui font partie d'une grande macro-famille de Vallorcine, sont originaires de la Haute Vallée de l'Arve. La famille Chappot des Jours de Trient et la famille Frasseran d'Argentière sont testées aux côtés des familles de la vallée du Trient. Il n'a pas été possible jusqu'à présent de retrouver un descendant de la famille Roux de Vallorcine, encore présente au Châtelard il y a un siècle.

IX • MÉTHODE D'ÉCHANTILLONNAGE GÉNÉTIQUE

« *Écrit dans le sang : la généalogie génétique rencontre l'histoire médiévale dans les Alpes.* »

« **L'ADN du chromosome Y (ADN-Y), le gardien des registres patrilinéaires !** »

« Le mode de transmission unique du chromosome Y est essentiel à son utilité dans la recherche ancestrale approfondie. Il se transmet exclusivement de père en fils, ce qui en fait un marqueur idéal pour retracer l'ascendance paternelle directe. Ce mode de transmission correspond souvent à la transmission historique des noms de famille dans de nombreuses sociétés occidentales, dont la Suisse, où les noms de famille ont traditionnellement suivi la lignée masculine. Au fil des générations, des mutations s'accumulent sur le chromosome Y. Ces mutations, sous forme de répétitions courtes en tandem (STR) et de polymorphismes nucléotidiques simples (SNP), créent des profils d'ADN-Y distincts, appelés haplotypes (définis par les STR) et haplogroupes (définis par les SNP). Ces profils permettent aux chercheurs de différencier les lignées paternelles et d'estimer le temps écoulé jusqu'à leur ancêtre commun le plus récent (TMRCA)³⁸. »

Le processus de constitution de notre base de données ADN-Y a été le suivant.

- Définir le territoire analysé : les communautés de Finhaut, Salvan, Trient, Vernayaz dans les vallées du Trient et de l'Eau Noire, et Vallorcine dans la vallée de l'Eau Noire³⁹.
- Maîtriser la généalogie moderne de la zone analysée, ainsi que celle des communautés voisines, généralement disponible à partir de 1650.
- Maîtriser la généalogie médiévale des communautés de la zone analysée, en particulier depuis la période d'apparition des premiers noms de famille au XIII^e siècle.
- Maîtriser les SDE, si nombreuses au fil des siècles.
- Extraire, parmi les centaines de noms de famille apparus et disparus au fil des siècles, ceux ayant conduit à des familles encore existantes.
- Compiler le résultat : un inventaire de 32 familles déjà présentes à Salvan vers 1200 et de 16 familles présentes à Vallorcine avant 1264, soit vivant aujourd'hui sous leur nom d'origine, soit ayant subi des SDE.
- Imposer une exception : ajouter trois familles arrivées dans les communautés de Salvan et de Finhaut entre 1400 et 1500⁴⁰.
- Exclure de l'analyse toutes les autres familles arrivées après 1500 dans les communautés susmentionnées⁴¹.

38. Dave Vance. Cf. *Unveiling Medieval Patrilineal Landscapes: a Genetic Genealogy Study of Surnames in Isolated Swiss Valleys*.

39. De nombreuses familles d'Argentières, un village très proche de Vallorcine, ont été testées étant donné qu'elles appartiennent éventuellement au même cluster que certaines familles de Vallorcine.

40. Les 3 familles, 3 haplogroupes différents sans lien avec les 32 autres familles, seront analysées séparément. Elles sont incluses principalement parce que leurs descendants se considèrent réellement comme appartenant aux anciennes familles de la vallée. Ils seraient blessés d'être oubliés, se sentant alors victimes d'une discrimination.

41. Peu nombreuses en tout état de cause, du moins jusqu'en 1900.

- Identifier plusieurs descendants masculins pour chacune des 51 familles, que ce soit au sein des diverses communautés actuelles ou dans d'autres régions. Un certain nombre de familles, éteintes dans les vallées du Trient et de l'Eau Noire, sont représentées ailleurs en Valais (Wallis), en Suisse et à l'étranger.
- Identifier au moins deux descendants de chaque famille issus de lignées distinctes, s'étant séparées au plus tard avant 1800⁴².
- Contacter ces candidats potentiels, leur expliquer le projet, les convaincre de se soumettre au test de leur plein gré.
- Expliquer que seul le test ADN-Y 700 sera accepté pour participer au projet.
- Les faire s'inscrire sur la plateforme ValaisADN-WallisDNA, **recueillant ainsi leur consentement à partager anonymement** leurs résultats avec les spécialistes chargés d'analyser leurs données. À l'exception de quelques cas volontaires, aucune identité de testeur n'est connue du laboratoire.
- Comparer leurs résultats avec ceux d'autres variantes du même nom de famille.
- Exclure de l'analyse tout test contredisant clairement leur haplogroupe ancestral (NPE).
- Comparer leurs résultats avec la base de données ADN-Y des descendants des familles médiévales du projet ValaisADN-WallisDNA et leurs milliers de correspondances STR respectives.
- Comparer leurs résultats avec la plus grande base de données ADN-Y au monde, Gene by Gene, Houston, et ses milliers de correspondances Y-STR 111-67-37-25-12 avec d'autres familles de Suisse et du monde entier.
- Trouver des « outsiders » dans la base de données internationale : des testeurs correspondants dont l'origine ancienne se situe en dehors des vallées du Trient et de l'Eau Noire.



42. Un seuil très strict, afin d'éliminer totalement le risque que deux homonymes, cousins proches, soient confrontés à des résultats différents. Dans des cas exceptionnels, une famille n'a pu fournir qu'un seul testeur, faute d'autres branches séparées avant 1800.

X • PANORAMA EXHAUSTIF DE L'ADN-Y DES FAMILLES ANCIENNES DES VALLÉES DU TRIENT ET DE L'EAU NOIRE – FINHAUT, SALVAN, TRIENT, VERNAYAZ, VALAIS (WALLIS), SUISSE – VALLORCINE, HAUTE-SAVOIE, FRANCE

« *Du parchemin au chromosome : une première dans la généalogie génétique alpine.* »

Ce qui suit est un premier inventaire, nécessairement dense, de ces lignées. Les lecteurs moins familiers avec la nomenclature de l'ADN-Y voudront peut-être se concentrer sur les noms de famille et le bref récit historique accompagnant chaque cluster, laissant le détail phylogénétique à une étude plus approfondie.

Les habitants des vallées du Trient et de l'Eau Noire sont arrivés à des époques diverses. Ils descendent de peuples anciens qui, après avoir quitté l'Afrique il y a des dizaines de milliers d'années, ont suivi diverses routes nord-africaines, européennes ou indo-européennes avant d'atteindre les Alpes. Pas moins de 21 sous-clades distinctes – offrant souvent des indices sur les routes migratoires – sont désormais identifiées parmi les **51 familles anciennes**. Ces groupes d'humains partagent parfois le même MRCA ancien ou médiéval sur la lignée patrilinéaire. Le panorama couvre les trois catégories distinctes qui composent les 51 familles analysées.

1. Trente-deux familles de la vallée du Trient arrivées dans cette région, certaines peu avant 1150-1200 apr. J.-C., d'autres probablement bien avant.
2. Trois familles de la vallée du Trient arrivées dans cette région entre 1400 et 1500.
3. Seize familles de la vallée de l'Eau Noire, du village de Vallorcine (Argentière), d'origine germanique, arrivées quelque temps avant 1264.

Dans notre description, nous utilisons le terme « outsider » pour désigner toute correspondance de testeur dont l'origine ancienne se situe en dehors des vallées du Trient et de l'Eau Noire. Certains clusters comptent un ou plusieurs outsiders, aidant à comprendre le dernier trajet migratoire et sa datation ; d'autres, malheureusement, n'offrent aucun indice de ce type.

Les généticiens s'accordent à dire que la génomique est le seul moyen de déterminer quand des branches se sont séparées les unes des autres. Grâce à cette science nouvelle, nous sommes en mesure de comprendre quand les haplogroupes se sont séparés au fil du temps. Nous pouvons alors définir les différentes populations génétiques ayant coexisté au fil du temps dans nos vallées.

Pour mener à bien notre projet, nous avons décidé de travailler avec FamilyTreeDNA, un laboratoire proposant les outils les plus complets pour l'étude de l'ascendance paternelle, construits à partir de données de séquençage à haute résolution fournies par **des dizaines de milliers de testeurs à travers le monde**. L'arbre haplogénétique Y-DNA de FamilyTreeDNA a constitué la carte publiquement accessible la plus détaillée de l'ascendance paternelle humaine à ce jour,

incluant **plus de 100 000 branches et 860 000 Y-SNP uniques**⁴³. Un arbre phylogénétique utilisant les Y-SNP offre une ressource sans précédent pour les chercheurs. L'arbre haplogénétique Y-DNA de FamilyTreeDNA représente les testeurs vivants et inclut plus de **7 300 échantillons anciens d'ADN-Y masculin** issus d'études archéologiques publiées.

Les **51** familles sont classées en **21** clusters, **14** pour la vallée du Trient, et **7** pour la vallée de l'Eau Noire :

E-M35 E-V12, E-M35 E-V13 (**2** familles) p. **38**

G-M201 G-Z39367 ; G-M201 G-CTS342 ;
G-M201 G-Z6779 G-L1354 ; G-M201 G-Z6779 G-Z2022 (**8** familles) p. **39**

I-M253 (I1) I-Y23356 (**1** famille) p. **40**

I-M223 (I2) I-FGC15071 ; I-M223 (I2) I-CTS10057 (**3** familles) p. **41**

J-M172 (J2) J-M410 (J2a) J-PF4888 ; J-M172 (J2)
J-M410 (J2a) J-Z438 ; J-M172 (J2) J-M102 (J2b) (**5** familles) p. **41**

Q-M242 Q-L245 (**1** famille) p. **42**

R1a R-M198 R-BY40276 (**4** familles) p. **43**

R1b R-L151 R-U106 ; R1b R-L151 R-L21 ; R1b R-L151 R-DF99 FGC16979 ;
R1b R-L151 R-DF99 R-S21914 ; R1b R-L151 R-U152 ; R1b R-L151 R-DF27 R-Z198 ;
R1b R-L151 R-DF27 R-Z274 (**27** familles) p. **43**

Voici un bref récit des haplogroupes et des lignées familiales de sous-clades. Dans les parties II et suivantes, cette description sera présentée avec plus de détails et de précision, en particulier pour les familles dont le dernier « trek » avant l'arrivée dans les vallées du Trient et de l'Eau Noire, ainsi que sa datation, a pu être découvert.

E-M35 : Bozon, Devillaz (vallée de l'Eau Noire)

E-M35 est un haplogroupe majeur de l'ADN-Y au sein d'**E1b1b**, apparu il y a environ 20 000 à 30 000 ans, probablement en Afrique de l'Est ou du Nord-Est. Il s'est largement répandu à travers l'Afrique du Nord, la Corne de l'Afrique, le Moyen-Orient et certaines parties de l'Europe au fil de migrations anciennes. Dans l'ensemble, cette lignée d'ADN-Y reflète un long voyage : depuis des origines africaines profondes, à travers l'expansion néolithique vers le sud-est de l'Europe, jusqu'à un établissement régional plus tardif où une lignée familiale distincte a pris forme et perduré à travers l'histoire documentée.

E-M35 >E-V68>E-M78>E-PF2179>**E-Z1902>E-V12...**>E-CTS3346>E-Z5007...>E-BY8506>E-BY8513>E-A32670>E-YP4988>**E-FTE86872**. Ce groupe se compose d'une famille, **Bozon**. Elle a réalisé **deux** Big **Y-700**, sans outsider, un mtDNA. Les données phylogéographiques et les enregistrements d'ADN ancien démontrent qu'E-Z1902 et E-V12 sont restés strictement localisés dans les populations d'Afrique du Nord-Est et du Levant durant l'âge de la pierre et l'âge du bronze. E-V12 a suivi une trajectoire transméditerranéenne vers l'Europe. Sa présence est liée à des réseaux commerciaux maritimes plus récents et à forte mobilité – tels que les

43. Printemps 2026. La plateforme de FTDNA compte plus de 12 960 connexions ADN-Y et plus de 25 310 connexions mitochondriales (ADN-mt). Elle inclut plus de 7 300 échantillons masculins anciens, des échantillons ADN-Y à haute couverture.

routes phénicienne et carthaginoise (3000-2150 YBP / env. 1000-146 av. J.-C.) – et aux déploiements militaires et frontaliers impériaux romains ultérieurs à travers les Alpes (2050-1600 YBP / env. 25 av. J.-C. – 425 apr. J.-C.).

E-M35 >E-V68>E-M78>E-PF2179>**E-Z1919**...>**E-V13**...>E-BY3880>E-Y16729>E-FTE85843>**E-FTE85137**. Ce groupe se compose d'une famille, **Devillaz**. Elle a réalisé deux Big Y-700, avec un outsider, soit **trois** Big **Y-700**, deux autosomaux, un mtDNA. Contrairement à sa clade sœur E-V12, une lignée ayant suivi un parcours historique ultérieur totalement distinct, E-V13 s'est étendue en Europe lors des premières vagues agricoles néolithiques (7500-7000 YBP) et plus substantiellement encore durant l'âge du bronze (4200-3200 YBP).

G-M201 : Bochatay - Bochatay, Coquoz, Duchoud, Moret, Raymond. Borgeat. Voeffray. Délez – Guilloud (vallée du Trient)

Haplogroupe G-M201 est une lignée génétique paternelle dont l'ancêtre commun le plus récent a vécu il y a environ 30 000 ans, probablement en Asie occidentale ou dans la région du Caucase. Il s'est répandu avec les premiers agriculteurs néolithiques en Europe, en Anatolie et au Moyen-Orient, et est aujourd'hui particulièrement fréquent dans le Caucase. En Europe, il culmine dans le sud et le centre de l'Europe, notamment en Italie et dans des régions proches comme la Suisse.

G-M201 >G-L89 (G2)...>G-P15...>G-L30...>G-L140...>G-PF3345>**G-Z39367**>G-FTF32757>G-D7474>**G-FTD8221**. Ce groupe se compose de cinq familles représentant une macro-famille, **Bochatay – Bochatay, Coquoz, Duchoud, Moret, Raymond**. Elles ont réalisé 10 Big Y-700, avec 2 outsiders, soit **12** Big **Y-700**, 6 autosomaux, 1 mtDNA. La mutation ADN-Y connue sous le nom de G-PF3345 s'est formée il y a environ 11 000 ans en Asie du Sud-Ouest, et ses branches descendantes, dont G-L497, G-CTS342, G-Z6779 et d'autres, représentent une large proportion de toutes les personnes appartenant à l'haplogroupe-G vivant aujourd'hui. La mutation originelle de l'haplogroupe-G (G-M201) est bien plus ancienne, étant apparue il y a environ 40 000 à 45 000 ans, tandis que l'âge de G-P303 est d'environ 15 000 ans. Aujourd'hui, G2a (incluant toutes ses sous-branches) représente environ 5 à 10 % de la population européenne totale. G-Z39367 est l'une des branches descendantes les plus restreintes de G-PF3345, et comprend des personnes vivant aujourd'hui en Turquie, en Arménie et en Suisse, pour autant que l'on sache à ce jour. Un échantillon ADN-Y ancien de G-Z39367, XAN104, est daté d'environ 3500 av. J.-C. à Kydonia, en Crète. La sous-branchette G-FTD7474, qui mène aux familles suisses mentionnées ci-dessus, s'est séparée d'une branche parallèle arméno-turque il y a environ 7 000 ans. L'haplogroupe-G2a en Europe est associé à la migration des premiers peuples agriculteurs venus d'Anatolie vers l'Europe centrale et méridionale durant le néolithique. On ignore cependant si les ancêtres de ces familles suisses G-FTD7474 en particulier sont arrivés en Europe durant le néolithique ou à une époque ultérieure.

G-M201 >G-L89 (G2)...>G-P15...>G-L30...>G-L140...>G-PF3345>**G-CTS342**...>G-Y334...>G-Z3292>G-Z43085>G-FT91208>**G-FTC59003**. Ce groupe se compose d'une famille, **Borgeat**. Elle a réalisé deux Big Y-700, un autosomal, avec un outsider, soit **trois** Big **Y-700**. G-L89 (G2) et ses branches descendantes G-P15, G-L30 et G-L140 représentent des lignées de premiers agriculteurs européens qui se sont fermement établies en Europe centrale et méridionale. Le cluster Borgeat, sous G-CTS342, s'est formé il y a 10 550 ans. La clade G-Z3292, âgée

d'environ 4 200 ans, présente une distribution frappante, s'étendant de la Sierra Leone à l'Inde, mais avec une représentation constamment forte en Afrique du Nord et au Moyen-Orient. La clade descendante G-Z43085, âgée d'environ 3 400 ans, est partagée avec des populations du Maroc, de la péninsule Ibérique, de Syrie et d'Allemagne. Cette clade pourrait être liée à un flux génétique de la Méditerranée orientale vers la Méditerranée occidentale durant l'Empire romain, ou bien G-FT91208 pourrait avoir été transportée du Caucase du Nord vers l'Europe de l'Est, puis vers l'Europe de l'Ouest, par des groupes nomades plus tardifs. Le « lien méditerranéen » ainsi qu'une « arrivée non néolithique » semblent tous deux bien étayés, en tout état de cause.

G-M201 >G-L89 (G2)...>G-P15...>G-L30...>G-L140...>G-PF3345>**G-Z6779**>G-U1>G-FGC31390>G-L13>G-Z2024>**G-L1354**>**G-FTG35568**. Ce groupe se compose d'une famille, **Voeffray**. Elle a réalisé **deux** Big **Y-700**, un autosomal, un mtDNA, sans outsider. G-P15, G-L30 et G-L140 représentent des branches de premiers agriculteurs européens qui se sont fermement enracinées en Europe centrale et méridionale. G-L1354 pourrait refléter une lignée plus ancienne originaire de la région Méditerranée orientale-Caucase-Balkans, qui se serait dispersée à faible fréquence à travers l'Europe et le Proche-Orient. Sa présence en Arménie refléterait probablement une continuité régionale dans la zone source plus large, tandis que son apparition en Tchéquie (contexte slave), en Suisse et dans les Marches (Italie) pourrait refléter une diffusion et une fragmentation plus tardives durant l'Antiquité tardive. Dans l'ensemble, ce schéma correspond à un système stratifié de mobilité méditerranéenne et balkanique, les réseaux byzantins constituant probablement un vecteur principal, et les perturbations de l'ère des steppes un possible amplificateur de dispersion. Une « arrivée non néolithique » semble bien étayée.

G-M201 >G-L89 (G2)...>G-P15...>G-L30...>G-L140...>G-PF3345>**G-Z6779**>G-U1>G-FGC31390>G-L13>G-Z2024>**G-Z2022**...>G-Z6759>G-FGC995>**G-Z6764**. Ce groupe, arrivé tardivement au ^{xv}^e siècle, se compose d'une famille, **Délez – Guilloud**. Elle a réalisé **deux** Big **Y-700**, un autosomal, sans outsider. G-P15, G-L30 et G-L140 représentent des branches de premiers agriculteurs européens qui se sont fermement enracinées en Europe centrale et méridionale. G-Z6764, âgée d'environ 3 800 ans, reflète une lignée peut-être originaire de l'interface anatolienne-Caucase du Sud, qui s'est ensuite répandue selon une distribution très large mais fragmentée, à travers une mobilité historique répétée plutôt qu'un événement d'expansion unique. Sa présence à travers pratiquement toute l'Europe, ainsi que dans de nombreuses régions du Moyen-Orient et jusqu'au Tatarstan, correspond mieux à des vagues successives de redistribution via de vastes systèmes de connectivité. Une « arrivée non néolithique » semble bien étayée. Il pourrait plutôt s'agir d'une lignée potentiellement associée à une mobilité historique répétée, incluant peut-être des mouvements liés à l'Empire romain.

I-M253 (I1): Chappex (vallée de l'Eau Noire)

Haplogroupe I-M253 (I1) est une lignée native d'Europe du Nord dont les racines les plus profondes remontent aux populations de chasseurs-cueilleurs mésolithiques ayant survécu à la dernière période glaciaire. Bien que ses origines ancestrales soient anciennes, la lignée I1 a connu une croissance démographique significative durant les âges du bronze et du fer, façonnant sa distribution moderne à travers l'Europe du Nord et centrale.

I-M253 (I1) >I-L840...>I-DN29>I-Y2592...>I-S6346...>**I-Y23356**>I-Y61058...>I-FTC94912>I-FTC93295>**I-FTG35597**. Ce groupe se compose d'une famille, **Chappex**. Elle a réalisé deux Big Y-700, avec sept outsiders et un match Y-111, soit **neuf Big Y-700**, quatre autosomaux, deux mtDNA. Les branches descendantes I-DN29, I-S6346 et I-Y23356 représentent une diversification plus tardive au sein de la lignée I1. Leur structure phylogénétique est cohérente avec la différenciation régionale survenue lorsque les populations I1 se sont étendues depuis l'Europe du Nord vers certaines parties de l'Europe centrale, y compris des zones proches de l'avant-pays alpin. Bien que les routes de migration précises demeurent incertaines, ces branches ont probablement émergé à mesure que les communautés descendantes s'établissaient géographiquement et se localisaient de plus en plus durant la fin de la préhistoire et le début de la période historique.

I-M223 (I2) : Claret, Pache (vallée de l'Eau Noire). Derivaz (vallée du Trient)

Haplogroupe I-M223 (I2) est une lignée paternelle apparue il y a environ 14 000 à 17 000 ans en Europe, probablement parmi les chasseurs-cueilleurs de l'âge glaciaire. Certaines sous-clades sont devenues courantes en Europe centrale et occidentale, en particulier dans des régions comme l'Allemagne, les Pays-Bas et la Grande-Bretagne. D'autres se sont étendues davantage durant l'âge du bronze et les premières migrations germaniques.

I-M223 (I2) >I-P222>I-CTS616>**I-FGC15071**...>I-Z2059...>I-S16056>I-Y176112>I-BY65196>**I-FT304380**. Ce groupe se compose de deux familles représentant une macro-famille, **Claret, Pache**. Elles ont réalisé quatre Big Y-700, avec un outsider, **cinq Big Y-700**, deux autosomaux, un mtDNA. I-FGC15071 est une branche descendante plus récente qui représente une lignée familiale paternelle spécifique au sein d'I-M223 (I2). L'ancêtre commun de ces familles était un seul homme ayant probablement vécu dans un monde germanique au ^e siècle.

I-M223 (I2) >I-P222>I-CTS616>**I-CTS10057**...>I-P78...>I-A427...>I-FGC70552>I-FTA40070>**I-FTH11145**. Ce groupe se compose d'une famille, **Derivaz** (une branche), **un Big Y-700**, un autosomal, sans outsider. I-CTS10057 est une branche descendante plus récente qui représente une lignée familiale paternelle spécifique au sein d'I-M223 (I2). Les ancêtres de ce cluster pourraient appartenir au groupe culturel balkanique de l'époque romaine.

J-M172 (J2) : Revaz, Veuthey (vallée du Trient). Claivoz (région de Saint-Maurice). Chappot, Mathey (vallée du Trient).

J-M172 (J2) est un haplogroupe paternel ancien de l'ADN-Y, apparu il y a environ 32 000 ans. Ses nombreux haplogroupes descendants (sous-clades) se retrouvent à travers le monde, depuis les latitudes du sud de l'Inde jusqu'aux latitudes de l'Europe du Nord. On le trouve aujourd'hui en plus grande abondance en Géorgie, au Liban, en Irak, en Turquie, en Iran, ainsi que dans divers groupes juifs. J2 s'est largement répandu autour de la mer Méditerranée, au Moyen-Orient et dans certaines parties de l'Europe, souvent associé aux premiers agriculteurs, aux commerçants terrestres et maritimes, et aux civilisations anciennes. J2 représente l'une des principales lignées paternelles reliant l'Europe aux populations

anciennes de l'Égée, de l'Anatolie et des Balkans. Les principales sous-branches de J2 sont J-M102 et J-M410, toutes deux formées il y a environ 28 000 ans.

J-M172 (J2) > J-M410 (J2a)...>J-L24...>J-L25>**J-PF4888**>...>J-L264>J-FGC5925>J-FGC38880>J-Z39960>**J-FTG34920**. Ce groupe se compose de deux familles représentant une macro-famille, **Revaz, Veuthey**. Elles ont réalisé **quatre** Big **Y-700**, deux autosomaux, sans outsider. J-M410 est une branche majeure de J2 que l'on trouve principalement dans les pays et îles de la mer Méditerranée, en Asie Mineure, au Moyen-Orient et en Europe, avec plus de 26 000 descendants testés. Elle est liée aux populations juives et aux cohanim ashkénazes. J-PF4888 est l'une des trois branches majeures de J-L25. Les branches sœurs incluent J-Z438 et J-F3133, et l'on estime que ces trois branches sœurs se sont formées il y a environ 9 000 ans. Des restes anciens (datés d'environ 1400 av. J.-C.) d'un individu phénicien/carthaginois, provenant d'un site funéraire à Tunis, en Tunisie, ont été identifiés comme appartenant à J-L264. La lignée J-L264, formée il y a environ 8 000 ans, est associée aux migrations phéniciennes/carthagoises et eurasiennes anciennes.

J-M172 (J2) > J-M410 (J2a)...>J-L24...>J-L25>**J-Z438**>...>J-FGC35503...>J-FGC35489>J-FGC35470>J-FGC35474>J-FT86817>**J-FTH66567**. Ce groupe se compose d'une famille, **Claivoz**. Elle a réalisé **deux** Big **Y-700**, un autosomal, sans outsider. J-Z438 est une branche ancienne de L25 formée il y a environ 9 000 ans, probablement dans la région du Croissant fertile, en Turquie, en Irak, en Syrie, au Liban, en Israël, en Palestine et en Jordanie, associée à l'essor de l'agriculture, comme observé pour tous les haplogroupes J2. J-Z438 a été identifié précocement par son marqueur Y-STR caractéristique unique, connu sous le nom de DYS445=6. DYS445=6 a été détecté dès les premiers tests ADN (vers 2005) réalisés sur des populations indigènes de Turquie (Anatolie).

J-M172 (J2) > J-M102 (J2b)...>J-L283...>J-Z615...>J-Z1297...>J-Z631...>J-BY92405>J-FTD29000>**J-FTD28647**. Ce groupe se compose de deux familles représentant une macro-famille, **Chappot, Mathey**. Elles ont réalisé quatre Big Y-700, un match Y-37, un autosomal, un mtDNA, avec 7 outsiders, un match Y-37, soit **11** Big **Y-700**, 6 autosomaux, 4 mtDNA. J-M102 est une branche majeure de J2 formée dans le cadre d'expansions vers le sud-est et le centre de l'Europe, où les lignées J2 se sont établies aux côtés des populations locales. Ces branches sont souvent liées à des réseaux culturels et économiques de longue distance qui reliaient le monde méditerranéen à l'Europe continentale durant l'Antiquité. L'haplogroupe J-L283 est une branche européenne et méditerranéenne majeure de J-M102 (J2b), avec les fréquences modernes les plus élevées observées dans les Balkans occidentaux et une présence notable en Italie, souvent diffusée par le biais des migrations d'origine romaine. Elle serait originaire du Caucase/d'Asie occidentale, avant de migrer à travers les Balkans.

Q-M242 : Cergneux (vallée du Trient)

La lignée paternelle appartient à l'**haplogroupe Y-DNA Q2-M242**, une lignée dont les origines les plus profondes se trouvent en Eurasie du Nord et en Asie centrale, où elle est apparue parmi les populations de chasseurs-cueilleurs du paléolithique supérieur. Bien que l'haplogroupe Q soit surtout connu pour ses branches en Sibérie et dans les Amériques, la lignée Q2 représente une extension précoce vers l'Ouest, établie dans certaines parties de l'Eurasie bien avant l'époque historique.

Q-M242 > Q-L275 (Q2)...> **Q-L245**...> Q-FT399443> Q-BZ6> Q-FT117032> Q-BZ301> Q-BZ302> Q-FTG35779. Ce groupe se compose d'une famille, **Cergneux**. Elle a réalisé deux Big Y-700, avec trois outsiders, soit **cinq** Big **Y-700**, quatre autosomaux, quatre mtDNA. Q-L245 reflète une diversification ancienne, à mesure que les populations Q2 se répandaient à travers l'Eurasie intérieure et l'Europe de l'Est, probablement durant la fin de la préhistoire. Au fil du temps, certaines branches se sont déplacées plus à l'Ouest et sont peut-être arrivées avec des migrants néolithiques ou de l'âge du bronze, s'intégrant aux populations européennes par une migration et une assimilation progressives plutôt que par un remplacement massif de population.

R1a R-M198 : Cheseaux, Hugon, Lugon-Moulin, Lugon (vallée du Trient)

Haplogroupe R1a R-M198 est une lignée paternelle majeure formée il y a environ 16 000 à 12 000 ans, probablement en Eurasie (Europe de l'Est ou Asie centrale). Ses porteurs se sont largement répandus durant les migrations de l'âge du bronze, communément associées aux populations de langue indo-européenne. Elle est aujourd'hui courante en Europe de l'Est, en Asie centrale et en Asie du Sud.

R1a...> **R-M198**> R-YP1051> **R-BY40276**> R-FT196458> **R-FTC69546**. Ce groupe se compose de quatre familles représentant une macro-famille, **Cheseaux, Hugon, Lugon-Moulin, Lugon**. Elles ont réalisé **neuf** Big **Y-700**, trois autosomaux et quatre mtDNA, sans outsider. Parce qu'elle se situe sur la branche relativement rare R-YP1051 de R-M198, plutôt que sur la branche bien plus importante R-M417, BY40276 représente une lignée peu commune au sein de la famille R1 au sens large.

R1b R-L151

Haplogroupe R1b R-L151 est une lignée paternelle majeure qui s'est étendue depuis la steppe eurasiennne vers l'Europe occidentale et centrale il y a environ 4 500 à 5 000 ans, durant l'âge du bronze. Elle est associée à la diffusion des cultures indo-européennes, y compris les expansions culturelles de la céramique cordée et du campaniforme à travers l'Europe.

R1b R-L151 R-U106 : Fournier, Jacquier (vallée du Trient)

R1b...> **R-L151**> **R-U106**> R-Z2265...> R-Z156...> R-S22047...> R-FGC46344> R-FGC68956> R-S19552> R-FGC68946> R-FT422239> **R-FTD7977**. Ce groupe se compose de deux familles représentant une macro-famille, **Fournier, Jacquier**. Elles ont réalisé six Big Y-700, avec deux outsiders, soit **huit** Big **Y-700**, trois autosomaux, deux mtDNA. L'haplogroupe R-U106 est l'une des principales branches de R1b en Europe du Nord et du Nord-Ouest. Il est aujourd'hui le plus courant dans les régions historiquement associées aux populations germanophones, notamment l'Allemagne, les Pays-Bas, la Scandinavie et certaines parties des îles Britanniques. La présence de ce SNP terminal en Suisse reflète la diversification régionale des lignées R-U106 et leur intégration dans des populations d'Europe centrale établies de longue date, au fil de nombreux siècles.

R1b R-L151 R-L21 : Décaillet – Caillet, Frasseren, Jacquemoud, Lonfat (vallée du Trient et Argentière)

R1b...> R-L151>R-P312>R-Z290>R-L21>R-S552>R-DF13>R-Z39589>R-DF49>R-BY222288>R-FT413073>R-FTC18469>R-FTH36498. Ce groupe se compose de quatre familles représentant une macro-famille, **Décaillet – Caillet, Frasseren, Jacquemoud, Lonfat**. Elles ont réalisé 14 Big Y-700, avec un outsider, soit **15 Big Y-700**, 5 autosomaux, 3 mtDNA. R-L21 est une lignée paternelle dont les origines se situent en Europe occidentale, apparue à la fin du néolithique ou au début de l'âge du bronze. Bien que cette lignée soit aujourd'hui le plus fortement associée à l'Europe atlantique, certaines branches descendantes se sont étendues vers l'Europe centrale à travers diverses migrations préhistoriques et historiques. La présence de ce SNP terminal en Suisse reflète la diversification régionale des lignées R-L21 et leur intégration dans des populations d'Europe centrale établies de longue date, au fil de nombreux siècles.

R1b R-L151 R-DF99 : Dunand (vallée de l'Eau Noire). **Gross** (vallée du Trient)

R1b...> R-L151>R-P312>R-Z46516>R-FGC84729>R-DF99>R-29643>R-FG-C16982>R-S16136>R-FGC16979...>R-BY15497>R-BY15485. Ce groupe se compose d'une famille, **Dunand** (une branche). Elle a réalisé **un** Big Y-700, sans outsider. L'haplogroupe R-DF99 est une branche descendante de R1b-L21 apparue durant l'âge du bronze ou plus tard en Europe occidentale. Le SNP terminal identifié dans les Alpes représente une subdivision plus récente de cette lignée, probablement développée après que R-DF99 se soit déjà diversifiée. Sa présence reflète l'établissement et l'évolution régionale à long terme des lignées paternelles en Europe centrale, bien que les routes migratoires précises et les processus historiques ayant conduit à son établissement demeurent incertains.

R1b...> R-L151>R-P312>R-Z46516>R-FGC84729>R-DF99>R-29643>R-FG-C16982>R-S16136>R-S21914>R-BY15507>R-FTH65525. Ce groupe se compose d'une famille, **Gross**. Elle a réalisé **trois** Big Y-700, sans outsider. L'haplogroupe R-DF99 est une branche descendante de R1b-L21 apparue durant l'âge du bronze ou plus tard en Europe occidentale. Le SNP terminal identifié en Suisse représente une subdivision plus récente de cette lignée, probablement développée après que R-DF99 se soit déjà diversifiée. Sa présence en Suisse reflète l'établissement et l'évolution régionale à long terme des lignées paternelles en Europe centrale, bien que les routes migratoires précises et les processus historiques ayant conduit à son établissement demeurent incertains.

R1b R-L151 R-U152 : Ancey – Ançay, Berguerand, Burnet, Carrier, Cretton, Girard, Mermoud, Moret, Vouilloz (vallée de l'Eau Noire et Argentière)

R1b...> R-L151>R-P312>R-Z46516>R-ZZ11>R-U152>R-L2>R-Z49>R-S15208>R-FT424363>R-BY3620>R-FT380129>R-FTC62186>R-FTC68494. Ce groupe se compose de neuf familles représentant une macro-famille, **Ancey – Ançay, Berguerand, Burnet, Carrier, Cretton, Girard, Mermoud, Moret, Vouilloz**. Elles ont réalisé **18** Big Y-700, 3 matches Y-37, sans outsider, 4 autosomaux, 3 mtDNA. **R-U152** est 1 descendant de R-L151, couramment observé dans des régions

associées aux anciennes populations celtiques et romaines, en particulier en Italie, en France et en Suisse. L'ancêtre commun de ces familles était un seul homme ayant probablement vécu dans un monde germanique durant la seconde moitié du IX^e siècle.

R1b R-L151 R-DF27 : Claivaz, Délez, Gay – Guex, Gay-Balmaz, Gay-Couttet, Gay-Crosier – Guex-Crosier, Gay-des-Combes, Gay-Fraret, Mottier (vallée du Trient), **Abbet** (vallée de l'Eau Noire).

R1b...> R-L151>R-P312>R-Z46516>R-ZZ11>R-DF27>R-Z195>R-Z198>R-CTS4188>R-S14445>R-Z29704>R-BY3268>R-Y26745>R-BY27745>R-BY27682.

Ce groupe se compose de neuf familles représentant une macro-famille, **Claivaz, Délez, Gay – Guex, Gay-Balmaz, Gay-Couttet, Gay-Crosier – Guex-Crosier, Gay-des-Combes, Gay-Fraret, Mottier**. Elles ont réalisé 18 Big Y-700, avec 16 outsiders (14 du Valais), soit **34 Big Y-700**, 6 autosomaux, 4 mtDNA. R-Z198 est une branche descendante de R-DF27 qui s'est principalement étendue à travers la péninsule Ibérique et certaines parties du sud-ouest de la France durant les âges du bronze et du fer. Bien que ses fréquences les plus élevées se trouvent en Europe occidentale, certaines lignées descendantes se sont répandues vers des régions au nord des Alpes, y compris certaines parties de l'Europe centrale. Le SNP terminal suisse représente une étape ultérieure dans la diversification de cette lignée, reflétant sa présence et son développement régional de longue date en Europe centrale.

R1b...> R-L151>R-P312>R-Z46516>R-ZZ11>R-DF27>R-Z195>R-Z274>R-DF17...>R-FGC14113>R-Y134059>R-Y134065>R-S1302>R-FTF29279. Ce groupe se compose d'une famille, **Abbet**. Elle a réalisé **trois Big Y-700**, un autosomal, sans outsider. R-Z274 est une branche descendante de R-DF27, une lignée majeure d'Europe occidentale au sein de R1b-P312, qui s'est principalement étendue à travers la péninsule Ibérique et le sud-ouest de la France durant l'âge du bronze. Bien que DF27 soit le plus fortement associée à l'Ibérie, certaines branches descendantes se retrouvent plus largement à travers l'Europe occidentale et centrale. La présence d'un SNP terminal en Suisse reflète une étape ultérieure dans la diversification de cette lignée et son intégration de longue date dans les populations d'Europe centrale.



XI • POPULATIONS EN MOUVEMENT ET DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE

« Chaque haplogroupe raconte un voyage jadis entrepris. »

Les populations ont toujours été en mouvement. Les chasseurs-cueilleurs mésolithiques occidentaux, la transition néolithique avec l'arrivée des premiers agriculteurs européens, les âges des métaux, les éleveurs des steppes et les expansions balkaniques, les migrations de l'Antiquité ouest-asiatique et méditerranéenne, le Moyen Âge, sans même parler d'aujourd'hui...

Dans notre recherche, un objectif a été atteint : découvrir d'où venaient les premiers occupants de deux vallées des Alpes, la diversité de leurs origines, et, pour certains d'entre eux, comprendre le moment de leur arrivée et leur dernier trajet.

Quand les 21 clusters sont-ils arrivés ?

Nous avons constaté qu'**au sein d'un même haplogroupe** avec des sous-clades distinctes, certains ont pu arriver dans les vallées du Trient et de l'Eau Noire il y a très longtemps, tandis que d'autres, avec certitude, seulement vers 1100 apr. J.-C. La raison principale en est que les abbés alpins, dont ceux du monastère de Saint-Maurice d'Agaune, seigneurs de la communauté de Salvan, ont activement encouragé les migrants à s'installer sur leurs terres. Déjà avant, mais surtout vers 1000-1200 apr. J.-C., des colons appartenant à d'anciens haplogroupes vivant quelque part le long de certains monastères en Suisse et dans le sud-est de l'Allemagne pourraient bien avoir été les derniers à atteindre une terre façonnée par des vagues successives de migration et de remplacement de population.

Dans notre analyse, certaines de ces migrations sont bien comprises, beaucoup restent encore non résolues. Sur 21 sous-clades, 8 offrent des indices sur leur origine et le moment de leur migration vers les vallées du Trient et de l'Eau Noire. La proportion est légèrement différente pour les familles : sur 51 familles, 26 ont leur dernier trajet connu, ainsi que le moment de leur arrivée, dans un intervalle de confiance déterminé.

Les indices sont le plus souvent les mêmes : une lignée dont le TMRCA correspond à la période migratoire et présente des liens génétiques avec la zone d'origine présumée, par exemple l'Oberland bernois, en Suisse, confortant l'idée d'un établissement lié à une migration.

Huit familles présentent des correspondances proches, vers 1000... 1100 apr. J.-C., avec des testeurs de Suisse centrale ou du sud-est de l'Allemagne. Pour la famille restante, la distance entre leur MRCA et la première correspondance est si importante qu'elle laisse un écart trop substantiel pour permettre de comprendre où vivaient leurs ancêtres.

À l'avenir, une faiblesse devrait être corrigée, qui pourrait apporter des indices sur diverses sous-clades ! Le canton du Valais (Wallis) recèle une richesse archéologique extraordinaire. La quantité d'ossements anciens préservés à travers de nombreuses régions du canton est spectaculaire. Il existe cependant des exceptions. Par exemple, aucun ossement n'a été préservé dans les vallées du Trient et de l'Eau Noire. De plus, le canton n'a apparemment pas encore réalisé d'analyses ADN-Y et ADN-mt, et n'est donc pas en mesure de fournir à la base de

données du laboratoire (contenant plus de 7 300 échantillons anciens d'ADN-Y) le moindre point de comparaison⁴⁴.

Sur plus de 200 tests ADN-Y 700, plus de 150 ont été sélectionnés pour l'analyse⁴⁵, sans compter les centaines d'« outsiders » aux correspondances lointaines.

Durant la période de collecte des tests, il est devenu évident et nécessaire de tester de nombreuses familles des villages voisins, vers lesquels des familles du Trient ou de l'Eau Noire ont pu migrer au fil des siècles sans laisser de traces dans la documentation. Plusieurs dizaines de tests ADN-Y 700 supplémentaires ont alors été réalisés.

Il sera intéressant, à un moment donné, de comparer la **diversité génétique** des vallées du Trient et de l'Eau Noire avec d'autres régions des Alpes. À l'avenir, les analystes tireront sûrement parti des techniques les plus récentes disponibles, éviteront un certain nombre d'écueils, et offriront des éclairages similaires sur les haplogroupes et sous-clades.

Les échantillons ne seront plus choisis au hasard au sein d'une région cible ou d'une autre. Les analystes prendront en compte la généalogie moderne **et** médiévale. Ils écarteront évidemment de leurs analyses certains individus étroitement apparentés, un événement plutôt rare que la généalogie moderne a appris à maîtriser. Bénéficiant de leur connaissance de la généalogie médiévale, ils éviteront un biais très important : tester des personnes dont les ascendants ne sont arrivés dans la région analysée que quelques siècles auparavant, avec des origines lointaines et peu communes⁴⁶. Aujourd'hui, compte tenu des changements spectaculaires dans la composition de la population, même dans les lieux les plus reculés où les anciennes familles sont progressivement remplacées par de nouveaux arrivants, tomber dans de tels pièges produirait des distorsions significatives.

Les analyses ne s'appuieront plus, par exemple, sur 23...37 marqueurs Y-STR, empêchant les chercheurs de découvrir les MRCA modernes et anciens ainsi que les macro-familles médiévales, essentiels pour établir des statistiques correctes, alors qu'au moins 600, voire jusqu'à 838 marqueurs Y-STR sont désormais disponibles.

L'aspect des variations de fertilité et de capacité reproductive entre clusters au fil des siècles sera pris en compte. Très souvent, l'effet fondateur a été ignoré. À l'avenir, les chercheurs obtiendront des sous-clades très précises, compte tenu du niveau élevé de marqueurs Y-STR obtenu. De plus, ils bénéficieront d'informations médiévales précises sur l'EKA d'un cluster. Un homme identifié en 1250 dans la documentation, à l'origine documentée de 10 familles vivant aujourd'hui sous des noms de famille différents, générant une population importante, a une influence totalement différente sur la diversité génétique actuelle d'une communauté spécifique qu'un homme également identifié en 1250, à l'origine d'une seule famille dont les descendants sont incomparablement moins nombreux.

44. Un projet est actuellement en cours, laissant espérer que certaines données deviendront disponibles dans les années à venir.

45. Quelques-uns d'entre eux étaient des testeurs originaires d'Argentière, avec une parenté évidente et le même EKA que certaines familles de Vallorcine.

46. Dans le village de l'auteur, vers 1900, 95 % de la population descendait de familles déjà présentes dans la vallée du Trient avant 1200 apr. J.-C. Vers 1945, juste avant la naissance de l'auteur, ce pourcentage était d'environ 85 %. Aujourd'hui, ce pourcentage est d'environ 40 %. Cette situation est représentative de l'évolution pertinente des vallées du Trient et de l'Eau Noire, et probablement de la plupart des vallées alpines.

L'objectif de cette recherche est avant tout centré sur la découverte de l'origine des migrants ayant progressivement peuplé les deux vallées. Le calcul des pourcentages d'haplogroupes et de sous-clades pour la population actuelle a déjà été réalisé de nombreuses fois par le passé par d'autres chercheurs. Les résultats n'étaient malheureusement pas adéquats, souffrant de trop nombreux biais comme décrit ci-dessus.

Dans la mesure où la généalogie médiévale, confirmée par une analyse génétique approfondie, nous a permis de comprendre précisément les structures familiales, en cohérence avec notre objectif de découvrir cette structure au plus près des derniers temps migratoires, nous utiliserons ces données pour calculer les pourcentages de population des sous-clades. **Par conséquent, seul l'EKA unique (ou MRCA ancien) des nombreuses familles actuelles sera pris en considération.**

Un exemple manifeste peut être donné avec le cluster R1b R-L151 R-DF27 R-Z198. Un MRCA calculé, R-BY27682, né vers 700 apr. J.-C. dans un intervalle de confiance (i.c.) assez large, d'environ 374 à 978 apr. J.-C., migre de la Suisse centrale vers le Valais (Wallis). Il arrive à proximité du monastère de Saint-Maurice d'Agaune, très probablement plus tard, vers 850 apr. J.-C. L'un de ses descendants reste dans cette région, encore représenté aujourd'hui sous un nom de famille spécifique. Deux de ses descendants s'installent au *Mont de Salvan*, l'un dans un lieu sauvage, inhospitalier et perdu appelé Le Trétien, donnant naissance au fil des siècles à une famille encore représentée aujourd'hui, l'autre au Bioley, au-dessus de Salvan, donnant naissance à huit familles encore représentées aujourd'hui. Un autre de ses descendants reste dans la région de Sion, et voit ses descendants demeurer à Savièse et dans d'autres localités du Val d'Hérens et des environs, dix familles au total encore représentées aujourd'hui. Cet ancêtre a donné naissance à (à ce jour découvertes) 21 familles.

On peut aisément imaginer que des chercheurs, aujourd'hui, ignorant cette situation, testant de nombreuses, voire la totalité des 21 familles au lieu d'une seule ou de quelques-unes, obtiendraient une distribution très erronée de cette sous-clade au tournant du premier millénaire.

La géographie unique des deux vallées a intrinsèquement favorisé des conditions d'isolement génétique. Ce contact limité avec les populations extérieures a eu des conséquences : préservation de lignées, de variants génétiques uniques, et d'ADN-Y ancien qui auraient pu être perdus dans des populations plus cosmopolites, ainsi que des effets fondateurs. Si les vallées ont été initialement peuplées par un petit nombre de familles ou d'individus fondateurs, leurs profils génétiques spécifiques, et bien sûr leur ADN-Y, ont pu devenir disproportionnellement communs dans les générations suivantes, en raison du hasard et d'une diversité génétique initiale limitée.

Pour comprendre l'impact de notre méthode sur les statistiques, nous comparons le pourcentage des différents haplogroupes et sous-clades énumérés dans le chapitre précédent, une fois sur la base des familles testées aujourd'hui, une fois sur la base de leur ancêtre commun découvert à l'époque médiévale, principalement au cours du XIII^e siècle et parfois déjà à la fin du XII^e siècle. **Se rapprocher bien davantage des temps migratoires produit une analyse beaucoup plus robuste et précise, en particulier lorsqu'on observe des exemples comme celui du MRCA calculé R-BY27682, à l'origine d'une lignée ayant survécu dans un lieu sauvage et perdu pendant des siècles sans s'étendre, et d'une autre ayant littéralement explosé au fil du temps.**

RÉALITÉ DES MOUVEMENTS MIGRATOIRES

Pourcentage du nombre de familles pour chaque haplogroupe et sous-clade entre aujourd'hui et 1250 apr. J.-C., à l'exclusion des trois familles arrivées tardivement

	Haplogroupes et sub-clades	Salvan et Vallorcine : aujourd'hui, nombre de familles	%/ 48 familles	Salvan : aux environs de 1200, nombre de familles	Vallorcine : aux environs de 1300, nombre de familles	Total : nombre de familles aux environs de 1200 – 1300	%/ 26 familles
1	E -M35 E-V12	1	2.08%		1	1	3.85%
2	E -M35 E-V13	1	2.08%		1	1	3.85%
3	G -M201 G-Z39367	5	10.42%	1		1	3.85%
4	G -M201 G-CTS342	1	2.08%	1		1	3.85%
5	G -M201 G-Z6779 G-L1354	1	2.08%	1		1	3.85%
6	I -M253 (I1) I-FTC93295	1	2.08%	1		1	3.85%
7	I -M223 (I2) I-FGC15071	2	4.17%		2	2	7.69%
8	I -M223 (I2) I-CST10057	1	2.08%	1		1	3.85%
9	J -M172 J-M410 (J2a)	2	4.17%	1		1	3.85%
10	J -M172 J-M102 (J2b)	2	4.17%	2		2	7.69%
11	Q -M242 Q-L245	1	2.08%	1		1	3.85%
12	R 1a R-M198 R-BY40276	4	8.33%	1		1	3.85%
13	R 1b R-L151 R-U106	2	4.17%	1		1	3.85%
14	R 1b R-L151 R-L21	4	8.33%	2		2	7.69%
15	R 1b R-L151 R-DF99	1	2.08%		1	1	3.85%
16	R 1b R-L151 R-U152	9	18.75%		5	5	19.23%
17	R 1b R-L151 R-DF27 R-Z198	9	18.75%	2		2	7.69%
18	R 1b R-L151 R-DF27 R-Z274	1	2.08%		1	1	3.85%
	TOTAL	48	~100%	15	11	26	~100%

Cette étude aide à déterminer si certaines lignées sont sur- ou sous-représentées dans les deux vallées, ce qui pourrait indiquer des effets fondateurs ou une dérive génétique à long terme. Sur 800 ans, grâce à des ancêtres plus prolifiques, certains clusters ont évolué plus favorablement que d'autres.

La comparaison avec certains rapports existant sur le sujet n'est pas possible à ce stade, pour les raisons expliquées précédemment, les nombreux biais étant trop substantiels. Néanmoins, une telle information sera disponible grâce aux résultats obtenus par certaines communautés étudiées dans le cadre du projet ValaisADN-WallisDNA⁴⁷.

Les statistiques des sous-clades sont les seules pertinentes pour ce travail. Elles seront détaillées dans l'étude de chaque cluster. Les calculs pour les haplogroupes généraux donneraient les résultats suivants.

Le pourcentage du cluster E, de 7,7 %, s'est dilué à 4,16 % au fil des siècles, soit une réduction d'environ 46 %, principalement due au fait qu'il n'a pas produit de nouvelles familles comparé à certaines autres sous-clades.

Le pourcentage du cluster G, de 11,5 %, a augmenté à 14,58 % au fil des siècles, soit une croissance d'environ 27 %, une hausse modeste si l'on considère que les trois familles existant en 1200 ont donné naissance à sept familles aujourd'hui.

47. Les macro-familles du projet ValaisADN-WallisDNA, encore en cours de constitution (actuellement environ 650 testeurs, pour la plupart descendants de familles médiévales), ne sont pas encore largement étudiées, à l'exception du projet du Val d'Hérens, très avancé et exceptionnellement bien construit.

Le pourcentage du cluster I1, de 3,85 %, s'est dilué à 2,08 % au fil des siècles, soit une réduction d'environ 46 %, principalement due au fait qu'il n'a pas produit de nouvelles familles comparé à certaines autres sous-clades.

Le pourcentage du cluster I2, de 11,54 %, s'est dilué à 6,25 % au fil des siècles, soit une réduction d'environ 46 %, principalement due au fait qu'il n'a pas produit de nouvelles familles comparé à certaines autres sous-clades.

Le pourcentage du cluster J2, de 11,54 %, s'est dilué à 8,34 % au fil des siècles, soit une réduction d'environ 28 %, bien qu'il ait produit une famille supplémentaire.

Le pourcentage du cluster Q, de 3,85 %, s'est dilué à 2,08 % au fil des siècles, soit une réduction d'environ 46 %, principalement due au fait qu'il n'a pas produit de nouvelles familles comparé à certaines autres sous-clades.

Le pourcentage du cluster R1a, de 3,85 %, a plus que doublé pour atteindre 8,33 % au fil des siècles, soit une augmentation d'environ 116 %, principalement due au fait qu'il a produit trois nouvelles familles, contrairement à d'autres sous-clades.

Les différentes sous-clades R1b, représentant aujourd'hui environ 54,16 %, n'étaient en réalité que 46,16 % il y a 800 ans, soit une augmentation d'environ 16 %, en décalage avec les 14 nouvelles familles créées par les 12 familles d'origine existant vers 1200.

Un mot sur les migrations Walser, un phénomène enfin sérieusement étudié depuis la découverte de la plus grande colonie au sein du monde francoprovençal, Évolène, en Valais (Wallis)⁴⁸. À l'heure de cette publication, aucune des 51 familles étudiées dans les vallées du Trient et de l'Eau Noire ne semble avoir d'origine Walser. Seules deux d'entre elles, issues d'un EKA vivant à Salvan vers 1200 apr. J.-C., correspondent à diverses familles Walser de l'Oberland bernois, du Haut-Valais (Oberwallis), ainsi que du nord de l'Italie et des Grisons, ayant migré de l'Oberland bernois vers le Haut-Valais vers 800 ou 900 apr. J.-C. L'ancêtre de cet EKA, comme tant d'autres ancêtres de familles des vallées du Trient et de l'Eau Noire et de tant de vallées voisines, a très probablement migré depuis les vallées de l'Emmental et du Simmental, ou de Suisse centrale, par les cols habituels – le col des Mosses, le col du Pillon, le col de la Croix – menant à Aigle, Bex, une région appartenant au monastère de Saint-Maurice d'Agaune⁴⁹, également seigneur de Salvan dans la vallée du Trient, où les abbés envoyèrent tant de migrants d'origine germanique au fil des siècles.

Ce panorama exhaustif de la génétique des populations d'origine des vallées du Trient et de l'Eau Noire ne bénéficie pas seulement de la nouvelle technique révolutionnaire d'analyse de données pangénomiques, mais est également complété par des sources médiévales, offrant une profondeur et une résolution bien plus grandes pour comprendre comment les communautés ont vu leur processus démographique façonner la structure génétique actuelle de leurs descendants.

La recherche génétique offre la possibilité de découvrir des liens jusqu'alors inconnus entre les familles, tant au sein des vallées qu'entre elles, et, plus important encore, des liens avec des « outsiders » venus de Suisse ou d'autres pays européens. Offrant une validation indépendante des récits historiques de migration, d'installation et de persistance.



48. Une réalisation formidable de Charles-Albert Beytrison et Hervé Mayoraz, chercheurs ayant réussi à bâtir, pour leur propre région, le Val d'Hérens, en Valais (Wallis), une base de données similaire à celui de la présente étude, ainsi qu'une généalogie incroyable pour toutes les familles depuis l'époque médiévale jusqu'à aujourd'hui.

49. À l'époque médiévale, les mentions de *Theutonici*, *Allamand*... vivant dans cette zone sont très nombreuses.

XII • FORCES DE L'ANALYSE

«Les pages suivantes exposent en quoi cette méthode elle-même est significative ; le chapitre de conclusion se penchera ensuite sur ce qu'elle a concrètement révélé.»

«Au-delà des histoires familiales individuelles, cette étude est en mesure de contribuer à une compréhension plus large des processus micro-évolutifs. Les vallées suisses isolées, avec leurs histoires documentées et leurs populations relativement stables sur de longues périodes, constituent de précieux laboratoires naturels pour observer les effets de la dérive génétique, des effets fondateurs, et de la survie des lignées à long terme au sein de populations humaines structurées géographiquement. En documentant les lignées d'ADN-Y, leurs fréquences, leurs répartitions géographiques, et leurs temps estimés d'origine ou de divergence, cette recherche peut fournir des données empiriques sur la manière dont ces forces évolutives fondamentales ont opéré au fil des siècles, au sein de cadres historiques et géographiques connus. Cette contribution étend la portée des résultats au-delà de la généalogie suisse, vers le champ plus large de la génétique des populations humaines.

Enfin, les résultats d'une telle recherche peuvent avoir une résonance culturelle profonde. Pour les descendants de ces familles des vallées suisses, la découverte de liens génétiques tangibles avec leur passé ancestral profond peut être une expérience puissante, favorisant un intérêt renouvelé pour l'histoire locale, la préservation des archives historiques et des traditions orales, et la sauvegarde du patrimoine culturel unique associé à ces familles fondatrices et à leur héritage durable. Ainsi, une investigation scientifique rigoureuse sur le passé génétique peut catalyser une appréciation plus profonde et un engagement plus fort envers les récits historiques et culturels qui façonnent les identités d'aujourd'hui⁵⁰. »

Ce rapport a démontré une stratégie complète pour l'emploi de la généalogie génétique, avec un accent principal sur l'ADN-Y, retraçant des liens jusqu'à l'époque médiévale. Une approche interdisciplinaire est plus qu'essentielle. L'intégration prudente et critique des résultats génétiques a dû se faire avec une recherche historique, onomastique et généalogique traditionnelle méticuleuse. Les deux ensemble apportent un éclairage sérieux et une approche fructueuse de la tapisserie complexe du passé. Souvent, l'information médiévale est parfaitement en accord avec les résultats génétiques. Parfois, des corrections s'imposent, liées à des incompréhensions médiévales ou à une absence d'information ayant conduit à des suppositions qui se sont révélées inadéquates.

Ce travail a offert des découvertes plutôt fantastiques, de grandes macro-familles formées juste avant l'arrivée des informations d'archives, des MRCA surprenants avec des familles vivant dans des villages voisins ou d'autres localités suisses ou étrangères. Il a plus d'une fois confirmé des suppositions logiques formulées lorsque la documentation ne suffisait pas pour en apporter la preuve formelle.

Élément crucial pour le projet, la découverte de sous-clades spécifiques définies par une série de SNP en aval s'est révélée absolument nécessaire pour affiner les liens ancestraux avec le cadre temporel médiéval et les relier, pour une meilleure compréhension des migrations à l'intérieur des deux vallées. Nous

50. Dave Vance. Cf. *Unveiling Medieval Patrilineal Landscapes: a Genetic Genealogy Study of Surnames in Isolated Swiss Valleys*.

avons d'abord identifié des clusters potentiels d'hommes partageant un nom de famille et semblant apparentés sur la lignée paternelle d'après leurs profils Y-STR. Une fois ces clusters identifiés, les individus ont bénéficié d'un test Y-SNP à haute résolution, confirmant les liens ancestraux plus profonds, avec un TMRCA calculé. L'apparition de branches spécifiques jusque-là inconnues, non repérées dans les sources d'archives pertinentes, non fondées sur des légendes ou des suppositions, apportait alors certaines modifications à l'histoire de la famille. À l'inverse, certaines dates calculées de branches avec une datation moderne précise amèneront le généalogiste moderne à corriger l'information génétique.

Les principales forces de cette analyse peuvent se résumer ainsi.

- Elle a lieu dans deux vallées isolées où l'isolement a limité les flux génétiques externes importants, facilitant la compréhension des généalogies familiales médiévales.
- Elle a étudié une population dont la mobilité s'est dirigée exclusivement vers le monde francoprovençal. Un afflux extrêmement limité de nouveaux arrivants nous a permis de détecter et d'écarter toute forme de métissage et de minimiser le bruit éventuellement produit par un apport génétique Y externe continu.
- Elle a étudié les noms de famille depuis leur première apparition vers 1200 apr. J.-C., une exploration rarement menée à terme dans les Alpes, fruit de 20 années de travail de recherche.
- Elle a étudié les multiples changements documentés de noms de famille, médiévaux et post-médiévaux, une nécessité absolue pour une analyse complète, un phénomène même méconnu de certains médiévistes. Elle a analysé des milliers de documents issus de collections d'archives bien documentées, permettant de comprendre le processus de transformation des noms de famille.
- Elle a sélectionné des descendants de 32 familles présentes vers 1200 apr. J.-C. et avant, des descendants de 16 familles dont les ancêtres sont arrivés vers 1260, des descendants de trois familles dont les ancêtres sont arrivés avant 1500. Aucun autre colon plus récent ne fait partie de l'étude.
- Elle a exclusivement testé des descendants officiels anonymes de familles médiévales bénéficiant d'une lignée patrilineaire directe, à travers un, deux, trois ou davantage de noms de famille successifs au fil des siècles. Ces testeurs bénéficient d'arbres généalogiques de 700 à 800 ans, soit 23 à 26 générations.
- Elle a testé au moins deux, mais très souvent bien plus, de descendants d'un même EKA appartenant à des branches différentes, s'étant séparées au moins avant 1800 apr. J.-C.
- Elle a intégré les données génétiques et historiques pour chacune des 51 familles.
- Elle a dressé les 21 clusters génétiques des deux vallées par ordre chronologique.
- Elle a évalué, pour chaque famille, la corrélation entre la recherche généalogique médiévale et les résultats génétiques.



XIII • CORRÉLATION ENTRE LES RÉSULTATS ADN-Y ET MÉDIÉVAUX

« *Ancêtres confirmés : une première rencontre entre l'ADN-Y et les archives médiévales dans les Alpes.* »

Pour chacune des 51 familles qui seront concernées dans les parties suivantes, une analyse de la corrélation entre les données d'archives médiévales et les résultats ADN-Y sera présentée, accompagnée de leurs arbres phylogénétiques. En généalogie moderne, les dates exactes de chaque branche sont connues, bien que les données génétiques leur associent encore des marges d'erreur pouvant être assez importantes selon les circonstances.

Sur les 51 familles, une telle analyse n'est précise que pour les 35 familles de la communauté de Salvan, en raison du manque d'archives couvrant l'arrivée des colons de Vallorcine. Néanmoins, l'analyse des 16 anciennes familles de Vallorcine confirme les impressions de l'auteur au moment de la publication de *L'erba*⁵¹ : les migrants germaniques étaient peu nombreux. En effet, seules six, voire éventuellement sept familles ou groupes de familles (une macro-famille étant composée de neuf familles) originaires de ce lieu ou de hameaux voisins présentent une signature ADN-Y spécifique.

Un bref aperçu de cette corrélation peut se résumer ainsi.

Communauté de Salvan à l'époque médiévale, 35 familles

Les familles Bochatay – Bochatay, Coquoz, Duchoud, Moret, Raymond étaient considérées comme quatre familles distinctes, les Coquoz et Duchoud ayant un MRCA daté du début du xv^e siècle. Les résultats génétiques montrent qu'elles ont en réalité un MRCA plus ancien, passé inaperçu dans la documentation médiévale, mais logique. De plus, les familles Coquoz et Duchoud étaient supposées descendre des Derivaz ; les résultats génétiques montrent que ce n'est pas le cas, puisqu'elles appartiennent à une sous-clade différente.

Les Borgeat étaient considérés comme une famille indépendante, ce qui correspond aux résultats génétiques. Les Voeffray étaient considérés comme une famille indépendante, ce qui correspond aux résultats génétiques.

Les Délez – Guilloud étaient considérés comme une famille indépendante, ce qui correspond aux résultats génétiques.

Les familles Chappot et Mathey étaient considérées comme deux familles distinctes. Les résultats génétiques montrent qu'elles ont un MRCA plus ancien, passé inaperçu dans la documentation médiévale, une surprise, mais logique.

Les familles Revaz et Veuthey étaient considérées comme distinctes. Les familles Veuthey partageaient clairement la même lignée patrilinéaire que les Cheseaux, Hugon, Lugon-Moulin et Lugon, un autre haplogroupe. Les résultats génétiques montrent qu'elles partagent un ancêtre commun le plus récent (MRCA) non

51. Raymond Lonfat : cf. **vol I**. *L'erba, Histoire de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, des origines jusqu'en 1349, Salvan, Finhaut, Vernayaz*. 2010. Cf. chap. *Theutonic*.

mentionné dans les registres médiévaux. De plus, les familles Revaz étaient supposées descendre des Derivaz, mais les résultats génétiques montrent que ce n'est pas le cas ; elles appartiennent à un haplogroupe différent.

Les Claivoz étaient considérés comme une famille indépendante, ce qui correspond aux résultats génétiques.

Les Cergneux étaient considérés comme une famille descendant des Bochatay – Bochatay. Les résultats génétiques montrent que le cluster appartient à une sous-clade différente, alors même que les archives médiévales étaient formelles à ce sujet.

Les Derivaz étaient considérés comme une famille indépendante, ce qui correspond aux résultats génétiques.

Les familles Cheseaux, Hugon, Lugon-Moulin, Lugon étaient considérées comme une famille indépendante, ce qui correspond aux résultats génétiques (850 ans après leur MDKA !)

Les familles Fournier et Jacquier étaient considérées comme deux familles distinctes. Les résultats génétiques montrent qu'elles ont un MRCA plus ancien, passé inaperçu dans la documentation médiévale, même si un document datant de la fin du XIII^e siècle aurait pu laisser entrevoir une compensation à la suite d'une naissance illégitime.

Les familles Décaillet – Caillet, Frasseren, Jacquemoud, Lonfat étaient considérées comme quatre familles distinctes. Les résultats génétiques montrent qu'elles ont un MRCA antérieur à la documentation médiévale disponible, une surprise logique. À l'exception des Frasseren, une famille d'Argentières, en Haute-Savoie, France, non loin de Salvan et du monastère de Saint-Maurice, probablement la première famille à avoir défriché la terre de ce lieu aujourd'hui appelé Les Frasserands.

Les familles Claivaz, Délez, Gay – Guex, Gay-Balmaz, Gay-Couttet, Gay-Crosier – Guex-Crosier, Gay-des-Combes, Gay-Fraret, Mottier étaient considérées comme une seule famille indépendante, à l'exception des Claivaz, vivant dans un autre hameau, ainsi que des Mottier. Les résultats génétiques montrent que les Claivaz et les Mottier appartiennent à la macro-famille, avec, pour les Claivaz, un MRCA antérieur à la documentation médiévale disponible, une surprise, mais logique.

Les Gross étaient considérés comme une famille indépendante, ce qui correspond aux résultats génétiques.

Communauté de Vallorcine à l'époque médiévale, 16 familles

Les Bozon étaient considérés comme une famille distincte, ce qui correspond aux résultats génétiques. Les Devillaz étaient considérés comme une famille distincte, ce qui correspond aux résultats génétiques. Les Chappex étaient considérés comme une famille distincte, ce qui correspond aux résultats génétiques.

Les familles Claret et les Pache étaient considérées comme deux familles distinctes. Les résultats génétiques montrent qu'elles ont un MRCA peu avant leur arrivée à Vallorcine.

Les Dunand étaient considérés comme une famille distincte, ce qui correspond aux résultats génétiques.

Les familles Ancey – Ançay, Berguerand, Burnet, Carrier, Cretton, Girard, Mermoud, Moret, Vouilloz étaient considérées comme des familles distinctes, à l'exception des Berguerand et Cretton, vues comme ayant un MRCA récent. Les résultats génétiques montrent que toutes les familles susmentionnées ont un MRCA né très probablement avant son arrivée à Argentières et à Vallorcine. Quatre familles ont été observées pour la première fois à Argentières : les Ancey – Ançay, Carrier, Girard, Moret.

Les Abbet étaient considérés comme une famille distincte, ce qui correspond aux résultats génétiques.

Un type d'analyse n'est pas inclus dans cette publication. Certaines données d'ADN autosomal et d'ADN-mt sont disponibles pour les familles étudiées, ou peuvent être facilement obtenues. Combiner leurs résultats avec notre analyse ADN-Y 700 pourrait, à terme, permettre de mieux comprendre la dynamique historique des populations des vallées.



XIV • CONCLUSION

« Avant l'avènement de la génomique, ne subsistait que la brume du souvenir. »

Là où un chapitre précédent traitait de la force de la méthode elle-même, cette conclusion se penche sur ses résultats concrets.

Nous offrons un éclairage inédit sur l'histoire génétique et les migrations au sein de cette région alpine. Pour la première fois, grâce à la généalogie génétique, il a été possible de vérifier la robustesse de la généalogie médiévale publiée, tributaire de la découverte de documents proposant des traces aléatoires de porteurs de noms de famille très souvent changeants au fil des siècles, sans l'aide d'aucun type de registre de naissance, de mariage ou de décès.

Ce travail offre le premier panorama de la structure globale des haplogroupes et sous-clades au sein de ces deux vallées alpines, ainsi qu'une étude d'une micro-migration historique.

Pour chaque famille analysée, nous révélons la corrélation entre le chromosome Y patrilinéaire, le nom de famille et l'information médiévale. Nous documentons leur sous-clade spécifique et déterminons leurs EKA et MRCA à différentes périodes. Nous recherchons également leurs origines anciennes et plus récentes, et précisons le moment de leur dernière migration vers les vallées du Trient et de l'Eau Noire⁵².

Les principales forces de l'analyse ont été énumérées dans un chapitre précédent.

Du côté des conclusions, en résumé...

- Nous fournissons pour la première fois un inventaire exhaustif des sous-clades obtenues en testant exclusivement des descendants de familles médiévales connues.
- Nous mettons en évidence la diversité des sous-clades, vagues migratoires successives, au sein de deux vallées alpines plutôt isolées.
- Nous démontrons qu'au sein d'un même haplogroupe apparaissant dans une zone fermée spécifique, les sous-clades peuvent présenter une chronologie migratoire très différente, un dernier trajet différent, une croissance démographique différente au fil des siècles.
- Nous validons le fait que, dans notre société, le chromosome Y et les noms de famille sont cohérités par la voie paternelle, conduisant à un haplotype Y et une sous-clade correspondants pour chaque nom de famille.
- Nous détectons d'extraordinaires continuités patrilinéaires, allant jusqu'à 850 ans, avec parfois jusqu'à 4 changements de nom de famille au fil des siècles.
- Nous détectons des macro-familles inconnues et surprenantes, petites ou grandes, une connaissance essentielle pour des calculs statistiques appropriés.
- En ce qui concerne la distribution de l'ADN-Y des haplogroupes ou sous-clades d'une communauté spécifique, nous démontrons que les statistiques fondées sur des testeurs modernes aléatoires ne sont pas adéquates, car elles sont fortement biaisées par au moins quatre facteurs :

52. Les parties II, III, IV jusqu'à XXII couvriront l'analyse de 51 familles, regroupées en 21 clusters.

- le test aléatoire n'est pas acceptable, car il empêche les chercheurs d'exclure les descendants de familles récemment installées dans la zone testée ;
 - une analyse fondée sur au moins 600 à 848 marqueurs Y-STR est indispensable, car une analyse reposant sur moins de STR empêche les chercheurs d'identifier les MRCA anciens ;
 - une analyse sans connaissance des MRCA anciens n'est pas acceptable, car elle empêche les chercheurs de détecter l'existence de macro-familles et donc de comprendre l'impact des effets fondateurs ;
 - des statistiques fondées sur des testeurs modernes, même identifiés avec une lignée médiévale, plutôt que sur les MRCA anciens d'une famille ou d'une macro-famille, plus proches des dernières migrations, ne sont pas adéquates, car souvent faussées.
- Nous découvrons des MRCA étrangers antérieurs à la création des noms de famille, apportant des éléments sur l'origine et la datation des migrants vers une zone spécifique.
 - Nous découvrons des MRCA locaux postérieurs à la création des noms de famille. Nous pouvons donner un nom à la plupart des MRCA apparaissant après 1180 apr. J.-C., ainsi qu'à des TMRCA précis, vrais ou plus proches de la vérité.
 - Nous fournissons une analyse robuste du facteur de corrélation entre la généalogie médiévale et moderne publiée et la réalité issue de l'analyse génétique ADN-Y.
 - Nous détectons peu de MPE et de NPE, résultant de diverses causes telles qu'un père biologique différent, une adoption ou une adoption cachée, une transmission du nom de famille par la mère, un échange de bébé dissimulé, un changement de nom de famille non détecté... un pourcentage compris entre 3,3 % et 4 %.
 - Nous accumulons des données modernes précises qui pourront, à l'avenir, aider les scientifiques du laboratoire à réduire l'intervalle de confiance des TMRCA.

Enfin, il nous faut regarder les faits en face.

Dans la mesure où cette étude apporte un éclairage sur les vagues successives de migration et de renouvellement démographique qui se sont succédé, elle offre un aperçu de la manière dont l'état actuel a été façonné par des mouvements antérieurs. Nous avons pu détecter les origines anciennes de nos 21 sous-clades depuis les temps les plus reculés.

Retracer leur dernier trajet jusqu'à leur apparition à l'époque médiévale s'est révélé plus difficile. Sur 21 sous-clades, seules 8 ont apporté des indices sérieux sur leur origine récente et la datation de leur dernier trajet. En termes de familles, cela représente 26 sur 51.

Néanmoins... Cette étude repose sur la science participative et évolue donc constamment !

L'arrivée potentielle d'un nouveau testeur ADN-Y au sein de diverses bases de données mondiales, avec une signature proche de celle d'un cluster donné, celle d'une découverte ancienne, celle révélée par de nouveaux travaux de recherche, peut soudainement apporter un nouvel éclairage sur son histoire ancienne et moderne.

ANATOMIE DE L'HISTOIRE D'UN CLUSTER

Les parties II, III, IV jusqu'à XXII couvriront l'analyse de 51 familles, regroupées en 21 clusters. Voici un bref aperçu de la manière dont ces études sont structurées. Voici l'exemple d'un cluster.

CHAPPOT (de Salvan), MATHEY (de Salvan), Valais (Wallis), Suisse

Et « outsiders »

METKER, HEINZEN, NEWCOMER (NEUKOMMET-ER), PIRRO, VOIDE, IMHASLY,
BUOL

Cluster J-M172 (J2) > J-M102 (J2b) ...> J-L283...> J-Z615...> J-Z1297...> J-Z631...> J-BY92405> J-FTD29000> J-FTD28647

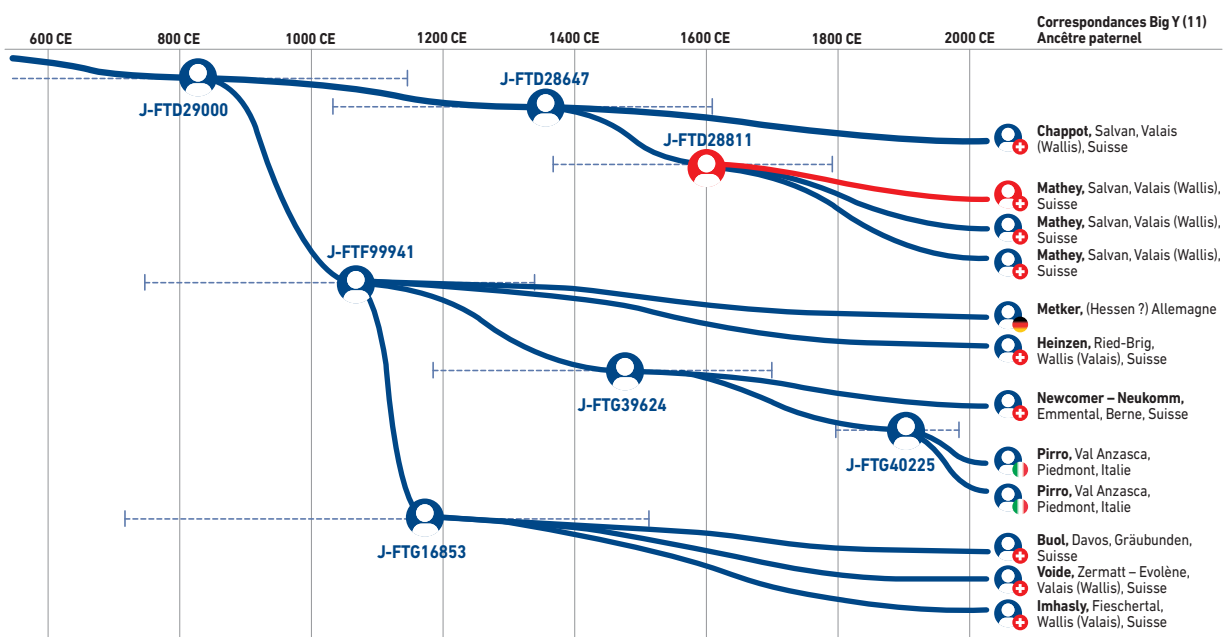
TABLE DES MATIÈRES

- Introduction
- Informations généalogiques médiévales sur les Chappot et Mathey
- Informations généalogiques modernes sur les testeurs
- Résultats ADN-Y, comparaison avec la généalogie
- Obtention des MRCA des outsiders, localisation géographique
- Compréhension et interprétation des données, force de la corrélation entre les noms de famille et le chromosome Y
- Trajets migratoires anciens, jusqu'au dernier voyage vers Salvan, Valais (Wallis), Suisse
- Résumé des principales conclusions

Les Chappot (deux SDE) et les Mathey (cinq SDE) sont deux familles des vallées du Trient et de l'Eau Noire dont la parenté étroite n'apparaissait pas clairement dans les registres médiévaux, mais qui semblent désormais logiquement descendre d'un EKA dont l'identité est connue, né vers 1245 apr. J.-C.

L'émergence de sept familles de testeurs correspondants dont les origines anciennes se situent en dehors des vallées du Trient et de l'Eau Noire, ainsi que divers échantillons d'ADN osseux ancien rendent l'analyse de ces deux familles – leur dernier trajet avant d'arriver à Salvan, et le moment de leur arrivée – d'autant plus fascinante.

↓ Arbre chronologique des correspondances FTDNA*: Chappot – Mathey – Metker – Heinzen – Newcomer (Neukommet-er) – Pirro – Voide – Imhasly – Buol.



* Copyright 2022-2026 Gene by Gene, Ltd.

LIMITES DE L'ÉTUDE

« L'ADN ne ment pas, mais il ne parle pas toujours clairement non plus. »

- La généalogie médiévale n'est pas une « science exacte » !
- La disponibilité des archives variant considérablement entre les deux vallées analysées, la reconstitution des généalogies patrilinéaires médiévales des 35 familles de Salvan est plus précise que celle des 16 familles de Vallorcine.
- Pour les raisons expliquées dans ce document, la comparaison avec certains rapports ou statistiques existant sur le sujet, souffrant de nombreux biais substantiels, n'est pas possible à ce stade (cf. chapitre XI).
- Lorsqu'aucun « outsider » correspondant n'émerge, l'analyse s'en trouve alors restreinte.
- Les « outsiders » disposent généralement d'arbres généalogiques très limités, remontant pour la plupart seulement jusque vers 1750...
- Il arrive que les « outsiders » ne répondent pas aux demandes d'information, ce qui rend impossible la détermination du lieu d'origine exact de leurs ancêtres.
- Les technologies de test actuelles ne peuvent sonder avec précision qu'environ un quart du chromosome Y. Par conséquent, il n'existe aucune base génétique permettant de distinguer les MRCA apparaissant sur les arbres chronologiques de correspondance. De nouvelles technologies à l'étude, encore à plusieurs années de leur commercialisation, pourraient améliorer cette situation – notamment les technologies de séquençage longues lectures telles que PacBio et Oxford Nanopore.
- Le bref récit des lignées familiales d'haplogroupes et de sous-clades du chapitre X est irrégulier, dépendant de la réactivité des administrateurs des différents projets liés aux sous-clades.

PERSPECTIVES FUTURES

« La brume qui voilait autrefois l'histoire se lira, avec le temps, un brin d'ADN à la fois. »

- Dans un avenir proche, des comparaisons avec des travaux préparés sur certaines zones spécifiques couvertes par le projet ValaisADN-WallisDNA, notamment avec le projet du Val d'Hérens, très avancé et exceptionnellement bien structuré, bénéficiant d'un solide arrière-plan patrilinéaire depuis l'époque médiévale, seront possibles.
- Le récit des lignées familiales d'haplogroupes et de sous-clades sera détaillé plus précisément avec la publication des parties II, III jusqu'à XXII couvrant l'analyse de 51 familles, regroupées en 21 clusters.
- L'absence totale de marqueurs ADN-Y sur les ossements anciens de la région du Valais (Wallis) sera progressivement comblée avec le temps, ajoutant à terme des informations pertinentes à l'analyse de chaque cluster.
- Les quelques rares familles anciennes dont les descendants modernes n'ont pas encore été identifiés à ce jour pourront un jour être incluses dans cette analyse, sans en modifier significativement le contenu.
- Certains testeurs de ce cluster ont réalisé leurs analyses d'ADN-mt (ancêtres de la lignée maternelle) et d'ADN autosomal (toutes les lignées ancestrales, paternelles et maternelles). Ni l'une ni l'autre n'ont de pertinence pour les relations ADN-Y plus profondes, et leurs résultats ne sont donc pas abordés dans ce projet. Elles pourraient s'avérer utiles à l'avenir pour compléter et renforcer les conclusions de ce document.
- Des « outsiders » correspondants peuvent apparaître à tout moment, aidant à retracer le dernier trajet du cluster concerné jusqu'à son apparition à l'époque médiévale.

REMERCIEMENTS ET RECONNAISSANCE⁵³

Je me sens profondément honoré et reconnaissant pour la contribution de :

- tous les testeurs ADN-Y ayant volontairement participé à ce projet de généalogie génétique ;
- Nicolas Carrier, pour son aide et son attention au cours des... 30 dernières années ! Et son chapitre: *Communautés paysannes sous les seigneuries de Saint-Maurice et de Chamonix* ;
- Iain McDonald pour son chapitre, une revue spectaculaire de la situation actuelle de la généalogie génétique ;
- Dave Vance, pour son introduction et pour son article si souvent cité, *Unveiling Medieval Patrilineal Landscapes: A Genetic Genealogy Study of Surnames in Isolated Swiss Valleys*,
- tous mes contributeurs, correcteurs, relecteurs, Alfred A. Aburto⁵⁴, Danielle Joulia⁵⁵, Rolf Langland⁵⁶, Tim Lehmann⁵⁷, Hunter Provyn⁵⁸, Chris Rottensteiner⁵⁹, et bien d'autres que je tiens à remercier, pour leur précieuse contribution, leur relecture et l'amélioration du rapport ;
- mes extraordinaires généalogistes modernes : Karim Bochatay, Daniel Jacquériz, Joël Lugon-Moulin, Guy-Bernard Meyer, Benjamin Revaz, avec bien plus d'un million de personnes dans leur base de données !
- Dominique Ancey, une formidable ambassadrice du projet, au bénéfice de la commune de Vallorcine et de l'institution qu'elle préside : *Valorsnà* ;
- mes tout premiers mentors et soutiens : Charles-Albert Beytrison, Hervé Mayoraz, à l'origine du projet ValaisADN-WallisDNA, fondateurs de l'*Association pour la valorisation de l'héritage alpin* ;
- tous les spécialistes de FTDNA qui m'ont aidé au fil des années à constituer la base de données ADN-Y ;
- Corinne Tourrasse, ma fidèle et merveilleuse graphiste, qui m'a soutenu tout au long de la création des 700 pages (!) du magnifique *Erba* et de bien d'autres travaux ;
- Carol Duheyon, cette correctrice de rêve, son professionnalisme, son enthousiasme et sa réactivité jamais pris en défaut !
- tous ceux qui m'ont aidé durant cette aventure, en m'enseignant, en m'offrant leur expertise et leur expérience, et... en faisant preuve de tant de patience à mon égard ;
- enfin, et surtout, ma famille, qui a supporté mes « absences mentales » durant les longues heures consacrées à l'édification de ce projet.

53. Par ordre alphabétique.

54. Alfred A. Aburto, citoyen-scientifique, administrateur bénévole du projet ADN-Y de l'haplogroupe J2a-L24, titulaire d'un master en physique, université de Californie.

55. Danielle Joulia, Phd en anglais de spécialité, maîtresse de conférences à l'université de Toulouse, France.

56. Rolf Langland, Phd, spécialiste des sciences atmosphériques, administrateur bénévole des projets FTDNA : G-L497 ADN-Y et G-Root ADN-Y, ainsi que Yfull.com.

57. Tim Lehmann, citoyen-scientifique, projet ADN-Y de l'haplogroupe G-L497 chez FTDNA.

58. Hunter Provyn, data scientist, licencié en ingénierie des systèmes et de l'information (université de Virginie), développeur d'outils analytiques ADN-Y, citoyen-scientifique spécialisé dans l'haplogroupe ADN-Y J2b, l'analyse Y-STR et les migrations.

59. Chris Rottensteiner, chercheur en populations alpines : phylogénétique et haplogroupes, admixture et histoire ; Orcid iD 0000-0002-3069-2154.

BIBLIOGRAPHIE ET RÉFÉRENCES

MÉDIÉVAL

Nicolas Carrier, *Vocabulaire du pouvoir et fidélités : réflexions sur l'hommage lige roturier en Savoie et en Dauphiné au XIII^e et XIV^e siècles*, Université Jean Moulin – Lyon III, 1999. *La vie montagnarde en Faucigny à la fin du Moyen Âge. Économie et société. Fin XIII^e – Début XIV^e siècle*, 2001. *Une justice pour rétablir la « concorde » : la justice de composition dans la Savoie de la fin du Moyen Âge (fin XIII^e -début XIV^e siècle)*, Congrès de la SHMESP, Angers, 2000, 2001. *Nouveaux servages et société en Europe (XIII^e-XX^e siècle). Actes du colloque de Besançon. Les origines d'un « nouveau servage » en Savoie, d'après les enquêtes princières du XIII^e siècle*, 2007-2010. *Les usages de la servitude – Seigneurs et paysans dans le royaume de Bourgogne (VI^e – XV^e siècle)*, 2012. *Homme pour homme, sang pour sang. Le servage comme instrument de résolution des conflits* (Barberine, 1320).

Nicolas Carrier et Fabrice Mouthon, *Paysans des Alpes, Les communautés montagnardes au Moyen Âge*, 2010.

Une bibliographie complète figure sous **Raymond Lonfat** : cf. vol. I. *L'erba, Histoire de la seigneurie abbatiale de la vallée du Trient, des origines jusqu'en 1349*, Salvan, Finhaut, Vernayaz. 2010.

GÉNÉTIQUE

Une bibliographie très substantielle peut être trouvée dans un large éventail de publications génétiques, notamment auprès de FamilyTreeDNA, où auprès de l'ISOGG (International Society of Genetic Genealogy).

Iain McDonald, *Phylogeography of R-U106*, 2026.

Igor L. Rozhanskii, *Haplogroup R1a, Its Subclades and Branches in Europe during the Last 9000 years*.

Dave Vance, *Unveiling Medieval Patrilineal Landscapes: a Genetic Genealogy Study of Surnames in Isolated Swiss Valleys*.

GLOSSAIRE (acronymes et abréviations)

Des glossaires complets peuvent facilement être trouvés dans un large éventail de publications, notamment dans l'ouvrage d'Iain McDonald : *Phylogeography of R-U106*, 2025, source de l'énumération suivante.

Ne sont listés ci-dessous que les mots, acronymes et abréviations utilisés dans le texte qui précède.

- **i.c.** : intervalle de confiance. Par exemple, un intervalle de confiance de 95 % signifie qu'il existe formellement une probabilité de 95 % que la valeur réelle se situe dans la plage indiquée.
- **EKA** : ancêtre connu le plus ancien (earliest known ancestor). Pour l'ADN-Y, il s'agit de la personne la plus ancienne connue sur la lignée masculine d'un individu. Également appelé ancêtre connu le plus distant (MDKA).
- **ADN-at** : l'ADN autosomal est hérité à parts égales (50 %) des deux parents ; il est largement utilisé en généalogie pour identifier des cousins, confirmer une ascendance récente jusqu'à cinq générations, et fournir des estimations ethniques.
- **ADN-mt** : ADN conservé dans les mitochondries, transmis de la mère à l'enfant.
- **ADN-Y** : ADN conservé sur le chromosome Y, transmis du père au fils.
- **Effet fondateur** : la fondation particulièrement fructueuse d'un nouvel haplogroupe par un homme, conduisant à une sous-clade disproportionnée au sein d'un haplogroupe. Si ce succès était associé à une migration, il peut déplacer le foyer géographique de l'ensemble de l'haplogroupe parental loin de son lieu d'origine.
- **MRCA** : ancêtre commun le plus récent (*most recent common ancestor*). Pour l'ADN-Y, il s'agit de la dernière personne, dans un arbre généalogique en lignée masculine, apparentée à deux testeurs ADN-Y différents, chaque testeur descendant alors de frères différents. Par exemple, le grand-père paternel de mon cousin est mon grand-père paternel ; ce grand-père est donc notre MRCA.
- **MPE** : événement de parentalité mal attribuée (*misattributed-parentage event*). Tout événement où le parent génétique de l'enfant n'est pas celui indiqué dans une généalogie. Cela inclut les NPE, mais aussi les problèmes résultant d'une généalogie de mauvaise qualité (par manque de rigueur ou de documents).
- **NPE** : au sens strict, un événement de non-paternité (*non-paternity event*) ou, plus largement, « pas le parent attendu ». Au sens strict, le père génétique d'un enfant n'est pas le père nommé sur l'acte de naissance (ou document similaire). Au sens large, tout cas où l'EKA ne correspond pas à ce qu'indique le testeur génétique, incluant les MPE et les SDE, plus facilement vérifiables dans les études phylogénétiques.
- **SDE** : discontinuité patronymique (*surname discontinuity event*). Tout événement modifiant le nom de famille de la lignée paternelle. Cela inclut les NPE, certains MPE, les adoptions, les changements de nom de famille intentionnels, etc.

- **TMRC**A : temps écoulé jusqu'à l'ancêtre commun le plus récent (*Time to most-recent common ancestor*). Littéralement, le nombre d'années écoulées depuis que l'ancêtre commun de deux testeurs a vécu. Pour plus de cohérence, il est préférable de le calculer à partir de la date de naissance des testeurs modernes (une date entre 1950 et 1960 apr. J.-C. est généralement présumée), aboutissant à une estimation du nombre d'années écoulées depuis la naissance de leur MRCA. Le terme TMRC
- **Y-SNP** : polymorphismes nucléotidiques simples sur le chromosome Y. Ils représentent le changement d'une seule paire de bases. Moins deux testeurs présentent de Y-SNP discordants dans une séquence d'ADN, plus leur parenté est proche.
- **Y-STR** : répétitions courtes en tandem sur le chromosome Y. Elles représentent de courtes structures répétitives au sein du génome. Le nombre de répétitions évolue avec le temps. Les différences dans le nombre de répétitions au sein d'un ensemble de Y-STR définissent une distance génétique (GD), liée à l'ancienneté de la parenté entre deux hommes.

FINANCEMENT

Le financement a été majoritairement assuré par l'auteur.

Dans les vallées du Trient et de l'Eau Noire, la commune de Vallorcine et son institution « *Valorsnà* » ont fortement soutenu le projet et participé à son financement.

L'auteur déclare n'avoir aucun conflit d'intérêts.

Tous droits réservés dans le monde entier.

Toute reproduction ou traduction de tout ou partie de ce document est interdite.

© Copyright 2026, Raymond Lonfat, Sion, Valais (Wallis), Suisse.

