La convergence entre les fragmentations géo-linguistique et géo-génétique de l'Italie du Nord

Autor(en): **Goebl, Hans**

Objekttyp: **Article**

Zeitschrift: **Revue de linguistique romane**

Band (Jahr): **60 (1996)**

Heft 237-238

PDF erstellt am: **25.05.2024**

Persistenter Link: https://doi.org/10.5169/seals-399952

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.
Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.
Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

Ein Dienst der *ETH-Bibliothek*
ETH Zürich, Rämistrasse 101, 8092 Zürich, Schweiz, www.library.ethz.ch

http://www.e-periodica.ch

LA CONVERGENCE ENTRE LES FRAGMENTATIONS GÉO-LINGUISTIQUE ET GÉO-GÉNÉTIQUE DE L'ITALIE DU NORD[1]

1. L'impact interdisciplinaire des recherches spatiales

La stratification spatiale des faits culturels et humains d'un côté et des faits biologiques de l'autre ainsi que les parallélismes aréologiques qui en résultent, ont depuis longtemps suscité l'intérêt des chercheurs et des profanes. Citons à ce propos l'adage du philosophe allemand Gottfried Wilhelm LEIBNIZ (de 1715) selon lequel «l'espace constitue l'ordre suprême de la coexistence, c'est-à-dire de l'existence des choses qui existent en même temps» («Spatium est ordo coexistendi seu ordo existendi inter ea quae sunt simul.» [1715, 17]). Parmi les nombreuses covariances spatiales entre faits *culturels* et fait *anthropologiques* (ou, en quelque sorte, *naturels*), celle entre faits *(géo)linguistiques* et faits *anthrop(olog)iques* au sens le plus large a été remarquée déjà très tôt. L'on constate en effet depuis la fin du siècle passé un nombre sans cesse croissant de tentatives de rapprocher la variabilité *géolinguistique* de celle des faits *ethniques* et *anthropologiques*. Alors que le résultat du rapprochement entre *langues* et *ethnies* aboutit à la théorie des *substrats* (associée couramment au nom du linguiste italien Graziadio Isaia ASCOLI, 1829-1907), le rapprochement comparatif entre faits linguistiques et faits anthropologiques a très tôt amené les chercheurs à considérer des variables anthropiques extérieures (ou «morphologiques») telle la taille du corps, les dimensions du crâne, la couleur des yeux et des cheveux etc., et à en constituer des documentations empiriques, dites aussi «anthropométriques». Leur tâche fut, on le sait, rendue plus facile par le recours aux examens médicaux faits lors des conscriptions militaires (cf. FACCHINI 1995, 201-288).

Après la constitution d'une science appelée «hématologie», due à la découverte du système ABO des groupes sanguins de l'homme par l'Autrichien Karl LANDSTEINER en 1901 (prix Nobel en 1930), de telles tentatives interdisciplinaires – qui jusqu'alors n'étaient le plus souvent que des

(1) Cet article représente une version remaniée et augmentée de ma communication, présentée au XXIe Congrès International de Linguistique et Philologie Romanes de Palerme.

tâtonnements et d'une valeur très inégale – connurent un nouvel essor, étayées également par la redécouverte des lois mendéliennes en 1900 (par Karl Erich CORRENS, Erich VON TSCHERMAK et Hugo DE VRIES) et la mathématisation progressive des processus évolutifs et héréditaires qui sous-tendent tant les faits de culture que les faits de la nature (cf. BERNARD/RUFFIÉ 1966, 189-212; CAVALLI-SFORZA/FELDMAN 1981; CAVALLI-SFORZA/MENOZZI/PIAZZA 1994, 3-11, et FACCHINI 1995, 383-394).

2. De l'hématologie géographique à l'hémotypologie et la génétique des populations modernes

Un des acquis de l'hématologie géographique du premier tiers du XXe siècle fut, entre autres, la découverte de la position hématologique périphérique des Basques, des Sardes, des Corses et de quelques populations alpines. On pourra lire une synthèse de toutes ces recherches dans les deux volumes sur l'hématologie géographique de Jean BERNARD et Jacques RUFFIÉ, parus respectivement en 1966 et 1972.

La grande percée scientifique cependant fut accomplie par le déchiffrement du code génétique de la part de l'Américain James Dewey WATSON et du Britannique Francis Harry CRICK en 1953 (dont la découverte fut couronnée par le Prix NOBEL de Physiologie et Médecine en 1962). Par le déchiffrement du code génétique qui est inscrit dans la fameuse double hélice de l'acide désoxyribonucléique (ADN, ou DNA en anglais), les recherches génétiques portèrent désormais sur le total de l'information génétique disponible (génome).

L'accumulation de données génétiques à travers le monde entier et les progrès constants de la recherche génétique qui effectua ses analyses dorénavant au-delà du niveau moléculaire, ont abouti à un élargissement spectaculaire de nos connaissances tant de la stratification génétique que de l'histoire de l'humanité entière. Or, une branche de la génétique moderne s'occupe de l'analyse génétique de populations entières: c'est la «génétique des populations» (lire à ce sujet la synthèse monumentale de CAVALLI-SFORZA/MENOZZI/PIAZZA 1994). Les hauts lieux de cette discipline qui, de nos jours, se trouvent en Amérique et en Italie, sont animés par des chercheurs tels que Luigi L. CAVALLI-SFORZA, Alberto PIAZZA et Robert R. SOKAL. Il est très intéressant de noter l'attention qui, dans les recherches menées par les spécialistes de la génétique des populations, est réservée aux faits linguistiques.

> «[au sujet du parallélisme entre évolution linguistique et évolution génétique] What explanation can one offer for this important correlation? The major explanation is the history of populations. The correlation is certainly not due to the effect of genes on languages; if anything, it is likely that there is a reverse influence in that linguistic

> barriers may strengthen the genetic isolation between groups speaking different languages. This effect of linguistic isolation on genetic isolation is observable at a level of linguistic difference much lower than that of language phyla, for example, between speakers of different branches of the Indo-European family (or even between languages of the Romance or Germanic branches)» (CAVALLI-SFORZA/MENOZZI/PIAZZA 1994, 101).

Soit dit entre parenthèses, les succès remportés par les généticiens populationnels dans la reconstruction du passé de l'humanité ont encouragé quelques linguistes à leur emboîter le pas et à postuler – à l'instar des généticiens – l'origine unique des langues du monde. Je cite à ce propos les noms de Joseph GREENBERG et de Merritt RUHLEN (1994) qui d'ailleurs collaborent étroitement avec Luigi L. CAVALLI-SFORZA dont je viens de citer le nom.

Jusqu'alors les généticiens n'ont considéré, dans leurs comparaisons interdisciplinaires, que les grands groupements linguistiques ou «langues» tel l'allemand, le français ou l'italien, ou – plus souvent encore – des groupements linguistiques homogénétiques majeurs telles les langues germaniques, romanes ou slaves en général. Évidemment, ils n'ont pas encore découvert la valeur des différenciations *dialectales* pour l'établissement d'analyses spatiales contrastives.

Références bibliographiques: rapprochements interdisciplinaires entre génétique et linguistique en général:

> CAVALLI-SFORZA/FELDMAN 1981, CAVALLI-SFORZA et al. 1988, HARDING/SOKAL 1988, SOKAL et al. 1988a, b, BARBUJANI/SOKAL 1990, SOKAL et al. 1990, CAVALLI-SFORZA 1991, SOKAL 1991, CAVALLI-SFORZA/PIAZZA 1993, CAVALLI-SFORZA 1993, CAVALLI-SFORZA/MENOZZI/PIAZZA 1994.

Il y a pourtant un endroit où les relations entre la génétique et la linguistique dépassaient largement le niveau des espaces linguistiques majeurs telles les langues ou les grandes familles linguistiques pour rejoindre le niveau régional ou provincial: c'est l'onomastique ou – pour être plus précis – la recherche portant sur les noms de famille. Comme la transmission des noms de famille s'effectue – au moins selon la vieille tradition patrilinéaire – uniquement par l'intermédiaire des mâles, et qu'elle ressemble par là à la transmission des gènes pratiquée par des organismes asexués haploïdes, beaucoup de généticiens ont fait – et ceci depuis longtemps – des recherches sur la diffusion de noms de famille dans des populations humaines dont la structure génétique était par ailleurs bien connue, et ceci en vue d'un effort de reconnaissance interdisciplinaire par *analogie*.

> «As most surname can be considered as neutral alleles of a genetic locus, they can be analysed using the theory of Karlin and McGregor,

which gives the distribution of neutral alleles expected in a population of *N* haploid individuals, each carrying one of *k* different alleles (surname, in our case), subject to a process of death at random» (PIAZZA et alii 1987, 714).

La moisson de telles recherches entreprises par les généticiens est étonnamment riche. Malheureusement les spécialistes de l'onomastique linguistique n'en ont pas pris acte ou presque.

Références bibliographiques: onomastique et génétique:

ZEI et al. 1983, WIJSMAN et al. 1984, ZEI et al. 1986, PIAZZA et al. 1987, SOKAL et al. 1992, ZEI et al. 1993.

3. Points de rencontre entre la génétique des populations et la géo-linguistique quantitative (dialectométrie)

Les généticiens modernes – surtout ceux d'origine italienne – se sont penchés plus d'une fois sur la structuration génétique de l'espace italien. Dans les études y ayant trait aussi des analyses régionales ou micro-régionales ne font pas défaut.

Références bibliographiques: génétique des populations (géo-génétique):

Italie entière:

PIAZZA et al. 1988b, PIAZZA 1989, BARBUJANI/SOKAL 1991a, b; PIAZZA 1991, ZEI et al. 1993; CAVALLI-SFORZA/MENOZZI/PIAZZA 1994, 277-280; voir aussi: FACCHINI 1995 (introduction générale en italien: 377-464);

Sardaigne:

ZEI et al. 1983, WIJSMAN et al. 1984, ZEI et al. 1986; CONTINI et al. 1988/89, CAVALLI-SFORZA/MENOZZI/PIAZZA 1994, 273-276;

Delta du Pô:

BERETTA et al. 1989.

Signalons aussi l'existence d'études similaires portant sur la France, le Pays Basque et l'Angleterre:

France:

BERNARD/RUFFIÉ 1976, PIAZZA 1986, CAVALLI-SFORZA/MENOZZI/PIAZZA 1994, 280-285;

Pays Basque:

BERNARD/RUFFIÉ 1976, PIAZZA et al. 1988a, CAVALLI-SFORZA/CAVALLI-SFORZA 1993, 214 s;

Angleterre:

SOKAL et al. 1992.

Or, en 1993, une équipe de sept généticiens animée par la docteur Gianna ZEI de l'Institut de Génétique Biochimique et Évolutionniste de l'Université de Pavie, a publié, dans la revue américaine «Annals of Human Genetics», une étude sur l'intercorrélation existant entre les structurations spatiales de données génétiques, onomastiques et linguistiques sur le territoire de l'Italie entière. Les raisons méthodiques qui font de cette étude un excellent point de départ pour un rapprochement interdisciplinaire sont au nombre de deux:

1) l'existence de matrices de données bien articulées en *abscisse* et *ordonnée* pour les données génétiques et onomastiques (à l'exclusion toutefois des données linguistiques),
2) l'utilisation d'une méthode taxométrique particulière pour l'établissement de frontières (ou zones de rupture: «zones of rapid change», en anglais) à l'intérieur de l'Italie qui, malgré son nom différent – «Wombling» –, correspond exactement à la méthode *interponctuelle* utilisée en matière de dialectologie depuis 1898 (Karl HAAG) et en dialectométrie depuis le début des années 80 de notre siècle (GOEBL 1982).

C'est surtout l'emploi de la méthode interponctuelle qui permet de comparer directement – c'est-à-dire par estimation oculaire et sans le recours à des méthodes statistiques sophistiquées – les résultats de l'étude de ZEI et alii d'un côté, et ceux de l'analyse interponctuelle dialectométrique de l'autre.

Les données dialectométriques sur lesquelles repose l'analyse interponctuelle présentée dans cet article (voir la Fig. 6) correspondent à celles que nous avons utilisées aussi dans nos travaux dialectométriques antérieurs (cf. GOEBL 1984, I, 30-54).

Avant de comparer les résultats visualisés respectifs il faut évidemment en présenter les prérequis formels, à savoir 1) les réseaux géographiques (3.1.), 2) les matrices de données (3.2.) et 3) les méthodes taxométriques utilisées (3.3.).

3.1. Les réseaux géographiques

Voir les Fig. 1, 2 et 3.

Au maillage régulier et bien défini du réseau AIS (avec 251 points d'enquête) correspondent du côté génétique et onomastique des maillages nettement moins denses et topographiquement plutôt flous. Les unités spatiales des données génétiques et onomastiques ont été mises au point par extrapolation et agrégation en entités sérielles supérieures (cf. CAVALLI-SFORZA/

MENOZZI/PIAZZA 1994, 42-50). Certes, cet état de choses entrave légèrement, mais n'empêche en aucune manière l'inter-comparaison que nous envisageons.

3.2. Les données de base (matrices de données)

Voir les Fig. 3-4.

Quant à la description des données de base il faut se fier entièrement aux indications données dans les publications respectives:

– pour les données *génétiques*: cf. ZEI et al. 1993, 126;

– pour les données *onomastiques*: cf. ZEI et al. 1993, 125-126.

Il s'agit, en dernière analyse, de 320 noms de famille (NF), entendus comme *types*, utilisés à des degrés variables dans l'Italie entière. Ces 320 NF constituent un choix opéré parmi quelque 92 000 NF (toujours entendus comme *types*) repérés dans plus d'un demi-million d'actes de dispense pour mariage consanguin conservés dans les Archives du Vatican. Les actes en question touchent la période entre 1910 et 1964 et l'ensemble des 280 diocèses italiens (à l'exception toutefois de la Sardaigne). Le travail de dépouillement de ces actes a été fait par les généticiens eux-mêmes (surtout par le professeur Antonio MORONI de l'Institut d'Écologie de Parme). En tant que linguiste je ne puis que les féliciter cordialement de cet exploit documentaire admirable.

– Pour les données dialectométriques: cf. Goebl 1984, I, 30-54.

Un rapprochement interdisciplinaire de faits empiriques d'origine diverse présuppose en outre une structuration analogue de la saisie initiale de ces faits: à ce sujet voir les Fig. 4 et 5.

Ces trois analyses reposent sur la synthèse d'un grand nombre d'attributs (ou caractères, marqueurs etc.) dont chacun – pris isolément – révélerait une structuration géographique différente. Par la *synthèse* de la diversité de ces structurations *particularisantes* (situées à un rang gnoséologique *inférieur*) l'on obtient une structure enveloppante *globale* (dite aussi «typologique») occupant un rang gnoséologique *supérieur*. Évidemment, les rapprochements interdisciplinaires ne devraient se faire qu'avec des résultats situés sur un niveau gnoséologique *aussi élevé que possible*. Au vu de la Fig. 3 l'on constate que pour la matrice de données dialectométrique l'effet «condensateur» des données de base est le plus grand.

3.3. Les méthodes taxométriques

La passerelle méthodique entre la génétique et la linguistique est assurée par la méthode interponctuelle, appelée «Wombling» de la part des généti-

ciens. Elle présuppose, par la triangulation du réseau de recherche, l'établissement d'un réseau de voisinage à contiguïté et le calcul consécutif de différences à très courte distance géographique (à savoir de façon «inter-ponctuelle»), c'est-à-dire entre voisins contigus. En géolinguistique, cette méthode est associée au nom du germaniste Karl HAAG (1860-1946) qui, déjà en 1898, en avait donné une définition exhaustive.

> «Alle Grenzen zwischen Nachbargemeinden, seien sie staatliche oder nur Markungsgrenzen, sind dargestellt durch die Mittellote auf der Distanz. [...] Die durch die Mittellote entstandenen Polygone, ideale Markungen, versinnbildlichen die durch Lage und Entfernung gegebenen nachbarlichen Beziehungen: soviel Seiten das Polygon, soviel Nachbargemeinden; jede Seite drückt die Beziehungen zu einer Nachbargemeinde aus, je grösser das Polygon, desto vereinsamter, entlegener die Gemeinde. Zugleich wird jede Willkür in der Linienführung vermieden und das Kartenbild gewinnt nicht nur an Bedeutung, sondern auch wesentlich an Klarheit» (HAAG 1898, 7s.).

Les généticiens, tout en ignorant entièrement la tradition linguistique en la matière, se basent sur un article du sociologue et anthropologue américain William WOMBLE de 1951 dans l'élaboration de leur propre philosophie interponctuelle. Les premiers travaux génétiques se servant du «Wombling» remontent à 1989 (BARBUJANI et al.), avec des antécédents en 1981 (SOKAL/WARTENBERG).

> «For nominal or categorial data, such as individuals representing different species or different genotypes, one calculates join counts, a join being a synonym for an edge connecting two localities considered neighbors» (SOKAL/WARTENBERG 1981, 196).

- Pour l'indice de distance utilisé en dialectométrie interponctuelle cf. GOEBL 1987a, 67-77; pour l'historique de la pensée interponctuelle en matière de géolinguistique cf. GOEBL 1987b, 91-99.

Malheureusement l'étude de ZEI et alii (1993, 128) ne contient que des indications très sommaires sur l'indice de distance utilisé. Toujours est-il que pour la visualisation les auteurs n'ont choisi que les valeurs interponctuelles situées au-delà d'un seuil de significativité très élevée. C'est pourquoi nous avons présenté, sur les Fig. 9 et 11 relatives aux résultats *dialectométriques*, uniquement le bilan polygonal situé au-dessus de la moyenne arithmétique de toutes les valeurs calculées. L'exclusion des cloisonnements polygonaux mineurs et de ceux situés en dehors du territoire politiquement italien rehausse en outre la comparabilité du diagramme polygonal des Fig. 9 et 11.

4. Présentation confrontative des résultats dialectométriques et génétiques

Voir les Fig. 6-12.

La Fig. 6 montre, pour la seule Italie septentrionale et la Suisse méridionale, le cloisonnement interponctuel calculé à l'aide de quelque 700 cartes de l'AIS. Par le jeu interférentiel de 670 segments de polygone à épaisseur variable et leur visualisation en deux teintes (gris clair et gris foncé) il ressort une structuration spatiale nettement articulée: tous les grands espaces dialectaux (de l'occitan alpin jusqu'au frioulan) s'y trouvent représentés (cf. aussi GOEBL 1983, 381 s et 1984, I 193 s).

L'articulation des Fig. 7 (génétique) et 8 (onomastique) n'est pas moins éloquente. Les auteurs ont numéroté les tronçons de frontière examinés de 1 à 28. La ressemblance entre le profil génétique et le profil onomastique est remarquable; il cadre d'ailleurs fort bien avec les grandes articulations de l'Italie dialectale entière, telle la ligne «La Spezia-Rimini» et la ligne allant – grosso modo – de Rome à Ancône. Toujours est-il que la tripartition omniprésente de l'espace italien (Nord-Centre-Sud) est bien marquée et que – en ce qui concerne la seule Italie du Nord – cinq sillons séparateurs se dessinent avec netteté (d'ouest en est): 1) l'Apennin ligure (ligne 4), 2) la bande située entre les fleuves Sésia et Ticino (ligne 3), 3) le Pô (ligne 9), 4) l'Adige (lignes 6-8) et 5) la frontière occidentale de l'ancien Exarcat byzantin de Ravenne (devenu par la suite un des noyaux du Patrimoine de St-Pierre ou de l'Etat pontifical: ligne 10).

En ce qui concerne les rapprochements particularisants des Fig. 9-12 (limités à la seule Italie septentrionale), n'oublions pas que la densité des maillages respectifs est différente et que partant il y a des zones où à cause d'une trop grande divergence de la base empirique une comparaison s'avère difficile ou carrément impossible. Ceci semble être le cas surtout pour la partie nord-orientale de l'Italie septentrionale (Frioul, Ladinie, Haut-Adige, Trentin). Ces réserves d'ordre méthodique et empirique mises à part, les convergences spatiales entre les trois cartes sont vraiment remarquables. La similarité entre la carte géo-linguistique (Fig. 9) et la carte géo-onomastique (Fig. 10) n'a pas de quoi surprendre, étant donné la nature *foncièrement linguistique* tant des *lexèmes* que des *noms propres*. Rappelons en outre les acquis d'un certain nombre de recherches mettant en relief les fréquents parallélismes spatiaux entre la stratification d'unités linguistiques d'un côté et d'unités onomastiques de l'autre (cf., à titre d'exemple, les études de DE FELICE (1980, 1982) et de KUNZE 1993).

Quant à la ressemblance non moins nette entre la carte géo-linguistique (Fig. 11) et la carte géo-génétique (Fig. 12) je me contente de renvoyer aux

commentaires que les généticiens eux-mêmes en ont donnés: c'est surtout la grande stabilité génétique des populations de l'Italie entière, qui remonte à la période pré-romaine et qui n'a pu être entachée que très superficiellement au cours des invasions germaniques survenues à la fin de l'Antiquité, qui constitue le facteur décisif.

> «The romanization of Italy and Europe, which was obviously of the greatest importance for many other aspects of our history, is not likely to have changed the genetic individuality of the conquered populations in a substantial way. Colonization produced changes in the political, administrative, urban, commercial systems rather than a massive substitution of people as occurred in the European colonization of the Americas or in the other genocides of our times» (PIAZZA et alii 1988b, 211).

> «È nostra convinzione tuttavia che la romanizzazione dell'Italia e dell'Europa non abbia cambiato in modo sostanziale la struttura genetica delle popolazioni conquistate. La colonizzazione romana ha effettivamente prodotto cambiamenti importantissimi nel sistema politico, amministrativo, commerciale e urbanistico, ma non ha dato origine a sostituzioni di intere popolazioni così come è avvenuto, per esempio, nel caso della colonizzazione europea delle Americhe. Analogamente, l'imposizione di un'unica lingua, il latino, non è certo stata omogenea né ha prodotto cambiamenti paralleli, se ancora oggi ciascuna regione d'Italia parla un dialetto diverso in cui troviamo molti «relitti» delle lingue usate dagli abitanti più antichi. La mappa delle lingue che si parlavano in Italia in epoca preromana [...] dimostra una frammentazione che ha analogie inattese con la mappa genetica [...]. Un profilo genetico dell'Italia, fortemente conservatore di una situazione etnica assai antica, sembra difatti trovar conforto in alcune considerazioni che la dialettologia aveva da tempo avanzato» (Piazza 1991, 69).

Il semble qu'à une date très ancienne – probablement lors des peuplements indo-européens au cours du IIe millénaire av. J. Chr. – se soit opérée une segmentation territoriale du tissu populationnel de l'Italie qui a profondément marqué toutes les interactions *culturelles* (linguistiques et autres) et *biologiques* (par voie de mariage) ultérieures. Les barrières géographiques (montagnes, fleuves etc.) avaient, dans ce jeu interactif, leur part, certes, mais elles étaient bien loin de tenir le haut du pavé.

> «Why should genetic and linguistic evolution correspond so closely? The answer lies not in genetic determinism but in history: genes do not control language; rather the circumstances of birth determine the languages to which one is exposed. Linguistic differences may generate or reinforce genetic barriers between populations, but they are unlikely to be the leading cause of the correlation. Human evolution is punctuated by the splitting of populations into parts, some of which settle elsewhere. Each fragment evolves linguistic and genetic patterns that bear

> the marks of shared branching points. Hence, some correlation is inevitable» (Cavalli-Sfórza 1991, 109).

En tant que linguiste l'on ne peut qu'approuver cette vision des choses. En dernière analyse, c'est la vieille conception substratologique qui – décantée d'un certain nombre de scories devenues entre-temps obsolètes – s'y fait jour de nouveau. Évidemment, ceci ne vaut que pour quelques grands espaces bien circonscrits: la Lombardie, le Piémont, la Romagne – pour ne citer que les grands domaines du Septentrion. Il est bien évident que, dans des rapprochements interdisciplinaires de ce genre, ce qui compte ce sont avant tout les grandes lignes et qu'il ne faut surtout pas chicaner sur les détails.

5. Conclusion

Cet article constitue un rapprochement interdisciplinaire *a posteriori*; il est bon de ne pas en surestimer la portée épistémologique puisqu'il n'est pas le fruit d'une coopération accordée entre généticiens et linguistes. Un travail de ce type reste à faire. Dans cette étude, il s'agit uniquement de présenter et d'interpréter des travaux géo-génétiques récents dans la perspective d'un linguiste formé à des méthodes et des conceptions d'analyse spatiale très proches de celles qui sont utilisées par les généticiens.

> «Modern genetic techniques have brought analysis to an unprecedented degree of sophistication, and the knowledge from nongenetic disciplines that can enhance the understanding of the history of human evolution is more developped in Europe than on any other continent. This is the time to join forces and take full advantage of the current trend towards cooperation among Europeans» (CAVALLI-SFORZA/ PIAZZA 1993, 15).

Toujours est-il que la génétique et la linguistique disposent d'un dénominateur commun: c'est la nature mouvante, diffusionniste et migratrice de leurs matériaux bruts respectifs – c'est-à-dire des *gènes* et des *unités linguistiques* – et l'identité foncière du vecteur tant des *gènes* que des *mots* et des *sons*, à savoir de l'homme.

Calculs électroniques: S. SELBERHERR (École Polytechnique de Vienne)
Cartographie électronique: W.-D. RASE (Bonn), H. PUDLATZ (Université de Munster)
Contrôle stylistique: L. Y. DITZ-FUHRICH (Université de Salzbourg)
Traitement du texte: H. PAMMINGER (Université de Salzbourg).

Université de Salzbourg. Hans GOEBL

6. Références bibliographiques

AIS: Sprach- und Sachatlas Italiens und der Südschweiz, JABERG, K./JUD, J. (Eds.), Zofingen 1928-1940, 8 vol. (réimpression: Nendeln 1971).

BARBUJANI, G./SOKAL, R. R.: Zones of Sharp Genetic Change in Europe are also Linguistic Boundaries. In: Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA 87 (1990) 1816-1819 [Population Biology].

BARBUJANI, G./SOKAL R. R.: Genetic Population Structure of Italy I. Geographic Patterns of Gene Frequencies. In: Human Biology 63 (1991a) 253-272.

BARBUJANI, G./SOKAL R. R.: Genetic Population Structure of Italy II. Physical and Culture Barriers to Gene Flows. In: American Journal of Human Genetics 48 (1991b) 398-411.

BARBUJANI, G. et alii: Detecting Regions of Abrupt Change in Maps of Biological Variables. In: Systematic Zoology 38 (1989) 376-389.

BERETTA, M. et alii: Genetic Structure of the Human Population in the Po Delta. In: American Journal of Human Genetics 45 (1989) 49-62.

BERNARD, J./RUFFIÉ, J.: L'hématologie géographique, 2 vol., I: Écologie humaine et les caractères héréditaires du sang, Paris 1966; II: Variations hématologiques acquises, l'hématologie et l'évolution, Paris 1972.

BERNARD, J./RUFFIÉ, J.: Hématologie et culture. Le peuplement de l'Europe de l'Ouest. In: Annales (Économies, Sociétés, Civilisations) 31 (1976) 661-676.

CAVALLI-SFORZA, L. L.: Genes, Peoples and Languages. In: Scientific American 165 (nov. 1991) 104-110.

CAVALLI-SFORZA, L. L./CAVALLI-SFORZA, F.: Chi siamo. La storia della diversità umana, Milan 1993.

CAVALLI-SFORZA, L. L./FELDMAN, M. W.: Cultural Transmission and Evolution. A Quantitative Approach, Princeton, N. J., 1981.

CAVALLI-SFORZA, L. L./MENOZZI, P./PIAZZA, A: The History and Geography of Human Genes, Princeton 1994.

CAVALLI-SFORZA, L. L./PIAZZA, A.: Human Genomic Diversity in Europe: A Summary of Recent Research and Prospects for the Future. In: European Journal of Human Genetics 1 (1993) 3-18.

CAVALLI-SFORZA, L. L. et alii: Reconstruction of Human Evolution. Bringing together Genetic, Archaeological, and Linguistic Data. In: Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA 85 (1988) 6002-6006 [Evolution].

CONTINI, M. et alii: Géolinguistique et géogénétique: une démarche interdisciplinaire. In: Géolinguistique 4 (1988-89) 129-197.

DE FELICE, E.: I cognomi italiani. Rilevamenti quantitativi dagli elenchi telefonici: informazioni socio-economiche e culturali, onomastiche e linguistiche, Bologne 1980.

DE FELICE, E.: I nomi degli italiani. Informazioni onomastiche e linguistiche socioculturali e religiose. Rilevamenti quantitativi dei nomi personali dagli elenchi telefonici, Rome, Venise 1982.

FACCHINI, F.: Antropologia. Evoluzione, uomo ambiente, Turin 1995 (1988: 1re édition).

GOEBL, H.: Dialektometrie. Prinzipien und Methoden des Einsatzes der Numerischen Taxonomie im Bereich der Dialektgeographie, Vienne 1982 (Denkschriften [Mémoires] der Österreichischen Akademie der Wissenschaften, phil.-hist. Klasse, vol. 157).

GOEBL, H.: Parquet polygonal et treillis triangulaire: les deux versants de la dialectométrie interponctuelle. In: Revue de linguistique romane 47 (1983) 353-412.

GOEBL, H.: Dialektometrische Studien. Anhand italoromanischer, rätoromanischer und galloromanischer Sprachmaterialien aus AIS und ALF, Tübingen 1984, 3 vol.

GOEBL, H.: Points chauds de l'analyse dialectométrique: pondération et visualisation. In: Revue de linguistique romane 51 (1987a) 63-118.

GOEBL, H.: Encore un coup d'oeil dialectométrique sur les *Tableaux phonétiques des patois suisses romands* (TPPSR). Deux analyses interponctuelles: parquet polygonal et treillis triangulaire. In: Vox romanica 46 (1987b) 91-125.

GOEBL, H.: Problèmes et méthodes de la dialectométrie actuelle (avec application à l'AIS). In: Nazioarteko dialectologia biltzarra. Agiriak/Actes du Congrès International de Dialectologie, Bilbo/Bilbao 1991, Euskaltzaindia/Académie de la Langue Basque (Ed.). Bilbo/Bilbao 1992, 429-475.

GOEBL, H.: Dialectometry. A Short Overview of the Principles and Practice of Quantitative Classification of Linguistic Atlas Data. In: Contributions to Quantitative Linguistics, Köhler, R./Rieger, B. B. (Eds.), Dordrecht 1992, 277-315.

HAAG, K.: Die Mundarten des oberen Neckar- und Donaulandes (Schwäbisch-alemannisches Grenzgebiet: Baarmundarten), Reutlingen 1898 (Beilagen zum Programm der Königlichen Realanstalt zu Reutlingen).

HARDING, R. M./SOKAL R. R.: Classification of the European Language Families by Genetic Distance. In: Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA 85 (1988) 9370-9372 [Population Biology].

KUNZE, K.: Historische Dialektologie aus Telephonbüchern. In: SCHUPP, V. (Ed.).: Alemannisch in der Regio, Göppingen 1993, 239-243.

LEIBNIZ, G. W.: Initia rerum mathematicarum metaphysica, III [1715]. In: id., Mathematische Schriften, GERHARD, C. I. (Ed.), vol. II, Halle 1863 (réimpression: Hildesheim 1962).

PIAZZA, A.: The Genetic Data from the French Provinces. In: Génétique des populations humaines/Human Population Genetics. Colloque INSERM, vol. 142, OHAYON, E./CAMBON-THOMSEN, A. (Eds.), Paris 1986, 345-350.

PIAZZA, A.: L'eredità genetica dell'Italia antica. In: Le scienze 278 (ottobre 1991) 62-69.

PIAZZA, A. et alii: Migration Rates of Human Populations from Surname Distributions. In: Nature 329 (22-10-1987) 714-716.

PIAZZA, A. et alii: The Basques in Europe: a Genetic Analysis. In: MUNIBE (Antropología y Arqueología), suppl. nº 6 (1988a) 169-177.

PIAZZA, A. et alii: A Genetic History of Italy. In: Annals of Human Genetics 52 (1988b) 203-213.

PIAZZA, A. et alii: Distribution of HLA Antigens in Italy. In: Gene Geography 3 (1989) 141-164.

RUFFIÉ, J.: De la biologie à la culture, Paris 1988 (1976: 1re édition), 2 vol.

RUHLEN, M.: On the Origin of Languages. Studies in Linguistic Taxonomy, Stanford 1994.

SOKAL, R. R.: Ancient Movement Patterns determine Modern Genetic Variances in Europe. In: Human Biology 63 (1991) 589-606.

SOKAL, R. R./WARTENBERG, D. E.: Space and Population Structure. In: Dynamic Spatial Models, GRIFFITH, D./MCKINNON, R. (Eds.), Alphen (sur le Rhin, Pays-Bas) 1981, 186-213.

SOKAL, R. R. et alii: Genetic Differences among Language Families in Europe. In: American Journal of Physical Anthropology 79 (1989a) 489-502.

SOKAL, R. R. et alii: Spatial Patterns of Human Gene Frequencies in Europe. In: American Journal of Physical Anthropology 80 (1989b) 267-294.

SOKAL, R. R. et alii: Genetics and Language in European Populations. In: The American Naturalist 135 (1990) 157-175.

SOKAL, R. R. et alii: A Spatial Analysis of 100 Surnames in England and Wales. In: Annals of Human Biology 19 (1992) 445-476.

WATSON, J. D./CRICK, F. H.: Molecular Structure of Nucleic Acids. A Structure of Desoxyribose Nucleic Acid. In: Nature 171 (1953a) 737.

WATSON, J. D./CRICK, F. H.: The Structure of DNA. In: Cold Spring Symposia on Quantitative Biology 18 (1953b) 123.

WIJSMAN, E. et alii: Surnames in Sardinia II. Computation of Migration Matrices from Surname Distributions in Different Periods. In: Annals of Human Genetics 48 (1984) 65-78.

WOMBLE, W. H.: Differential Systematics. In: Science 114 (1951) 315-322.

ZEI, G. et alii: Surnames in Sardinia I. Fit of Frequency Distributions for Neutral Alleles and Genetic Population Structure. In: Annals of Human Genetics 47 (1983) 329-352.

ZEI, G. et alii: Surnames in Sardinia III. The Spatial Distribution of Surnames for Testing Neutrality of Genes. In: Annals of Human Genetics 50 (1989) 169-180.

ZEI, G. et alii: Barriers to Gene Flow Estimated by Surname Distribution in Italy. In: Annals of Human Genetics 57 (1993) 123-140.

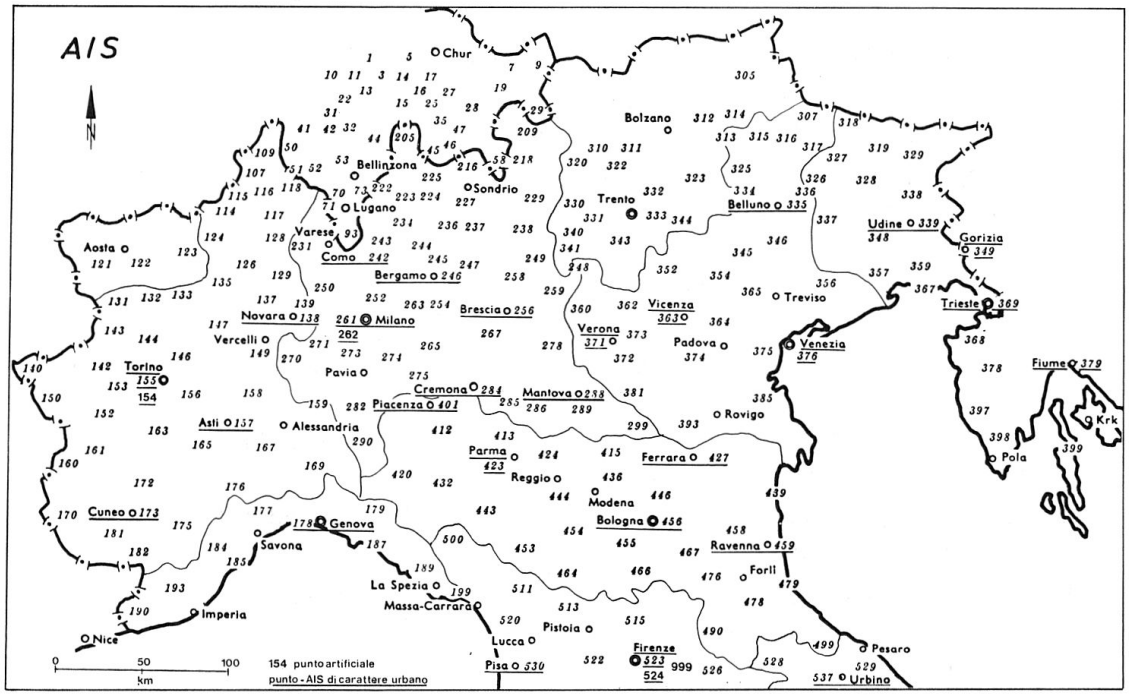

Fig. 1: Réseau de l'AIS utilisé dans toutes nos recherches dialectométriques

Nombre des points-AIS originaux: 250, dont 247 avec numérotation AIS courante et trois avec numération supplémentaire (pp. 154-Turin, 262-Milan, 524-Florence). Le point 999 constitue un point d'atlas artificiel: il correspond au registre de l'italien standard tel qu'il figure dans les en-têtes des cartes de l'AIS.

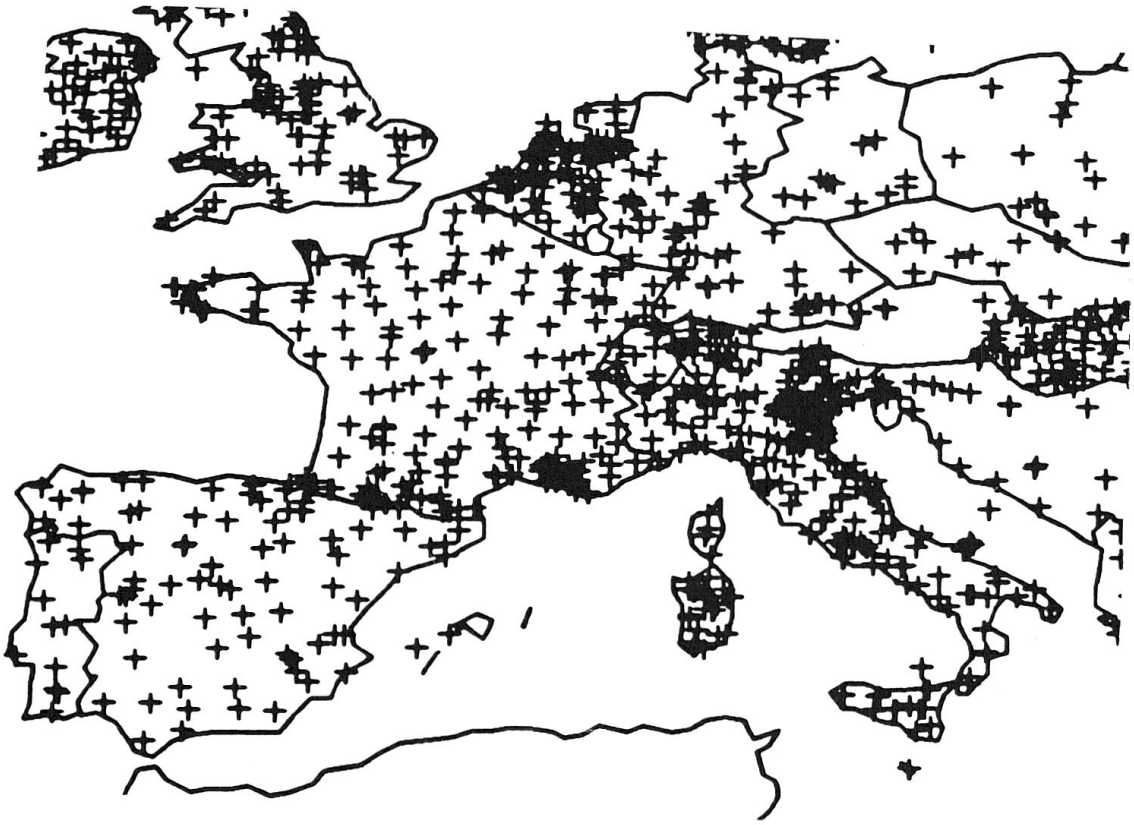

Fig. 2: Lieux de prélèvements de données génétiques actuellement disponibles (Europe centrale et sud-occidentale)

Source: SOKAL et al. 1989b, 271.

Remarquer la répartition spatiale inégale des prélèvements. Dans un endroit donné les prélèvements (de sang) ont toujours porté sur une pluralité d'individus.

SYNOPSIS QUANTITATIVE DES DONNÉES COMPARÉES

	entités spatiales (objets, éléments)	**attributs**	
		vecteurs d'attribut	modalités d'attribut
		"genetic systems"/ *noms de famille/* cartes d'atlas/	"alleles"/ *noms de famille/* types (taxats)
Génétique	89 provinces italiennes	19	57 *échelle métrique*
Onomastique	80 circonscriptions ecclésiastiques	80	(320) *échelle binaire*
Géo-linguistique	251 points-AIS	696	4836 *échelle nominale*

Fig. 3: Tableau synoptique des données génétiques, onomastiques et géolinguistiques considérées

Pour les données génétiques et onomastiques: cf. ZEI et al. 1993, 125-128.

Pour les données géolinguistiques: cf. GOEBL 1982, 15-18; 1983, 361-363 et 1984, I, · 30-54.

COMPARAISON PHÉNOMÉNOLOGIQUE ET STRUCTURALE ENTRE LES DONNÉES (GÉO)GÉNÉTIQUES ET (GÉO)LINGUISTIQUES

données (géo)génétiques (d'après ZEI et al. 1993)			**données (géo)linguistiques (d'après l'AIS: cf. GOEBL 1984 II, 24s)**		
„genetic systems"		„alleles"	*concept* d'une carte d'atlas		types (ou taxats) linguistiques
1	*ABO*	1: A, 2: B	1	il *padre* (AIS 5)	1: PADRE, 2: BAP, 3: PA, 4: ATA, 5: PAPA, 6: PARE, 7: TATA, 8: PADAR, 9: MIO PARE, 10: BUPA, 11: BABBO
2	*MNSs*	1: M			
3	*MNSs*	1: MS, 2: Ms, 3: NS	2	*guarda* (AIS 6)	1: GUARDA, 2: GARA, 3: MIRA, 4: CURA, 5: VITA, 6: SCHUETA, 7: BEIKA, 8: GUINCIA, 9: AKINTY, 10: GUARDA POCO, 11: AVETSA, 12: VEDE, 13: MIRA LA UN PO, 14: PARE, 15: PU KA
4	*Rhesus*	1: D			
5	*Rhesus*	1: CDE, 2: Cde, 3: Cde, 4: cDE, 5: cDe, 6: cdE, 7: cde	3	come *somiglia* (AIS 7)	1: SOMIGLIA, 2: ASSOMIGLIA, 3: ASSOMIGLIA TUTTO, 4: SOMIGLIA TUTTA, 5: DA SOMIGLIARE, 6: SOMIGLIA BENE, 7: SEMBRA, 8: FA SEMBRAR, 9: SOMIGLIA PROPRIO, 10: ARAVISA, 11: RASSOMIGLIA, 12: RASSOMIGLIA TUTTA, 13: RIVA, 14: INSOMIGLIA
6	*Kell*	1: K			
7	*Duffy*	1: Fy^a			
8	*Hapto-globin*	1:Hp^1	4	lo *manderò* (AIS 11)	1: MANDERO, 2: TRAMETTERO, 3: VEGNO TRAMETAR, 4: LASCIO GIRE, 5: NARO, 6: VOGLIO MANDARE, 7: VI A MITAR, 8: METTO
9	*GC*	1: Gc^1			
10	*acP*	1: p^a, 2: p^b	5	la loro *zia* (AIS 20)	1: ZIA, 2: AMITA, 3: TANTA, 4: AVA, 5: MAGNA, 6: NANA, 7: DONDO, 8: GOTA, 9: LAELAE, 10: ZIENNA
11	*PGM_1*	1: PGM_1			
12	*AK*	1: AK^1			
13	*ADA*	1: ADA^1	6	la sua *cognata* (AIS 29)	1: COGNATA, 2: BELLE-SOEUR, 3: SCHWAEGERIN
14	*EsD*	1: EsD^1			
15	*GLO-I*	1: $GLO\text{-}I^1$	7	la sua *moglie* (AIS 73)	4: MOGLIE, 5: DONNA, 6: FEMINA, 7: SPOSA, 8: MULIERE, 9: FEMELLE
16	*PGD*	1: PGD^a			
17	*HLA-A*	1: A1, 2: A2, 3: A3, 4: A11, 5: A23, 6: A24, 7: A25, 8: A26, 9: A28, 10: A29, 11: A32	8	le *tempie* (AIS 100)	10: TEMPIE, 11: POLSI, 12: SORELLE, 13: MEMORIA, 14: BERING, 15: TIMPANI, 16: SONNI, 17: DORMITORI
18	*HLA-B*	1: B5, 2: B7, 3: B8, 4: B12, 5: B13, 6: B14, 7: B15, 8: B16, 9: B17, 10: B18, 11: B21, 12: Bw22, 13: Bw27, 14: Bw35, 15: Bw40	9	il *ventre* (AIS 128)	1: VENTRE, 2: PANCIA, 3: TRIPO, 4: BUDELLI, 5: CORPO, 6: BUSETSCHA, 7: BUZZO
			10	il *fegato* (AIS 139)	1: FEGATO, 2: FIGA, 3: DIR, 4: NIROM, 5: FIDITSCH, 6: CURATA NEGRA, 7: BRASE, 8: FRICASSA, 9: FRICASSA NERA, 10: FRITIRA, 11: FIGARETU
19	*HLA-C*	1: Cw1, 2: Cw2, 3: Cw3, 4: Cw4, 5: Cw5	11	il *fiele* (AIS 140)	1: FIELE, 2: MARI
Au total: 19 *„genetic systems"*		57 „alleles"	etc. → 696		
			Au total: 696 cartes de l'AIS		4836 types (ou taxats) linguistiques

Fig. 4: Tableau comparatif des données (géo)génétiques et (géo)linguistiques.

MATRICES DE DONNÉES

1) Génétique

Modalités d'attribut: "alleles"; *échelle métrique*

"Genetic Systems"	1	2	3	4
3	d	d	d	d
2	B	b	C	C
1	A	A	A	A

Provinces italiennes

2) Onomastique

Modalités d'attribut: NF; *échelle binaire*

Noms de famille (NF)	1	2	3	4
3	+	+	+	+
2	+	+	-	-
1	+	+	+	-

Circonscriptions ecclésiastiques

3) Dialectométrie (Géolinguistique quantitative)

Modalités d'attribut: taxats; *échelle nominale*

Cartes-AIS	1	2	3	4
3	e	f	f	e
2	c	c	c	d
1	a	a	b	b

Points-AIS

Fig. 5: Présentation comparative des matrices de données utilisées

Remarquer la diversité des échelles métrologiques utilisées: alors que les données génétiques se situent au niveau de l'échelle *métrique* et varient partant d'une façon *continue* (voir la taille changeante des caractères A-D), les données onomastiques et géolinguistiques accusent des variations *discrètes non ordonnées*: elles n'occupent que le niveau de l'échelle *nominale*, l'échelle binaire en constituant un cas particulier.

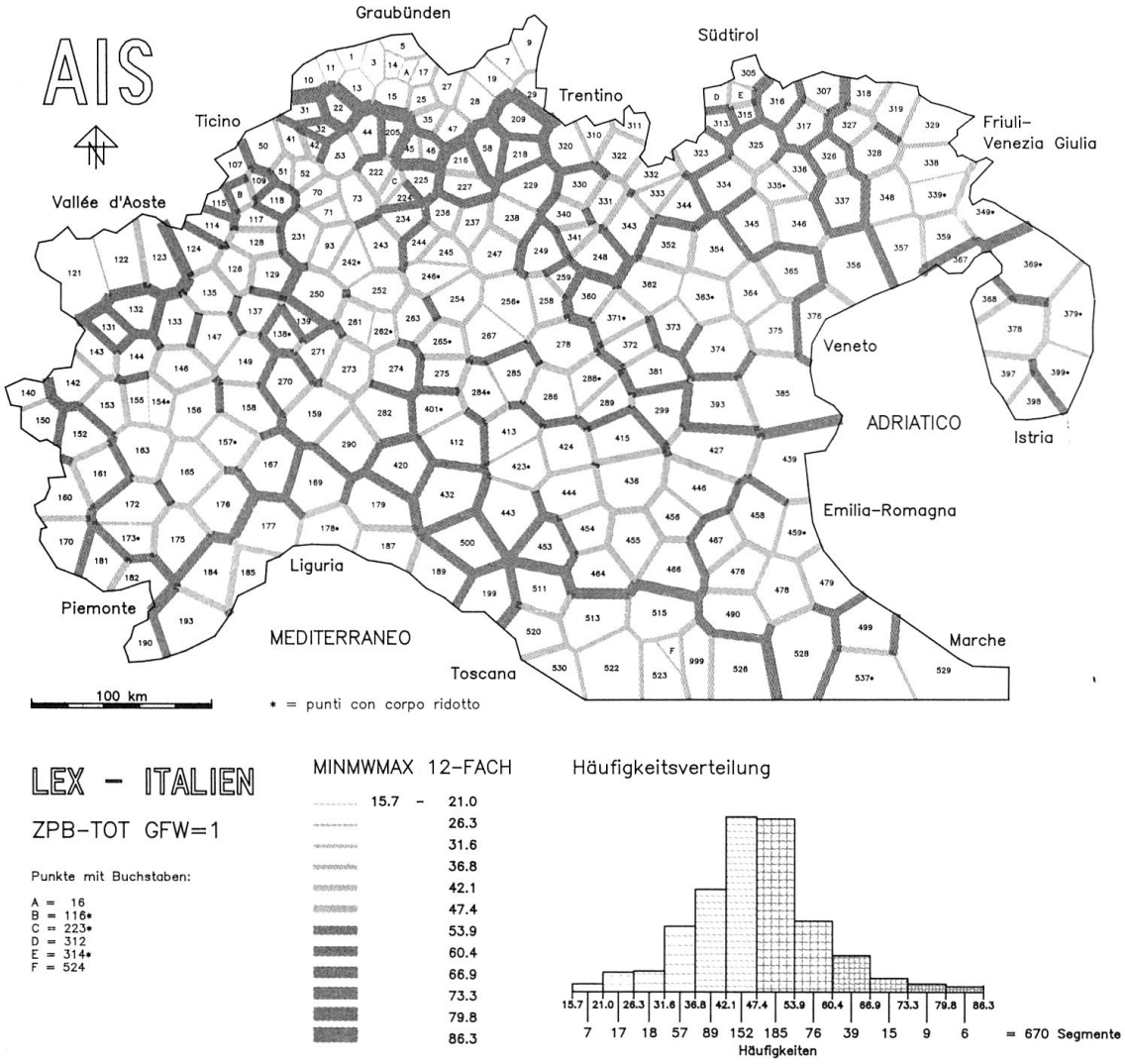

Fig. 6: Carte à cloisons (interpoints en fonction discriminatoire)

Indice de distance: $GFW=1_{jk}$ (=IPD(1) $_{jk}$): cf. GOEBL 1987, 67-77;

Algorithme d'intervallisation: MINMWMAX 12-fach (=12-tuple): cf. GOEBL 1987, 78-82.

Pour l'interprétation géolinguistique: cf. GOEBL 1983, 376-381 et 1992, 451-452.

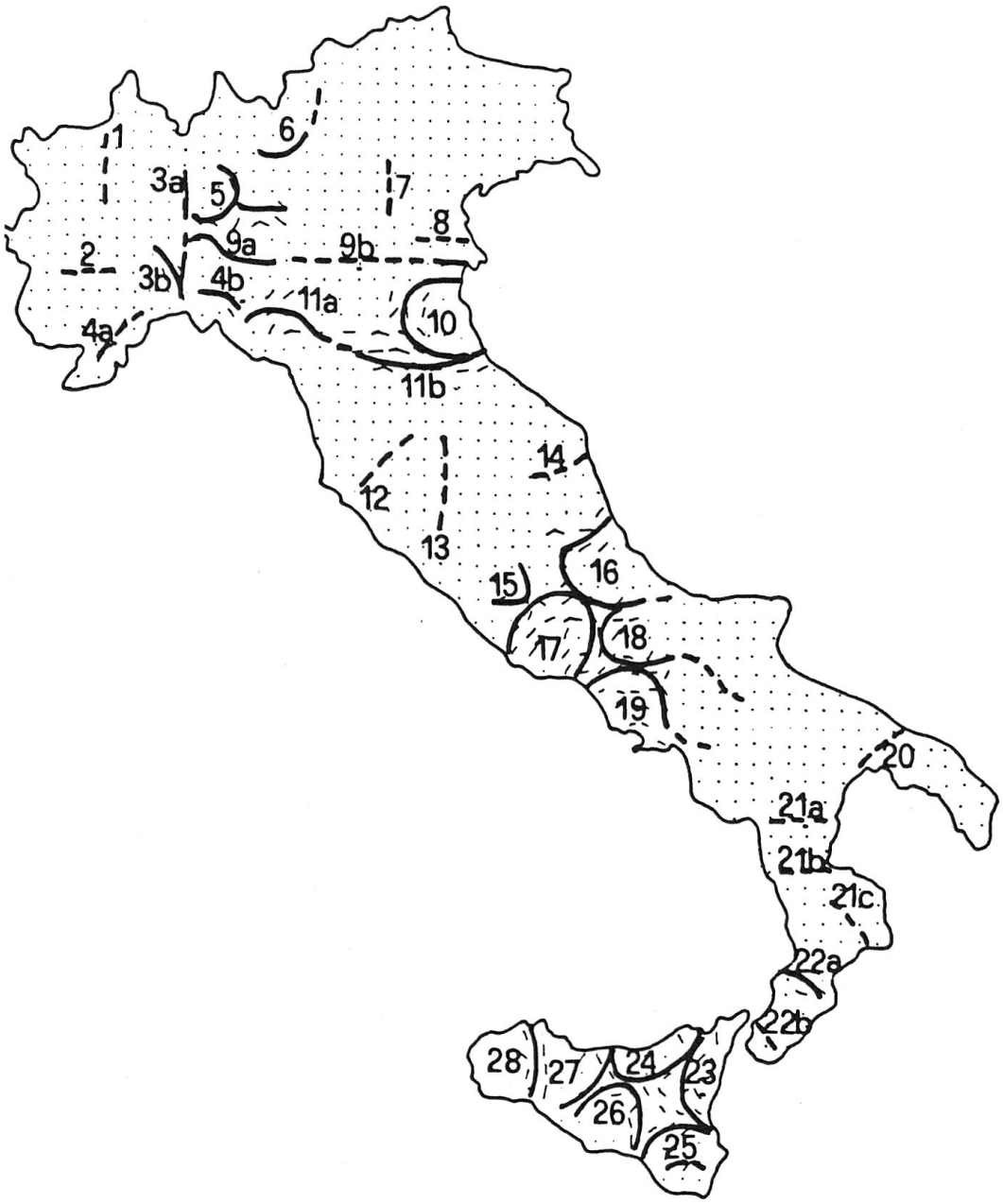

Fig. 7: Frontières onomastiques dans l'espace italien

Légende originale: «Boundaries from surname distribution detected by 'joint' wombling (solid line) and 'individual' wombling (dashed line)»; ZEI et al. 1993, 129, Fig. 2.

La numérotation des tronçons de frontière, reprise telle quelle dans la Fig. 10, va de 1 à 28 et ne sert qu'à des fins d'identification.

Fig. 8: Frontières génétiques dans l'espace italien

Légende originale: «Boundaries from gene frequency distribution detected by 'joint' wombling (solid line) and 'individual' wombling (dashed line). Every boundary is numbered as to the correspondent (i. e. detected in the same area) boundary in the surname map»; ZEI et al. 1993, 133, Fig. 5.

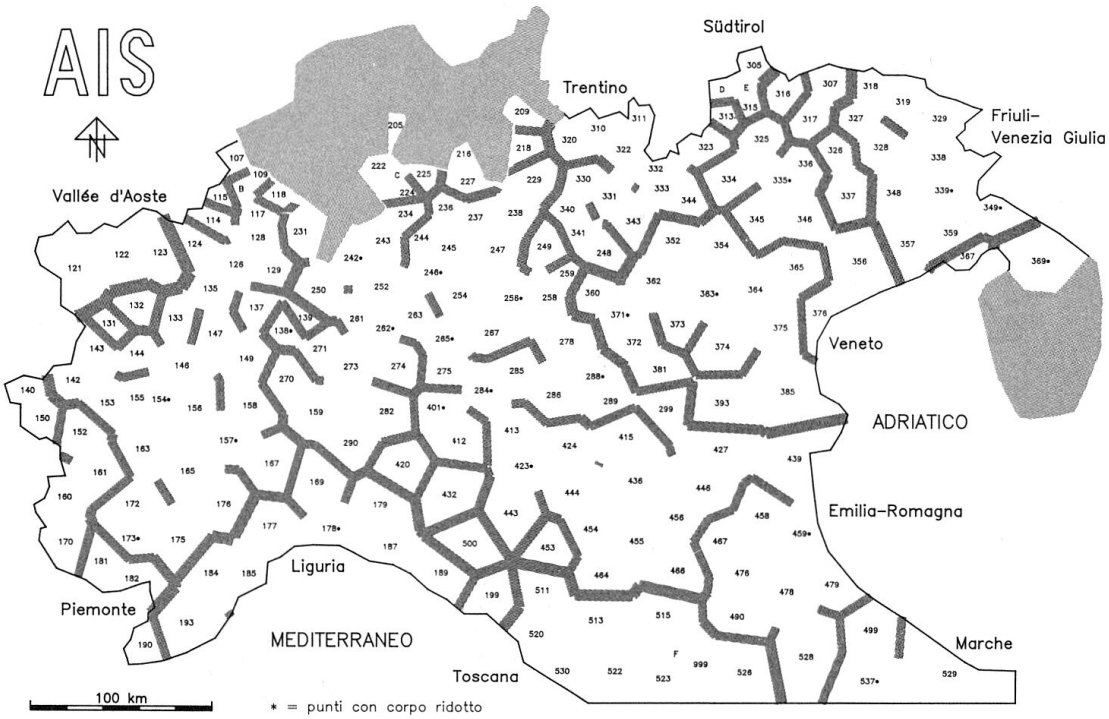

Fig. 9: Frontières linguistiques saillantes dans l'espace nord-italien

La carte représente une simplification de la Fig. 6. Ont été enlevés par rapport à la Fig. 6:

- les segments de polygone dont les indices de distance se situent au-dessous de la moyenne arithmétique de l'ensemble des 670 indices calculés;
- tous les segments de polygone le long et à l'extérieur des frontières politiques actuelles de l'Italie: ceci en vue de rendre la comparaison des Fig. 9 et 10 plus aisée.

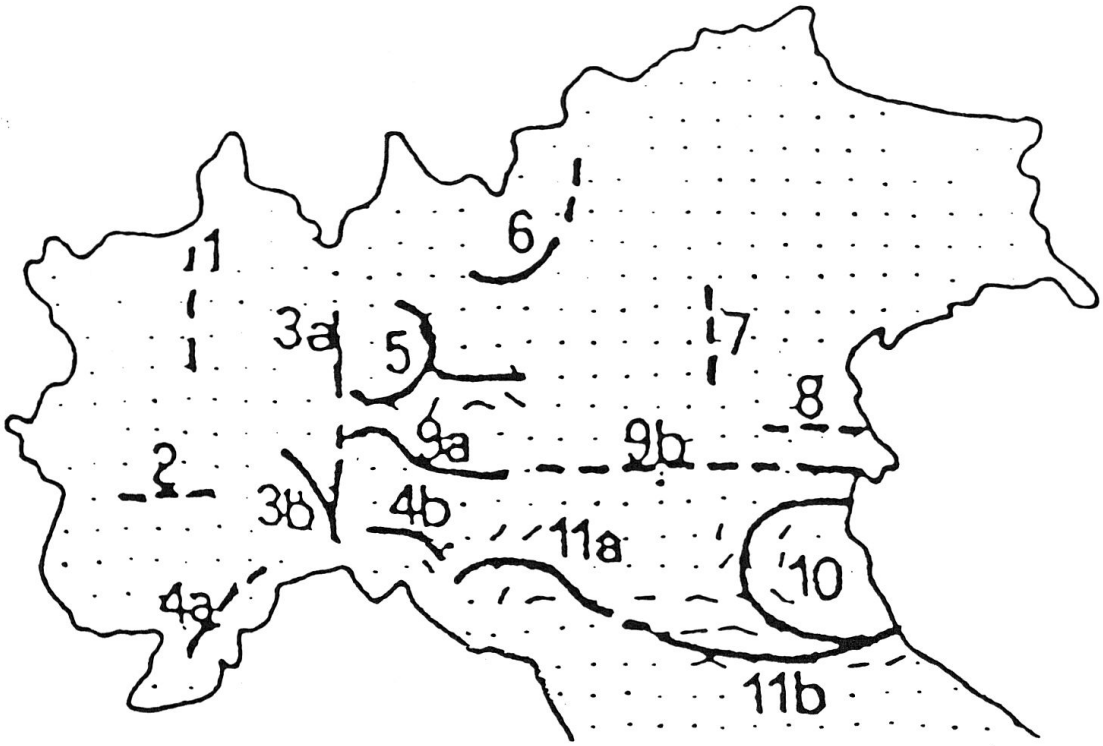

Fig. 10: Frontières onomastiques dans l'espace nord-italien

La carte présente le secteur septentrional de la Fig. 7. Remarquer la coïncidence spatiale parfaite de pratiquement tous les tronçons de frontière de cette carte avec les cloisons polygonales respectives de la Fig. 9.

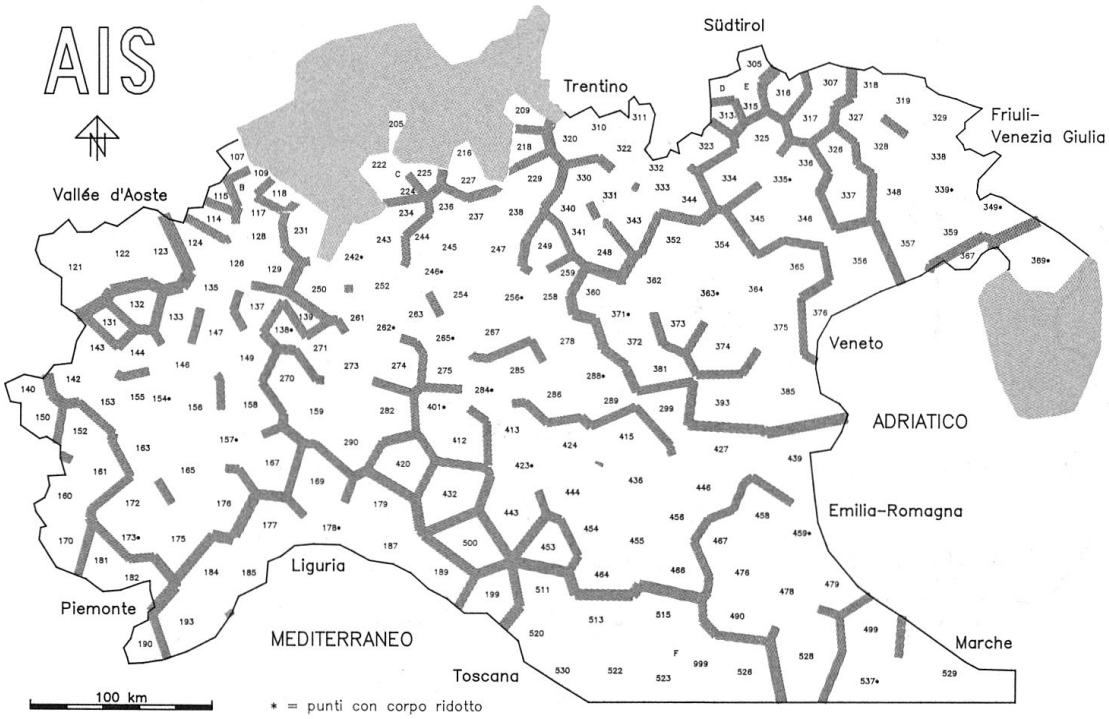

Fig. 11: Frontières linguistiques saillantes dans l'espace nord-italien

La carte représente une simplification de la Fig. 6. Ont été enlevés par rapport à la Fig. 6:

- les segments de polygone dont les indices de distance se situent au-dessous de la moyenne arithmétique de l'ensemble des 670 indices calculés;
- tous les segments de polygone le long et à l'extérieur des frontières politiques actuelles de l'Italie: ceci en vue de rendre la comparaison des Fig. 11 et 12 plus aisée.

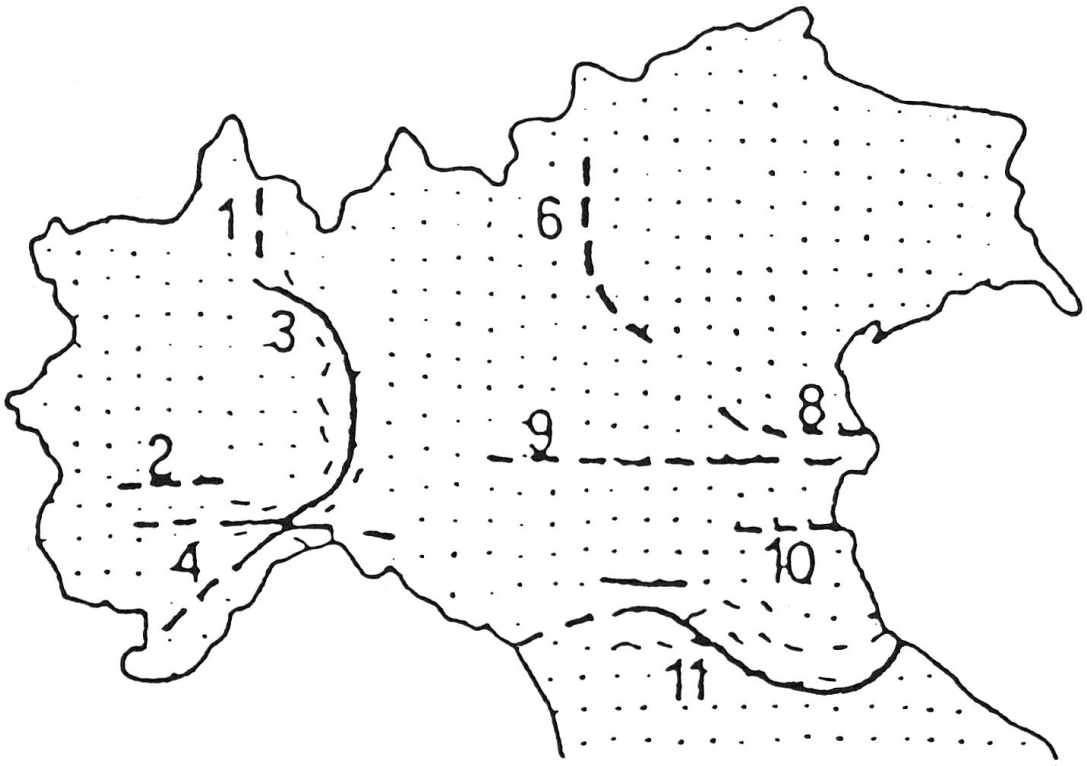

Fig. 12: Frontières génétiques dans l'espace nord-italien

La carte représente le secteur septentrional de la Fig. 8. Remarquer la coïncidence spatiale de tous les tronçons de frontière de cette carte avec les cloisons polygonales respectives de la Fig. 11. Pour l'interprétation de cette covariance cf. le paragraphe 4.