



Wiki Loves Monuments : photographiez un monument historique, aidez Wikipédia et gagnez !

En apprendre plus

Études génétiques sur les Juifs

6 langues

[Article](#) [Discussion](#)

[Lire](#) [Modifier](#) [Modifier le code](#) [Voir l'historique](#)

Les **études génétiques sur les Juifs** s'inscrivent dans le cadre de la [génétique des populations](#). Leur intérêt est d'essayer de mieux appréhender l'origine des différentes [populations juives](#) d'aujourd'hui. En particulier, elles tentent de déterminer si elles sont significativement issues du [Moyen-Orient](#) ou non. D'autre part, elles cherchent à savoir si un [patrimoine génétique](#) commun aux différentes populations juives est décelable.

Ces études montrent des lignées variées dans les populations juives modernes. Toutefois, la plupart de ces populations ont un patrimoine génétique paternel commun, qui remonte à une population ancienne dont les membres se séparèrent et suivirent des évolutions différentes¹. Ces découvertes font remonter des lignées paternelles des [Juifs](#) à des ancêtres issus du Moyen-Orient. Si elles ne sont pas en contradiction avec les [traditions juives](#) qui situent l'origine du peuple juif dans des [populations hébraïques](#) qui se sont installées au [pays de Canaan](#), elles dessinent une aire géographique d'origine plus large que ces traditions.

Les lignées maternelles sont globalement plus hétérogènes. Elles présentent souvent une particularité originale, qui est le phénomène des « fondatrices ». Dans un grand nombre de communautés, un nombre limité de femmes est à l'origine d'une grande partie de ces groupes. La plupart du temps, l'origine de ces fondatrices est inconnue ou contestée.

Les études réalisées sur un très grand nombre de [gènes](#) (non sexués) montrent que Juifs [ashkénazes](#), [séfarades](#) ([Grèce](#), [Turquie](#)), [marocains](#), [syriens](#) et [moyen-orientaux](#) ([Iran](#), [Irak](#)) font partie d'un groupe génétique commun ayant des origines au Moyen-Orient. Ce groupe est divisé en deux sous-groupes, les Juifs ashkénazes-séfarades-marocains-syriens d'une part et les [Juifs moyen-orientaux](#) d'autre part. La différence entre ces deux sous-groupes tient aux apports génétiques moyen-oriental et [sud-européen](#) (en particulier [italien](#)), tous deux plus ou moins importants dans le premier, et l'apport génétique moyen-oriental dans le second.

Un article publié dans *Nature*² résume ainsi en 2013 les connaissances sur les origines des Juifs [ashkénazes](#) : « Alors que les lignées masculines remontent significativement à des ancêtres venus du [Proche-Orient](#) (et peut-être d'Europe orientale ou du Caucase), les lignées féminines remontent à l'Europe occidentale préhistorique. Ces résultats mettent en lumière l'importance du recrutement de femmes indigènes et des conversions dans la formation des communautés ashkénazes. »

Introduction [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Les Juifs ne se sont jamais définis en tant que [race](#). Les [conversions](#) au judaïsme ont toujours existé et ont parfois même été encouragées dans le passé ^[réf. nécessaire]. De plus, certains historiens ont souligné le caractère [idéologique](#) que pouvaient prendre certaines études. Ainsi l'historien [antisioniste Shlomo Sand](#) affirme que la génétique en [Israël](#) était déjà, dès les années 1950, une « science biaisée entièrement dépendante d'une conception historique nationale qui s'efforçait de trouver une homogénéité historique nationale au sein des Juifs dans le monde ». Il considère, à propos de ces récentes

études génétiques, que « l'information sur le mode de sélection des éléments observés est ténue et de nature à éveiller de sérieux doutes, d'autant plus que les conclusions précipitées sont toujours construites et renforcées au moyen d'une rhétorique dénuée de tout lien avec le laboratoire scientifique »³. Enfin, le [biologiste](#) Alain F. Corcos, dans son livre *The Myth of the Jewish Race : A Biologist's Point of View*⁴, rappelle qu'il aurait été utile d'extraire l'[ADN](#) d'anciens squelettes et de le comparer à l'[ADN](#) de [non-Juifs](#) pour avoir une interprétation sûre des données issues de la génétique des populations.

Les études sur la [génétique des populations](#), en particulier celles sur les Juifs, existent et sont nombreuses. Elles intéressent des équipes de chercheurs de diverses nationalités : française, israélienne, américaine, britannique, italienne et espagnole. Elles sont réalisées dans un cadre scientifique standard et publiées dans des revues à comité de lecture. Elles sont reproductibles et subissent un débat contradictoire et ouvert. Elles cherchent à déterminer si, malgré l'histoire complexe des [migrations](#), il est possible de trouver des ancêtres communs aux communautés juives actuelles, ou si celles-ci sont plutôt liées aux populations non juives où elles ont été accueillies ^[réf. nécessaire].

Depuis les années 1970, de nombreuses études ont tenté de répondre à cette question à l'aide des [marqueurs génétiques](#) « classiques » ([groupes sanguins](#), [enzymes](#), etc.)⁵. Des réponses contradictoires ont été données en fonction des [locus](#) utilisés¹. Une des explications de ces contradictions est que les variations associées à un locus sont influencées par la [sélection naturelle](#)¹.

Depuis la fin des années 1980 et surtout depuis le début du xxi^e siècle, les généticiens ont travaillé sur le [chromosome Y](#) (transmis du géniteur aux descendants masculins) et sur l'[ADN mitochondrial](#) (transmis de la génitrice aux descendants masculins et féminins), qui ont la particularité d'être transmis intégralement (hors mutation). Il est donc possible de remonter aux ancêtres communs des différentes populations du globe, et en particulier de celles des populations juives. Par ailleurs, de très récentes études ont été réalisées sur un très grand nombre de gènes des [chromosomes homologues](#) ou [autosomes](#) (tous les chromosomes à l'exclusion des chromosomes [X](#) et [Y](#)).

À une exception près⁶, ces études ne tentent pas de déterminer un quelconque gène juif. Au cours d'un congrès scientifique en 2003 aux États-Unis, le biologiste juif américain [Robert Pollack](#), de l'[université Columbia](#), et plusieurs scientifiques ont clairement réfuté le fait que l'on puisse déterminer biologiquement la « [judéité](#) » d'un individu, puisqu'il n'existe tout simplement pas de [séquences ADN](#) qui soient présentes chez les Juifs et absentes chez les non-Juifs⁷.

Il peut sembler paradoxal, de prime abord, de dire d'une part qu'il n'y a pas de gène juif, et d'autre part qu'un certain nombre de communautés juives dans le monde ont une origine génétique commune. Cela provient du fait que la génétique des populations ne s'intéresse pas aux individus, mais consiste en études statistiques qui cherchent à déterminer, par exemple, le pourcentage de « gènes » (ou plus exactement d'[haplogroupes](#)) communs à deux populations. Ainsi toutes les « communautés », c'est-à-dire tout ensemble quelconque d'êtres humains pris selon n'importe quel critère (« est chrétien », « sait jouer aux échecs », etc.), ont un ancêtre commun. Cela n'est aucunement spécifique au critère « est juif ». Ainsi, l'ancêtre commun de la communauté humaine est connu sous le nom de [Y-MRCA](#) (*Y-chromosome Most Recent Common Ancestor*).

La lecture de la suite de cet article nécessite quelques connaissances sur la [génétique des populations](#).

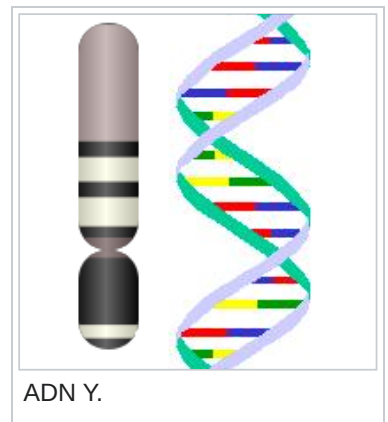
Lignée paternelle : l'ADN du chromosome Y ^{[[modifier](#) | [modifier le code](#)]}

Les premiers à avoir montré l'existence d'un patrimoine génétique paternel commun entre les Juifs [séfarades](#) et [ashkénazes](#) sont [Gérard Lucotte](#) et Fabrice David⁸ en 1992^{9, 10}. En 1993, A. S. Santachiara Benerecetti¹¹ et ses collègues ont suggéré l'origine proche-orientale de lignées paternelles des Juifs¹². En 2000, Michael F. Hammer¹³ et ses collègues ont réalisé une étude sur plus de mille hommes qui a définitivement établi qu'une partie du « [patrimoine génétique paternel](#) des communautés juives d'[Europe](#), d'[Afrique du Nord](#) et du Moyen-Orient était issue d'une population ancestrale moyen-

orientale commune » et suggérerait que « la plupart des communautés juives étaient restées relativement isolées des communautés non juives voisines durant leur vie en diaspora »¹.

Selon Almut Nebel¹⁴ et ses collègues, plus de 70 % des hommes juifs et la moitié des hommes arabes (habitant seulement Israël ou les territoires palestiniens) dont l'ADN a été étudié, ont hérité leurs chromosomes Y des mêmes ancêtres paternels qui vivaient dans la région il y a quelques milliers d'années¹⁵.

Environ 30 % à 40 % des Juifs possèdent l'**haplogroupe J**^{Note 1} et ses sous-haplogroupes. Cet **haplogroupe** est particulièrement présent au Moyen-Orient et sur les rives méridionale et orientale de la **Méditerranée**¹⁶. Par ailleurs, 15 à 30 % possèdent l'haplogroupe **E1b1b**^{Note 2} (ou E-M35) et ses sous-haplogroupes.



ADN-Y des Juifs ashkénazes [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Le terme « **ashkénaze** » est relativement bien défini dans ces études. Il désigne les Juifs vivant ou dont les ancêtres « paternels » ont habité dans les régions d'Europe suivantes : **vallée du Rhin** en **France**, **Allemagne**, **Pays-Bas**, **Autriche**, **Hongrie**, ex-**Tchécoslovaquie**, **Biélorussie**, **Lituanie**, **Pologne**, **Roumanie**, **Russie** et **Ukraine**. Sont donc exclus les Juifs du sud de l'Europe (**Balkans**, **péninsule Ibérique** et **Italie**).

Il existe actuellement deux hypothèses concernant l'origine du peuplement ashkénaze. L'hypothèse rhénane soutient une dispersion des Juifs par le **sud de l'Europe** jusqu'à la **Rhénanie**, puis vers l'**Europe de l'Est**. Cette première hypothèse est corroborée par l'importance de la communauté juive médiévale en France septentrionale et en Rhénanie expulsée à partir du **xv^e siècle**. L'œuvre du commentateur **Rachi** et des **Tossafistes**, ainsi que les nombreuses « **rues des Juifs** » existant en France et en Allemagne en témoignent. Selon l'hypothèse **khazare**, des Juifs auraient franchi le **Caucase** avant de diffuser vers l'Europe et le reste de l'**Asie**. Cette dernière hypothèse est corroborée par des témoignages historiques (présence d'une civilisation **khazare** asiatique possiblement **convertie** en tout ou partie au **judaïsme** au **viii^e siècle**). La conversion massive de ce peuple permettrait d'expliquer la présence de millions d'Ashkenazes en Europe de l'Est.

Toutes les études ont montré qu'il existait un patrimoine génétique paternel commun entre les Ashkénazes et les autres communautés juives et que ce patrimoine provenait du Moyen-Orient. Cependant elles se sont aussi penchées sur l'apport génétique européen parmi cette population.

Pour M. Hammer et ses collègues en 2000¹, la contribution génétique européenne globale est estimée entre 16 et 30 % (avec une hypothèse moyenne de 23 %)^{Note 3}. De plus, les auteurs montrent une forte similitude avec les populations **grecques** et **turques** non juives.

Par ailleurs, compte tenu que l'haplogroupe **R1b1** est particulièrement abondant chez les populations de l'**ouest de l'Europe**, les études de Nebel¹⁷ et Behar¹⁸ suggèrent un apport d'environ 10 % de lignée ouest-européenne chez les Ashkénazes. Pour G. Lucotte et ses collègues¹⁹, l'apport ouest-européen est de l'ordre de 11 %^{Note 4}. En 2004, dans la plus importante étude réalisée sur les Juifs ashkénazes, Doron M. Behar²⁰ et ses collègues donnent un pourcentage d'apport européen de 8,1 % ± 11,4 %^{Note 5}. Lorsque le calcul est réalisé en excluant les **Juifs néerlandais**, la contribution est de 5 % ± 11,6 %¹⁸.

Deux études menées en 2001¹⁷ et 2005 par A. Nebel et ses collègues²¹ indiquent qu'il existe une fréquence élevée (12,7 %) de l'haplogroupe **R1a1**^{Note 6} chez les Ashkénazes qui est très fréquent dans les populations de l'est de l'Europe (entre 54 et 60 %). Les auteurs suggèrent que ces chromosomes pourraient rendre compte d'une contribution génétique provenant des populations est-européennes et qu'en particulier environ 12 % du patrimoine génétique paternel des Juifs ashkénazes pourrait provenir des **Khazars**. Cette hypothèse est aussi soutenue par (en) **David B. Goldstein** dans son livre

*Jacob's legacy : a genetic view of Jewish history*²². À l'inverse, Marina Faerman²³ estime que « l'apport génétique extérieur de populations d'Europe de l'Est est possible chez les Ashkénazes, mais aucune preuve de la contribution d'un hypothétique apport khazar n'a été montré »²⁴.

Par ailleurs 7 %^{18,25} des Juifs ashkénazes possèdent l'haplogroupe **G2c**, qui est extrêmement rare dans le reste de la population humaine. Il semble qu'il soit présent dans un faible pourcentage chez les **Pachtounes** en **Afghanistan** mais l'origine de cet haplogroupe est inconnue. L'haplogroupe Q1b (M378) est également rare dans le reste de la population humaine. On le trouve en faible pourcentage au **Pakistan**, chez les **Hazara** et les **Sindhi**²⁶, parmi les **Ouigours**, au **Turkestan chinois**, et en **Asie centrale**²⁷ mais aussi en **Irak**²⁸.

Parmi les Juifs ashkénazes, les **Juifs néerlandais** semblent avoir une distribution d'haplogroupes particulière, puisqu'ils possèdent près d'un quart d'haplogroupe R1b1 (R-P25) caractéristique des populations de l'**ouest de l'Europe**¹⁸, en particulier le sous-haplogroupe **R1b1b2** (M269).

Ainsi le patrimoine génétique paternel des Juifs ashkénazes a une base moyen-orientale avec des contributions significatives des populations de l'Ouest et de l'Est de l'Europe, ainsi que des origines indéterminées.

Distribution des haplogroupes de la population ashkénaze												
		E1b1b1 (M35)		G (M201)	J1 ou J* (12f2b)		J2 (M172)		Q1 (P36)	R1a1 (M17)	R1b1 (P25)	
	Nb échantillons	E1b1b1a (M78)	E1b1b1c (M123)	G2c (M377)	J1 (M267)	J*	J2a* (M410)	J2a1b (M67)	Q1b (M378)		R1b1b2 (M269)	R1b1* (P25)
Behar 2004 ¹⁸	442	16,1 %		7,7 %	19 %		19 %		5,2 %	7,5 %	10 %	
Semino 2004 ¹⁶	~ 80	5,2 %	11,7 %	Non testé	14,6 %		12,2 %	9,8 %	Non testé	Non testé	Non testé	
Hammer 2009 ²⁵	important ^{Note 7}	~ 3 %	~ 17 %	~ 7 %	~ 17 %		~ 6 %	~ 14 %	~ 7 %	Non donné	~ 9 %	~ 2 %
Nebel 2001 ¹⁷	79	23 %		?	24 %		19 %		?	12,7 %	?	
Shen ²⁹	20	10 %	10 %	5 %	20 %	5 %		15 %	5 %	20 %	10 %	

ADN-Y des Juifs séfarades [modifier | modifier le code]

Le terme « **séfarade** » désigne des populations significativement différentes d'une étude à l'autre. Il peut avoir un sens très restrictif en ne faisant référence qu'aux populations parlant le **judéo-espagnol** (à l'exclusion des **Juifs marocains**) ou à l'opposé le terme « séfarade » peut désigner l'ensemble des populations juives non ashkénazes (à l'exclusion des **juifs d'Éthiopie**, du **Yémen** et des **Juifs kurdes**). Entre ces deux extrêmes, toutes sortes de variantes existent.

Les investigations faites par A. Nebel et ses collègues¹⁷ sur les relations génétiques entre les Juifs ashkénazes, kurdes et séfarades (Afrique du Nord, Turquie, **péninsule Ibérique**, Irak et Syrie) indiquent que les Juifs sont plus proches génétiquement des groupes du nord du **croissant fertile** (Kurdes, Turcs et **Arméniens**) que de leurs voisins **arabes**. Il faut toutefois remarquer que seul un très petit échantillon de 78 individus a été étudié (dont 37 Juifs **nord-africains**, principalement du Maroc).

ADN-Y des Juifs d'Afrique du Nord [modifier | modifier le code]

L'étude la plus importante à ce jour sur les [Juifs d'Afrique du Nord](#) a été menée par [Gérard Lucotte](#) et ses collègues en 2003¹⁹. Cette étude a montré que les Juifs d'Afrique du Nord^{Note 8} présentaient des fréquences de leurs [haplotypes](#) paternels quasiment identiques à celles des [Libanais](#) et des [Palestiniens](#) non juifs.

Les auteurs ont aussi comparé la distribution des haplotypes des Juifs d'Afrique du Nord avec celle des Juifs ashkénazes et celle des [Juifs orientaux](#) et ont constaté un patrimoine commun mais aussi des différences significatives, notamment la présence de deux haplotypes qui sont majoritairement trouvés en [Afrique](#) chez les premiers. L'haplotype V^{Note 9} a une proportion de 18,6 % chez les Juifs d'Afrique du nord. Les auteurs soulignent que cet haplotype apparait dans des proportions comparables chez les Palestiniens (15,9 %) et les Libanais (16,7 %). L'haplotype IV, que l'on trouve principalement en [Afrique sub-saharienne](#), a une proportion de 8,4 % chez les Juifs d'Afrique du Nord mais est absent chez les juifs Ashkénazes.

La communauté juive de l'île de [Djerba](#) en [Tunisie](#) suscite un intérêt particulier, la tradition la faisant remonter à l'époque de la [destruction du premier Temple](#). Deux études ont tenté de vérifier cette hypothèse : la première de G. Lucotte et ses collègues date de 1993³⁰, la seconde de l'[anthropologue](#) Franz Manni³¹ et ses collègues date de 2005³². Elles concluent également que le patrimoine génétique paternel des Juifs de Djerba est différent de celui des [Arabes](#) et des [Berbères](#) de cette île. Pour la première étude, 77,5 % des échantillons testés sont de l'haplotype VIII (probablement similaire à l'[haplogroupe J](#) selon Lucotte), la seconde montre que 100 % des échantillons sont de l'Haplogroupe J*. La seconde étude suggère qu'il est peu vraisemblable que la majorité de cette communauté provienne d'une colonisation ancienne de l'île alors que pour Lucotte, il est difficile de déterminer si cette fréquence élevée représente réellement une relation ancestrale.

Une étude de Raquel Levy-Toledano et ses collègues a démontré que « l'ascendance patrilinéaire des Juifs marocains est très majoritairement moyen-orientale », avec seulement 4,5 % d'origine nord-africaine et 11 % d'origine ibérique³³.

Ces études suggèrent donc que le patrimoine génétique paternel des Juifs d'Afrique du Nord provient majoritairement du Moyen-Orient, avec une contribution africaine, probablement berbère, minoritaire mais significative.

ADN-Y des Juifs portugais [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Une étude récente de Inês Nogueiro³⁴ et ses collègues (juillet 2009) sur les Juifs du nord-est du [Portugal](#) (région de [Trás-os-Montes](#)) a montré que leurs lignées paternelles se composaient de 35,2 % de lignées européennes (R : 31,7 %, I : 3,5 %), de 37 % de lignées proche-orientales (J1 : 12 %, J2-M172 : 25 %), et qu'en conséquence, les [Juifs portugais](#) de cette région étaient génétiquement plus proches des autres populations juives que des Portugais non juifs³⁵.

N	E-M78	E-M81	E-M34	G	I	J1	J2	T	R1a	R1b1b1	R1b1b1b2
57	3,5 %	5,2 %	0 %	3,5 %	3,5 %	12,3 %	24,5 %	15,8 %	1,8 %	1,8 %	28,1 %

ADN-Y des Juifs orientaux [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Par ailleurs, G. Lucotte et ses collègues montrent que les [juifs orientaux](#) (Turquie - 19, Grèce - 10, Irak - 12, Iran - 12 et Syrie - 3) comportent une distribution d'haplotypes comparable mais avec des différences significatives à celle des Libanais et des Palestiniens non juifs^{Note 10}.

ADN-Y des Juifs romains [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Les [Juifs romains](#) ([Bené Roma](#)) sont comme leur nom l'indique des Juifs se désignant comme originaires de [Rome](#) en Italie. M. Hammer et ses collègues¹ montrent que leurs lignées paternelles sont proches de celles des Juifs ashkénazes.

ADN-Y des Juifs kurdes [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Dans l'article de A. Nebel et ses collègues¹⁷ les auteurs montrent que les [Juifs kurdes](#) et séfarades ont des patrimoines génétiques paternels non différenciables. L'étude indique que les mélanges entre les Juifs kurdes et leurs hôtes [musulmans](#)

sont négligeables. M. Hammer¹ avait déjà montré la très forte corrélation entre le patrimoine génétique des [Juifs d'Afrique du Nord](#) avec leur coreligionnaires kurdes.

ADN-Y des Juifs du Yémen [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Les études de Peidond Shen²⁹ et de M. F. Hammer¹ et de leurs collègues montrent que le patrimoine génétique paternel des [Juifs du Yémen](#) est similaire à celui des autres populations juives.

ADN-Y des Juifs d'Éthiopie [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Une étude³⁶ de Lucotte et P. Smets a montré que le patrimoine génétique *paternel* des [Beta Israël](#) (Juifs d'[Éthiopie](#)) est proche des populations éthiopiennes non juives. Ceci est cohérent avec le fait que les Beta Israël se sont mariés avec des habitants d'Éthiopie pendant plus d'un millénaire, tandis que ce type d'étude génétique ne saurait déceler l'origine de lointains ancêtres.

Hammer et ses collègues en 2000¹, ainsi que l'équipe de Shen en 2004²⁹ arrivent aux mêmes conclusions, à savoir que les recherches actuelles ne peuvent pas différencier leur patrimoine génétique des autres populations du nord de l'Éthiopie.

Le cas des familles sacerdotales [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Article connexe : [en:Y-chromosomal Aaron](#).

Étude sur les Cohanim [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Article détaillé : [Cohen \(judaïsme\)](#).

Le D^r Karl Skorecki³⁷, un [néphrologue](#) canadien d'origine ashkénaze, a remarqué qu'un homme séfarade qui était un [Cohen](#) comme lui avait des caractéristiques physiques complètement différentes. Selon la tradition juive, tous les Cohanim sont les descendants du prêtre [Aaron](#), frère de [Moïse](#). Skorecki a suggéré que si les Cohanim étaient effectivement les descendants d'un seul homme, ils devaient avoir un ensemble de marqueurs génétiques communs.

Pour vérifier cette hypothèse, il a contacté le professeur Michael Hammer, de l'[Université de l'Arizona](#), un chercheur en génétique moléculaire et un pionnier dans la recherche sur le [chromosome](#). Leur article³⁸, publié dans « [Nature](#) » en 1997, a eu un certain retentissement. Un ensemble de marqueurs particuliers (appelé *Cohen Modal Haplotype* ou CMH) était en effet plus susceptible d'être plus présent chez les [Cohanim](#), des Juifs contemporains portant le nom de Cohen ou un dérivé, et de ce fait supposés descendre de l'ancienne lignée sacerdotale, que dans la population juive en général. Une origine commune avait été strictement préservée pendant des milliers d'années.

Cependant, des études ultérieures³⁹ ont montré que le nombre de marqueurs génétiques utilisés et le nombre d'échantillons (de personnes se disant Cohen) n'étaient pas assez grands. La dernière de ces études réalisée en 2009 par Hammer et Behar et leurs collègues dont Skorecki²⁵ indique qu'il n'existe pas un seul [haplogroupe](#) commun à tous les Cohen mais 21 et que 79,5 % des haplogroupes des Cohen proviennent de 5 haplogroupes. Parmi ces cinq haplogroupes le premier (J-P58* ou J1e) tient compte de 46,1 % des Cohen et le second (J-M410 ou J2a) de 14,4 %. Hammer et Behar ont redéfini un CMH étendu comme étant l'[haplotype](#) déterminé par un ensemble de 12 marqueurs et ayant comme « arrière-plan » l'haplogroupe déterminant la plus importante des lignées J1e (46,1 %). Cet haplotype est absent chez les 2



099 [non juifs](#) analysés dans l'étude. Il serait apparu il y a 3000 +/- 1000 ans. Cette dernière étude confirme tout de même que les Cohen actuels descendraient d'un nombre restreint d'ancêtres paternels.

Étude sur les Lévites [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

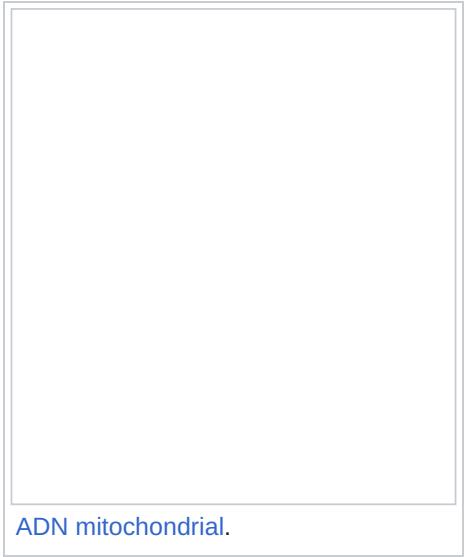
Contrairement aux Cohanim, des études⁴⁰ sur les [Lévites](#) montrent une disparité d'origine entre les Lévites ashkénazes et séfarades (non ashkénazes). En effet, une proportion importante (50 % des échantillons testés) de Lévites ashkénazes présente un haplogroupe R1a1 proche des haplogroupes européens alors que l'haplogroupe des Lévites séfarades est proche des haplogroupes des populations proche-orientales. Les auteurs émettent l'hypothèse d'une origine est-européenne des Lévites ayant l'haplogroupe R1a1.

Lignée maternelle : l'ADN mitochondrial [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Les études sur l'[ADN mitochondrial](#) des populations juives sont plus récentes et sont encore sujettes à débat. Cependant, il semble qu'il n'y ait pas de lignées maternelles communes à l'ensemble des populations juives.

Les généticiens attribuent le plus souvent l'origine des populations juives à des individus masculins ayant émigré du Moyen-Orient et ayant pris comme épouses des femmes dans les populations indigènes, qu'ils [convertissaient au judaïsme](#), ce qui semble confirmé par l'étude la plus récente en 2013, au moins pour les Ashkénazes^{41,42}.

D'autre part, dans un certain nombre de communautés juives, un nombre limité de femmes sont à l'origine d'une grande partie de ces communautés⁴³. Ce phénomène est appelé « effet de fondateur ». Il est rare dans les communautés non juives.



ADN-mt des Juifs ashkénazes [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

En 2006, une étude de D. Behar et ses collègues indiquent que le patrimoine génétique maternel de 40 % des Ashkénazes proviendrait « de 4 ancêtres femmes » vivant il y a 2 000 ans dont l'origine n'est pas européenne. De plus, la présence de lignées maternelles « sœurs » parmi les [Juifs d'Afrique du nord, de France, d'Italie](#) et du [Portugal](#) suggère une origine hébraïque ou [levantine](#)⁴⁴. Cependant, dans une entretien publiée plus tard cette année-là, Behar a déclaré qu'une origine moyen-orientale est « claire » pour l'une des lignées mais pas pour les trois autres lignées⁴⁵.

En 2007, une autre étude de J. Feder et collègues⁴⁶ semble confirmer l'hypothèse de fondatrices d'origine non locale, cependant elle ne confirme pas explicitement l'origine « levantine » de ces fondatrices.

En 2013, l'étude de M. Richards et collègues⁴⁷ est la plus intéressante car elle utilise un ensemble de données sur l'ADN mitochondrial bien plus important que celui des travaux précédents⁴⁸. L'ADN mitochondrial moderne des Juifs ashkénazes se répartit ainsi : 81 % européenne, 8,3 % Proche orientale ; pratiquement aucun ne semble provenir du Caucase Nord⁴⁹. La lignée maternelle des Juifs ashkénazes remonte donc principalement à l'Europe occidentale préhistorique⁴².

Une autre étude d'Eva Fernandez et de ses collègues soutient que les [lignées K](#) (prétendument d'origine européenne par Richards *et al.*) chez les Juifs ashkénazes pourraient avoir une ancienne source proche-orientale⁵⁰.

En 2022, l'étude de Kevin Brook ont utilisé un ensemble de données sur l'ADN mitochondrial encore plus grand que les études précédentes. Selon Brook, des haplogroupes tels que K1a9⁵¹, R0a2m⁵² et U1b1⁵³ sont originaires de Asie occidentale. Il a suggéré que plusieurs haplogroupes, parmi lesquels V7a⁵⁴ et H11b1⁵⁵, représentent des femmes [Slaves occidentales](#) qui se sont converties au judaïsme dans le centre-est de l'Europe. Dans son réexamen de la question des

mariages mixtes potentiels avec les [Khazars](#), il n'a trouvé aucun lien génétique direct avec les [Tchouvaches](#) ni à aucun des échantillons khazars médiévaux qui ont été collectés à ce jour⁵⁶, mais il a déclaré que l'haplogroupe N9a3a1b1 parmi les Ashkénazes peut avoir un ancêtre Khazar parce que c'est la sous-clade de N9a3a1b, que l'on retrouve parmi les [Bachkirs](#), un peuple turc qui vivent autour des montagnes de l'Oural⁵⁷.

ADN-mt des Juifs d'Afrique du Nord [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

L'analyse de l'[ADN mitochondrial](#) des populations [juives d'Afrique du Nord](#) a fait l'objet d'une nouvelle étude détaillée en 2008 par Doron Behar et ses collègues⁵⁸. Elle montre que les Juifs de certaines régions d'Afrique du Nord (Maroc, Tunisie, Libye) ne partagent pas les [haplogroupes](#) de l'ADN mitochondrial typiquement nord-africains (M1 et U6) des populations [berbères](#) et [arabes](#). Cependant, les échantillons génétiques DMB01943 et DMB01972 sont des Juifs marocains répertoriés comme membres de l'haplogroupe U6a1, un sous-clade de U6, indiqué dans le tableau S1, ce qui signifie que les mots des auteurs ("...les Juifs d'Afrique du Nord (du Maroc, de Tunisie, de Libye)... semblent manquer d'ADNmt haplogroupes typiquement nord-africains M1 et U6... l'absence de chromosomes U6 et M1 chez les Juifs d'Afrique du Nord...") contredisent leurs propres données scientifiques⁵⁹. De même, alors que la fréquence d'haplogroupes L [sub-sahariens](#) avoisine, en moyenne, 20-25 % chez les populations [berbères](#) étudiées, elle n'est que de 1,3 %, 2,7 % et 3,6 % respectivement chez les [juifs du Maroc](#), [de Tunisie](#) et de [Libye](#)⁶⁰.

L'étude de D. Behar montre également que les Juifs d'Afrique du Nord ne partagent pas non plus leurs lignées maternelles principales avec les [Juifs du Proche-Orient](#)⁵⁸.

L'étude révèle également qu'environ 40 % des [Juifs de Libye](#) descendraient d'une seule femme et que 43 % des Juifs de Tunisie descendraient de 4 femmes. La lignée maternelle partagée par les Juifs de Libye et de Tunisie a une origine qui se situe dans une région allant du proche et Moyen-Orient jusqu'au Caucase.

Les lignées maternelles des Juifs du Maroc sont très diverses^{29,58}. M. G. Thomas montre un [effet de fondateur](#) mais ceci a été contesté.

Ainsi, les études génétiques montrent des origines « maternelles » diverses chez les Juifs du Maroc, de Tunisie et de Libye (les Juifs d'Algérie n'ayant quant à eux pas fait l'objet d'étude spécifique) mais tendent à réfuter la thèse d'une origine majoritairement berbère.

ADN-mt des Juifs de la péninsule ibérique [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Les données (ADN-mt) récupérée par D. Behar et ses collègues sont localisées dans le village de [Belmonte](#) au [Portugal](#) dans une communauté descendant de [crypto-juifs](#). Il n'est pas possible de généraliser à l'ensemble de la péninsule ibérique.

ADN-mt des Juifs d'Éthiopie [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Les résultats sont similaires à ceux de la population masculine, à savoir des caractéristiques génétiques identiques à celles des populations environnantes⁴³.

ADN-mt des Juifs de Turquie [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

L'ADN-mt des Juifs de [Turquie](#) est extrêmement divergeant⁵⁸, ce qui signifie que le patrimoine génétique maternel provient d'origines très diverses. L'on retrouve une lignée de type ibérique, ce qui est cohérent avec les données historiques.

ADN-mt des Juifs de Géorgie [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Selon l'étude de M. G. Thomas et ses collègues⁴³, 51 % des juifs de [Géorgie](#) descendraient d'une seule femme (58 % selon Behar⁵⁸). Malheureusement, une fois de plus, il n'est pas possible de déterminer la provenance de cette lignée.

ADN-mt des juifs du Yémen [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Dans une étude de M. Richards et ses collègues⁶¹, les auteurs indiquent qu'une faible proportion d'haplogroupes L1 et L3A provenant de lignées sub-sahariennes est présente chez les [Juifs du Yémen](#). Cependant, ces lignées sont 4 fois moins importantes en proportion que chez les Yéménites non juifs. Ces haplogroupes sub-sahariens sont quasiment absents chez les [Juifs d'Irak](#), [d'Iran](#) et de Géorgie et sont totalement absents chez les Juifs ashkénazes.

La population juive yéménite présente aussi un effet de fondateur : 42 % des lignées maternelles proviendraient de cinq femmes⁵⁸ originaires de l'ouest de l'Asie pour 4 d'entre elles et d'Afrique sub-saharienne pour la dernière.

ADN-mt des Juifs de Cochin et des Bnei Israel du sous-continent indien [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Toujours selon l'étude⁵⁸ de 2008 de D. Behar et ses collègues, il est clair que la lignée maternelle des [Juifs de l'Inde](#) a une origine locale pour la très grande majorité de la communauté. Cependant, il semblerait que le patrimoine génétique maternel comprenne toujours une lignée maternelle d'origine irakienne/iranienne, voire italienne.

Chromosomes homologues ou autosomes [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Les études dites [autosomales](#) portent sur les 22 [chromosomes homologues](#) ou autosomes (chromosomes non sexuels) plutôt que sur les lignées maternelles ou paternelles.

Une première étude⁶², réalisée en 2001 par N. Rosenberg et ses collègues, portait sur 6 populations juives ([Pologne](#), [Libye](#), [Éthiopie](#), [Irak](#), [Maroc](#), [Yémen](#)) et deux populations non juives ([Palestiniens](#) et [Druzes](#)). Elle montrait que bien que les 8 populations soient proches, les Juifs de Libye ont une [signature génétique](#) distincte, due à leur isolation génétique et à un mélange possible avec les populations [berbères](#)^{Note 11}. Cette même étude suggère une proximité entre les Juifs du Yémen et ceux d'Éthiopie.

Selon une récente étude autosomale de Kopelman et ses collègues (décembre 2009), les Juifs ashkénazes, turcs, marocains et tunisiens partageraient une origine commune proche-orientale et seraient assez proches des [Palestiniens](#). Toutefois, dans cette étude, les Juifs tunisiens sont distincts des trois autres populations juives. Cela pourrait suggérer, selon les auteurs, une isolation génétique plus importante et/ou une contribution significative des populations locales berbères comme dans le cas des Juifs libyens⁶³. Les auteurs précisent également, concernant l'hypothèse de l'origine [Khazar](#) des Juifs ashkénazes, que s'ils n'ont pas détecté de différences entre les Juifs ashkénazes et les autres populations juives pouvant confirmer cette hypothèse, ils ont néanmoins détecté une similarité entre les [Adyguéens](#) (un groupe du [Caucase](#) dont le territoire a été autrefois occupé par les Khazars) et les populations juives étudiées, comme cela avait été observé par Need *et al.* dans une autre étude⁶.

Une autre étude autosomale de L. Hao et ses collègues (oct. 2009)⁶⁴ porte sur sept groupes de populations juives d'origines géographiques différentes (Ashkenazes, Italiens, Grecs, Turcs, Iraniens, Irakiens et Syriens). Elle montre que ces populations partagent toutes une origine proche-orientale commune, bien qu'elles soient génétiquement distinctes. Cette différenciation reflète des mélanges avec les différentes populations locales. Ainsi, parmi les populations juives étudiées, les auteurs ont détecté une contribution européenne, variant de 30 % à 60 % chez les Juifs syriens, séfarades et ashkénazes et pratiquement absente chez les juifs iraniens et irakiens. En juin 2010, les mêmes auteurs (G. Atzmon⁶⁵ et ses collègues) « démontrent que les juifs européens/syriens et les Juifs du Moyen-Orient représentent une série d'isolats géographiques liés ensemble par des [IBD](#) (identity by descent) partagés. En outre, la proximité génétique des populations juives européennes et syrienne, y compris les Juifs ashkénazes, les unes aux autres, et d'autre part leur proximité avec les populations françaises, italiennes du Nord et [Sardes](#), favorisent l'idée d'une ascendance méditerranéenne non sémitique

dans la formation des populations juives d'Europe et est incompatible avec les théories disant que les Juifs ashkénazes sont, pour la plupart, les descendants directs des Khazars ou des [Slaves](#) convertis. » D'autres auteurs avaient déjà montré la proximité génétique entre les juifs ashkénazes et les populations du sud de l'Europe (cf. tableau ci-dessous).

Distances génétiques autosomales (<i>Fst</i>) calculées à partir de SNP ^{66, 67}								
	Italiens	Grecs	Espagnols	Allemands	Druzes	Palestiniens	Irlandais	Russes
Ashkénazes	0.0040	0.0042	0.0056	0.0072	0.0088	0.0108	0.0109	0.0137

Les [Juifs iraniens](#) et [irakiens](#) sont les plus différenciés, ils ont par ailleurs la plus grande distance génétique avec les autres populations juives. Ils ont un fort coefficient de [consanguinité](#), bien qu'un certain degré de mélange ait pu se produire avec les populations locales.

En juin 2010, Behar et ses collègues⁶⁸ ont étudié 14 populations juives. Ils montrent que « la plupart des Juifs (échantillonnés pour son étude) forment un sous-groupe remarquablement étroit, qui recouvre les [Druzes](#) et les [Chypristes](#), mais pas les échantillons provenant d'autres populations du [Levant](#) ni les populations d'accueil de la [diaspora](#). En revanche, les Juifs éthiopiens ([Falashas](#)) et les Juifs d'Inde ([Bene Israël](#) et [Cochini](#)) sont regroupés avec les populations autochtones éthiopiennes et d'Inde occidentale, respectivement, malgré un lien clair entre le patrimoine génétique paternel des [Bene Israël](#) et le Levant. [...] L'explication la plus prudente de ces observations est celle d'une origine génétique commune, ce qui est cohérent avec une formation historique du peuple juif en tant que descendant des anciens [Hébreux](#) et des résidents d'[Israël](#) du Levant. » Contrairement à G. Atzmon, D. Behar ne montre pas de lien entre les populations juives et les populations non sémitiques du [bassin méditerranéen](#).

En juillet 2010, Bray et ses collègues⁶⁹ « confirment l'existence d'une relation plus étroite entre les Ashkénazes et plusieurs populations européennes ([Toscans](#), les Italiens et Français) qu'entre les Ashkénazes et les populations du Moyen-Orient. » Et ils ajoutent que « dans l'ensemble, nos résultats, avec ceux d'études précédentes, supporte le modèle d'origine moyen-orientale de la population Ashkénazes suivie par un mélange ultérieur avec des Européens ou des populations proches des Européens. Nos données impliquent en outre que les Juifs ashkénazes modernes sont peut-être même plus proches des Européens que les populations du Moyen-Orient. » Le niveau de mélange avec la population européenne est estimé entre 35 et 55 % confirmant les études de Hao et de Atzmon.

En octobre 2010, Zoosmann-Diskin⁷⁰ est encore plus catégorique. Il soutient que les populations juives ne partagent pas une origine commune et que les juifs d'Europe de l'Est sont plus proche des [Italiens](#) en particulier et des autres populations européennes en général que des autres populations juives. Il estime que des erreurs de biais expliquent les résultats opposés obtenus par les auteurs précédents. Selon lui, les Ashkénazes sont des Européens, probablement descendants de [Romains](#) qui se sont [convertis au judaïsme](#), alors que le judaïsme était la première [religion monothéiste](#) du [monde antique](#)⁷¹.

En avril 2011, Moorjani et ses collègues⁷², utilisant une nouvelle méthode d'estimation des origines ancestrales, ont montré que les sept populations juives étudiées dans leur étude présentaient entre 3 et 5 % de gènes d'[Afrique sub-saharienne](#) (Italiens 4,9 %, Grecs 4,8 %, Turcs 4,5 %, Syriens 3,9 %, Iraquiens 3,8 %, Ashkenazes 3,2 %, Iraniens 2,6 %). Ce [flux de gènes](#) africains, non détecté jusqu'alors par les analyses classiques fondées sur le chromosome Y et l'ADN mitochondrial, a pu se produire il y a environ 2 000 ans.

En 2012, Campbell et ses collègues montrèrent que les juifs d'Afrique du Nord ([Maroc](#), [Algérie](#), [Tunisie](#), [Djerba](#) et [Libye](#)) formaient un groupe proche des autres populations juives dont l'origine se trouve au Moyen-Orient, avec des apports variables d'Europe (35-40 %) et d'Afrique du Nord (20 %)⁷³. Deux sous-groupes principaux ont été identifiés, marocain/algérien d'une part et djerbien/libyen d'autre part (les juifs de Tunisie étant partagés entre les deux sous-groupes)⁷⁴. Les auteurs ajoutent que cette étude est compatible avec l'[histoire des juifs d'Afrique du Nord](#), à savoir une

fondation durant l'Antiquité avec un [prosélytisme](#) des populations locales, suivi d'une isolation génétique durant la période chrétienne et islamique, et enfin un mélange avec les populations juives séfarades émigrées durant et après l'inquisition.

Toujours en 2012, Elhaik analysa l'ensemble des données génétiques collectées par les précédents auteurs. Il conclua que l'hypothèse d'une origine [khazare](#) des juifs ashkénazes était plus vraisemblable que l'hypothèse « [rhénane](#) ». Il décrit le génome juif comme une mosaïque d'ancêtres [caucasiens](#), européens et [sémites](#)⁷⁵. Pour cette étude, des [Palestiniens](#) ont été utilisés en tant que substitut génétique aux Juifs antiques, tandis que des [Druzes](#) ont été dépeints en tant qu'immigrants non sémites. Les [Arméniens](#) et les [Géorgiens](#) ont aussi été utilisés comme substituts génétiques pour les [Khazars](#), qui parlaient une [langue turcique](#). À partir de ces éléments, une forte affinité avec le [Caucase](#) a été proposée, en raison de la plus forte similarité génétique de ces groupes juifs vis-à-vis des Arméniens, Géorgiens, Juifs [azéris](#), Druzes et [Chypriotes](#), en contraste avec une similarité génétique beaucoup plus faible avec les Palestiniens. Cette composante caucasienne est donc interprétée comme une consolidation de l'hypothèse Khazare pour expliquer une partie de l'ascendance des Juifs ashkénazes.

Une étude réalisée en 2013 par Doron M. Behar, Mait Metspalu, Yael Baran, Naama M. Kopelman et Bayazit Yunusbayev *et al.* utilise l'intégration des génotypes sur le plus grand ensemble de données nouvellement collecté disponible à ce jour (1 774 échantillons provenant de 106 populations juives et non juives) pour évaluer les origines génétiques juives ashkénazes des régions d'ascendance ashkénaze potentielles : (Europe, Moyen-Orient et région historiquement associée au Khazar Khaganate). Elle conclut que "cette étude la plus complète ... ne change pas, et renforce en fait, les conclusions de multiples études antérieures, y compris la nôtre et celles d'autres groupes (Atzmon et autres, 2010; Bauchet et autres, 2007 ; Behar et al., 2010; Campbell *et al.*, 2012; Guha *et al.*, 2012; Haber *et al.*, 2013; Henn *et al.*, 2012, Kopelman *et al.*, 2009; Seldin *et al.*, 2006; Tian *et al.*, 2008). Nous confirmons l'idée que les Juifs ashkénazes, nord-africains et séfarades partagent une ascendance génétique substantielle et qu'ils la dérivent des populations du Moyen-Orient et d'Europe, sans aucune indication d'une contribution Khazar détectable à leurs origines génétiques. "

Les auteurs ont également réanalysé l'étude de 2012 sur Eran Elhaik et ont constaté que «L'hypothèse provocatrice selon laquelle les Arméniens et les Géorgiens pourraient servir de substituts appropriés aux descendants khazars pose problème pour plusieurs raisons, car les preuves de l'ascendance parmi les populations du Caucase ne reflètent pas l'ascendance khazar ". En outre, les auteurs ont constaté que "même s'il était permis que les affinités du Caucase puissent représenter l'ascendance khazar, l'utilisation des Arméniens et des Géorgiens comme mandataires khazars est particulièrement pauvre, car ils représentent la partie sud de la région du Caucase, alors que le Khazar Khaganate était centré dans le Caucase du Nord et plus au nord. De plus, parmi les populations du Caucase, les Arméniens et les Géorgiens sont géographiquement les plus proches du Moyen-Orient et devraient donc *a priori* présenter la plus grande similitude génétique avec les populations du Moyen-Orient. " Concernant la similitude des populations du Caucase du Sud avec les groupes du Moyen-Orient, qui a été observée au niveau du génome entier dans une étude récente (Yunusbayev et al., 2012). Les auteurs ont constaté que «toute similitude génétique entre les Juifs ashkénazes et les Arméniens et les Géorgiens pourrait simplement refléter une composante d'ascendance commune du Moyen-Orient, apportant en fait un soutien supplémentaire à une origine moyen-orientale de Juifs ashkénazes, plutôt qu'une allusion à une origine khazar». Les auteurs affirment : "Si l'on admet la prémisse que la similitude avec les Arméniens et les Géorgiens représente l'ascendance khazar pour les Juifs ashkénazes, alors, par extension, il faut également affirmer que les Juifs du Moyen-Orient et de nombreuses populations méditerranéennes d'Europe et du Moyen-Orient sont également des descendants khazars. Cette affirmation est clairement non valide, car les différences entre les diverses populations juives et non juives de l'Europe méditerranéenne et du Moyen-Orient sont antérieures à la période des Khazars de plusieurs milliers d'années ". Les auteurs constatent que la plus grande affinité et l'ascendance commune des Juifs ashkénazes étaient d'une part avec d'autres groupes juifs d'Europe du Sud, de Syrie et d'Afrique du Nord, et d'autre part avec les Européens du Sud (comme les Italiens) et les Levantins modernes (comme les Druzes, les Chypriotes, Libanais et Samaritains). En plus de ne trouver aucune affinité chez les Ashkénazes avec les populations du nord du Caucase, les auteurs n'ont trouvé aucune affinité plus grande chez les juifs ashkénazes avec le sud du Caucase et les populations modernes (comme les arméniens, les azéris et les géorgiens) que

chez les juifs non ashkénazes ou le milieu non juif du milieu oriental (tels que les Kurdes, les Iraniens, les Druzes et les Libanais)^{76,77}.

Une étude plus récente de Haber *et al.*, faite en 2013⁷⁸, dit que malgré la plupart des études sur le Levant, concentrées sur les populations de la [diaspora juive](#) en particulier, qui démontrent que les « Juifs forment un groupement génétique distinct au sein du Moyen-Orient », ces mêmes études ne précisent pas « si les facteurs formant cette structure concernent d'autres groupes au sein du Levant ». Les auteurs mettent en évidence le fait que les populations du Levant actuel descendent de deux populations ancestrales majeures. Un ensemble de caractéristiques génétiques sont partagées avec les Européens actuels et les peuples d'[Asie Centrale](#), et constituent l'élément le plus proéminent au Levant parmi les « Libanais, Arméniens, Chypriotes, Druzes et Juifs, de même que chez les Turcs, Iraniens et les populations du Caucase ». Un second ensemble de caractéristiques héréditaires est partagé avec des populations venant d'autres parties du Moyen-Orient ainsi que certaines populations africaines. Les populations levantines modernes incluses au sein de cette catégorie comprennent les « Palestiniens, Jordaniens, Syriens, ainsi que les Nord-Africains, Éthiopiens, [Saoudiens](#) et [Bédouins](#) ». Au sujet de cette seconde composante génétique, les auteurs notent que tandis qu'elle corrèle avec « le modèle de l'[expansion Islamique](#) », et qu'« un Levant pré-datant l'expansion Islamique était plus génétiquement similaire aux Européens qu'aux Moyen-Orientaux », ils observent cependant que « sa présence au sein des [Libanais chrétiens](#), Juifs séfarades et ashkénazes, [Chypriotes](#) et [Arméniens](#) suggère que son expansion au Levant pourrait aussi représenter un événement plus ancien ». Les auteurs trouvent aussi une forte corrélation entre l'obédience religieuse et l'ascendance au Levant :

« Tous les Juifs (séfarades et ashkénazes) sont regroupés en une branche ; les Druzes du [Mont-Liban](#) et du [mont Carmel](#) sont représentés sur une branche privée ; et les chrétiens libanais forment une branche privée avec les populations chrétiennes d'Arménie et de Chypre, plaçant les [musulmans libanais](#) en tant que groupe externe. Les populations principalement musulmanes de Syriens, Palestiniens et Jordaniens sont regroupées sur des branches avec d'autres populations musulmanes aussi éloignées que le Maroc et le Yémen. »

Une étude autosomique de 2017 faite par Xue, Shai Carmi *et al.* trouve un mélange à peu près égal d'ascendance du Moyen-Orient et d'Europe chez les Juifs ashkénazes: la composante européenne vient largement d'Europe du Sud avec une minorité issue d'Europe de l'Est, et l'ascendance moyen-orientale montre la plus forte affinité pour les populations levantines telles que les Druzes et les Libanais⁷⁹.

Une étude génétique datée de 2020 sur le Levantin méridional de l'[âge du bronze \(période cananéenne\)](#) est la preuve d'une migration à grande échelle de populations liées à celles du Zagros ou du Caucase vers le sud du Levant à l'âge du bronze (résultant en une population cananéenne de l'âge du bronze issue de ces deux migrants et les peuples levantins néolithiques antérieurs). Elle suggère une continuité génétique substantielle à partir de l'âge du bronze au Levant, à la fois dans les populations levantines arabophones non juives modernes (telles que les Syriens, les Libanais, les Palestiniens et les Druzes) et les groupes juifs (tels que les Marocains, Ashkénazes et Juifs Mizrahi), qui se sont tous avérés porter un degré significatif d'ascendance levantine de l'âge du bronze. Les juifs ashkénazes tirent plus de la moitié de leur ascendance des levantins de l'âge du bronze et environ 41% d'un mélange européen, et l'arabe - Levantins parlant, juifs marocains et juifs Mizrahi tirent une plus grande majorité de leur ascendance de cette population. On constate que les Juifs éthiopiens tirent la majorité de leur ascendance d'une composante d'Afrique de l'Est ou de la Corne, mais portent également une ascendance mineure de type cananéen⁸⁰.

En décembre 2022, Shamam Waldman et ses collègues⁸¹ ont publié une étude avec des données génomiques obtenues du cimetière juif médiéval d'[Erfurt](#), en Allemagne. Ils ont comparé ces Juifs aux Juifs modernes. Ils montrent que les Juifs ashkénazes modernes descendent principalement de deux populations juives. L'une de ces populations était étroitement liée aux populations du Moyen-Orient et ressemblait particulièrement aux Juifs ashkénazes modernes de [France](#) et

d'[Allemande](#) et aux Juifs séfarades modernes de [Turquie](#). L'autre groupe avait une contribution substantielle des populations d'Europe de l'Est. Les Ashkénazes modernes d'Europe de l'Est descendent à environ 60 % le premier groupe et 40 % du second.

Comparaison avec le patrimoine génétique de populations non juives [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Les Samaritains [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Article détaillé : [Samaritains](#).

Les [Samaritains](#) sont une population ancienne du nord de la [Palestine historique](#), où ils sont historiquement bien identifiés depuis au moins le IV^e siècle av. J.-C. Ils se définissent comme étant les descendants des [tribus d'Ephraïm](#) et de [Manassé](#) (deux tribus issues de la [Tribu de Joseph](#)) vivant dans le [royaume de Samarie](#) avant sa destruction en -722. Pour eux, les Juifs ne sont que les descendants des [Israélites](#) de l'ancien [royaume sudiste de Juda](#) (ou de Jérusalem).

Une étude de Peidond Shen et de ses collègues parue en 2004²⁹ compare l'ADN-Y et l'ADN-mt de 12 hommes samaritains à ceux de 158 hommes non samaritains, répartis entre 6 populations juives (d'origines ashkénaze, marocaine, libyenne, éthiopienne, irakienne et yéménite) et 2 populations non juives israéliennes ([druzes](#) et [arabes](#)). L'étude conclut que des ressemblances significatives existent entre les lignées paternelles des Juifs et des Samaritains, mais que les lignées maternelles diffèrent entre les deux populations.

Les Lembas [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Les [Lembas](#) sont des clans dispersés parmi les tribus de [langue bantoue](#) au [Zimbabwe](#) et au nord de l'[Afrique du Sud](#). La tradition orale fait remonter l'origine des Lembas aux Juifs de [Sanaa](#) au Yémen. Certaines pratiques rappellent des pratiques juives ([circoncision](#), [loi alimentaire](#)...). Deux études ont tenté de déterminer l'origine paternelle de ces tribus. La première réalisée par A. B. Spurdle et T. Jenkins⁸² date de 1996 et suggère que plus de la moitié des Lembas testés sont d'origine [sémite](#)^{Note 12}. La seconde étude de Mark G. Thomas et ses collègues⁸³ date de 2000 et suggère aussi qu'une partie des Lembas ont une origine sémite qui peut provenir d'un mélange de populations arabes et juives^{Note 13}. De plus, les auteurs montrent qu'un des clans lembas (le clan Buba) possède une grande proportion de l'ancien CMH (ensemble de marqueurs particuliers appelé *Cohen Modal Haplotype*).

Habitants de la péninsule Ibérique [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

D'après une étude de Adams de 2008⁸⁴, les habitants de la [péninsule Ibérique](#) auraient en moyenne 20 % d'ancêtres Juifs séfarades avec des variations géographiques importantes allant de 0 % à [Minorque](#) à 36,3 % dans le Sud du [Portugal](#) (le terme « séfarade » est ici pris dans son sens strict à savoir les Juifs établis dans la péninsule Ibérique avant leur [expulsion en 1492](#)). Cette origine pourrait aussi, selon les auteurs, être d'origine [néolithique](#).

Maladies héréditaires génétiques [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Des [maladies héréditaires](#) très rares se retrouvent à la fois dans les populations séfarades et ashkénazes, ce qui suggère « leur présence bien avant leur l'exil du Moyen-Orient »⁸⁵. Les Juifs ashkénazes ont des prédispositions particulières à un certain nombre de maladies héréditaires, parce qu'une mutation provenant d'un seul « fondateur » s'est transmise au cours des générations. La [maladie de Gaucher](#) est la plus fréquente dans la population juive ashkénaze. Les maladies de [Tay-Sachs](#) et de [Canavan](#), le [syndrome de Bloom](#), la [dystonie idiopathique](#) et la [dysautonomie](#) familiale sont également beaucoup plus fréquentes au sein de la population juive ashkénaze que chez les populations non juives⁸⁶. Pour leur part, les Juifs séfarades sont plutôt sujets à la [maladie périodique](#) (*Familial Mediterranean Fever*)^{85,87}.

Par ailleurs, une mutation particulière (G2019S) joue aussi un rôle important dans la [maladie de Parkinson](#) chez des patients d'origine juive - ashkénaze - et aussi chez les [Arabes](#) d'Afrique du Nord, ce qui suggèrerait, selon les auteurs, une origine moyen-orientale commune^{88,89}.

Une maladie du tube digestif, liée à une mutation du gène DGAT-1, a été repérée en 2014 chez des Juifs ashkénazes des États-Unis et du Canada⁹⁰.

Notes et références

[[modifier](#) | [modifier le code](#)]

Notes

[[modifier](#) | [modifier le code](#)]

1.

↑

L'haplogroupe J est appelé [Eu9/Eu10](#), [Med](#) ou encore [HG9](#) avant 2002.
2.

↑

L'haplogroupe E1b1b était appelé E3b avant 2008 et Eu4 ou HG25 avant 2002 ; cet haplogroupe correspond aussi à l'haplotype V défini par Lucotte.
3.

↑

Ce pourcentage est obtenu par différenciation d'[haplotypes](#) avec six [marqueurs STR](#) (*Short Tandem Repeat*)..
4.

↑

Lucotte utilise une méthode différente de celle utilisée par la plupart des chercheurs en génétique depuis 2002, elle se nomme RFLP (Restriction Fragment Lenght Polymorphism) : TaqI/p49a,f. Il est difficile de faire un rapprochement avec les haplogroupes du définis par le YCC. Les deux méthodes donnent des résultats similaires.
5.

↑

Le calcul est réalisé en comparant J* et R1b1 (contribution ouest européenne), il ne prend pas en compte R1a1 (contribution est européenne).
6.

↑

Anciennement appelé Eu 19 ou Hg3.
7.

↑

L'étude est réalisée sur une population de 1575 juifs représentatifs de la diaspora. Les auteurs donnent la distribution des haplogroupes pour les Ashkénazes sans donner la proportion « Juif ashkénaze »/« Juif non Ashkénaze ».
8.

↑

La population séfarade étudiée est la suivante : 58 Juifs originaire d'[Algérie](#), 190 [du Maroc](#), 64 [de Tunisie](#), 49 de l'Ile de [Djerba](#), 9 [de Libye](#) et 11 [d'Égypte](#), soit 381 personnes.
9.

↑

Il est équivalent selon les auteurs à E1b1b.
10.

↑

The Oriental and Ashkenazi Jews are significantly different from the Lebanese and Palestinian non-Jews, and the Ashkenazi are significantly different from the Oriental and Sephardic Jewish communities, Lucotte 2003.
11.

↑

« This population has a unique history among North African Jewish communities, including an early founding, a harsh bottleneck, possible admixture with local Berbers, limited contact with other Jewish communities, and small size in the recent past ».
12.

↑

Les auteurs ont utilisé une méthode RLFP sur 49 individus Lembas.
13.

↑

Les auteurs ont testé 6 marqueurs STR sur 136 mâles Lembas.

Références

[[modifier](#) | [modifier le code](#)]

1.

abcdefgheti

(en)

Hammer, Mf; Redd, Aj; Wood, Et; Bonner, Mr; Jarjanazi, H; Karafet, T; Santachiara-Benerecetti, S; Oppenheim, A; Jobling, Ma; Jenkins, T; Ostrer, H; Bonne-Tamir, B, « Jewish and Middle Eastern non-Jewish populations share a common pool of Y-chromosome biallelic haplotypes », *PNAS*, vol. 97, n^o 12,‎ juin 2000, p. 6769–74 (ISSN 0027-8424, PMID 18733, DOI 10.1073/pnas.100115997, lire en ligne [archive]).

2.

(en)

Marta D. Costa & Joana B. Pereira et al., sous la direction de Martin B. Richards, « [A substantial prehistoric European ancestry amongst Ashkenazi maternal lineages](#) [archive] », sur *Nature Communications*, 8 octobre 2013 ; voir dernière phrase de l'introduction.

3.

Shlomo Sand

, *Comment le peuple juif fut inventé*, chap. « La distinction identitaire. Politique identitaire en Israël », [Fayard](#), p. 378-387.

4.

(en)

Alain F. Corcos, *The myth of the Jewish race : a biologist's point of view*, 2005 ([lire en ligne](#) [archive]).

5.

(en)

G Livshits, R R Sokal, and E Kobyliansky, « Genetic affinities of Jewish populations », *Am J Hum Genet.*, vol. 49, n^o 1,‎ 1991 juillet, p. 131–146 ([lire en ligne](#) [archive]).

6.

aetb

(en)

Need A.C.; Kasperavičiūtė D.; Cirulli E.T. and Goldstein D. B., « A genome-wide genetic signature of Jewish ancestry perfectly separates individuals with and without full Jewish ancestry in a large random sample of European Americans », *Genome Biology*, vol. 10,‎ janvier 2009 ([lire en ligne](#) [archive]).

7.

« There are no DNA sequences common to all Jews and absent from all non-Jews. There is nothing in the human genome that makes or diagnoses a person as a Jew », Robert Pollack, « [The Fallacy of Biological Judaism](#) » [archive], *The Jewish Daily Forward*, 7 mars 2003.

8.

Fabrice David

[archive] sur le réseau social scientifique [ResearchGate](#).

9.

(en)

Lucotte, G. and David, F., « Y-chromosome-specific haplotypes of Jews detected by probes 49f and 49a », *Hum Biol*, vol. 64, n^o 5,‎ octobre 1992 ([lire en ligne](#) [archive]).

10. † (en) Lucotte, G.; Smet, P. and Rufflé, J., « Y-chromosome-specific haplotype diversity in Ashkenazic and Sephardic Jews », *Hum Biol.*, vol. 65, n° 5, 1993, p. 835-40 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
11. † A. S. Santachiara-Beneceretti [\[archive\]](#) sur le réseau social scientifique [Research Gate](#).
12. † (en) Santachiara Benerecetti AS, Semino O, Passarino G, Torroni A, Brdicka R, Fellous M, Modiano G, « The common, Near-Eastern origin of Ashkenazi and Sephardi Jews supported by Y-chromosome similarity », *Ann Hum Genet.*, janvier 1993 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
13. † « [Michael Hammer - Citations Google Scholar](#) [\[archive\]](#) », sur *scholar.google.com* (consulté le 27 octobre 2019).
14. † Almut Nebel [\[archive\]](#) sur le réseau social scientifique [ResearchGate](#).
15. † (en) Nebel, Almut, « High-resolution Y chromosome haplotypes of Israeli and Palestinian Arabs reveal geographic substructure and substantial overlap with haplotypes of Jews », *Human Genetics*, vol. 107, 2000, p. 630 (DOI 10.1007/s004390000426, [lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
16. † ^{a et b} (en) Semino O., Magri C., Benuzzi G. *et al.*, « Origin, diffusion, and differentiation of Y-chromosome haplogroups E and J : inferences on the neolithization of Europe and later migratory events in the Mediterranean area », *Am. J. Hum. Genet.*, vol. 74, n° 5, mai 2004, p. 1023–34 (PMID 15069642, PMCID 1181965, DOI 10.1086/386295, [lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
17. † ^{a b c d e t e} (en) Nebel, A; Filon, D; Brinkmann, B; Majumder, Pp; Faerman, M; Oppenheim, A, « The Y chromosome pool of Jews as part of the genetic landscape of the Middle East », *American Journal of Human Genetics*, vol. 69, n° 5, novembre 2001, p. 1095–112 (ISSN 0002-9297, PMID 11573163, PMCID 1274378, DOI 10.1086/324070, [lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
18. † ^{a b c d e t e} (en) Behar DM, Garrigan D, Kaplan ME, Mobasher Z, Rosengarten D, Karafet TM, Quintana-Murci L, Ostrer H, Skorecki K, Hammer MF., « Contrasting patterns of Y chromosome variation in Ashkenazi Jewish and host non-Jewish European populations », *Hum Genet*, 2004, p. 354–365 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
19. † ^{a et b} (en) Lucotte, G.; David, F.; Berriche, S., « Y-chromosome DNA haplotypes in Jews : comparisons with Lebanese and Palestinians », *Genetic Testing*, vol. 7, 2003, p. 67-71 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
20. † Doron M. Behar [\[archive\]](#) sur le réseau social scientifique [ResearchGate](#).
21. † (en) Almut Nebel, Dvora Filon, Marina Faerman, Himla Soodyall and Ariella Oppenheim, « Y chromosome evidence for a founder effect in Ashkenazi Jews », *European Journal of Human Genetics*, vol. 13, 2005, p. 388–391 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
22. † (en) Goldstein, David B. (trad. de l'allemand), *Jacob's legacy : a genetic view of Jewish history*, New Haven, [Yale University Press](#), 2008 (ISBN 978-0-300-12583-2), « 3 », location 873 (Kindle for PC).
23. † Marina Faerman [\[archive\]](#) sur le réseau social scientifique [ResearchGate](#).
24. † Faerman, Marina, « Population genetics of the Ashkenazim. », *Encyclopedia of Life Sciences (ELS)* éditeur= John Wiley & Sons, Ltd: Chichester., juillet 2010 (DOI 10.1002/9780470015902.a0020818).
25. † ^{a b e t c} (en) Hammer M. F.; Behar B.; Karafet T. M.; Mendez F. L.; Hallmark B.; Erez T.; Zhivotovsky L. A.; Rosset S. and Skorecki K., « Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood », *Hum Genet*, Springer, vol. 126, n° 5, novembre 2009, p. 707-717 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
26. † (en) Sengupta, S. et al., « Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian pastoralists », *The American Journal of Human Genetics*, vol. 78, n° 2, 1^{er} février 2006, p. 202-221 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
27. † (en) Zhong et al., « Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route », *Molecular Biology and Evolution*, vol. 11, novembre 2011 28 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
28. † (en) Nadia Al-Zahery et al., « In search of the genetic footprints of Sumerians : a survey of Y-chromosome and mtDNA variation in the Marsh Arabs of Iraq », *BMC Evolutionary Biology*, vol. 11, 4 octobre 2011 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
29. † ^{a b c d e t e} (en) Shen P, Lavi T, Kivisild T, *et al.*, « Reconstruction of patrilineages and matrilineages of Samaritans and other Israeli populations from Y-chromosome and mitochondrial DNA sequence variation », *Hum. Mutat.*, vol. 24, n° 3, septembre 2004, p. 248–60 (PMID 15300852, DOI 10.1002/humu.20077, [lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
30. † (en) Lucotte, G.; David, F.; Berriche S., « Haplotype VIII of the Y chromosome is the ancestral haplotype in Jews », *Hum Biol.* 1996 Jun, vol. 68, n° 3, juin 1996, p. 467-71 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
31. † « [MANNI Franz](#) [\[archive\]](#) », sur *Éco-anthropologie (EA)*, 6 juillet 2018 (consulté le 27 octobre 2019).
32. † (en) Franz Manni et al., « A Y-chromosome portrait of the population of Jerba (Tunisia) to elucidate its complex demographic history », *Bulletins et mémoires de la Société d'anthropologie de Paris*, vol. 17, 2005 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
33. † Raquel Levy-Toledano, Wim Penninx, Michael Waas, Goran Runfeldt, Michael Sager, Paul Maier et Adam Brown, « Patrilineal Genetic Ancestry of Moroccan Jews », *Genealogy*, vol. 10, n° 2, 31 mai 2026, p. 66 (DOI 10.3390/genealogy10020066, [lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
34. † Ines Nogueiro [\[archive\]](#) sur le réseau social scientifique [ResearchGate](#).
35. † (en) Inês Nogueiro *et al.*, « Phylogeographic analysis of paternal lineages in NE Portuguese Jewish communities », *American Journal of Physical Anthropology*, 2009 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).

36. † (en) Lucotte, G.; Smets P., « Origins of the Falashas studied by haplotypes of the Y chromosome », *Human Biology*, vol. 71(6), décembre 1999, p. 989-93 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
37. † « [The Rappaport Institute Publications- Karl Skorecki, MD](#) [\[archive\]](#) », sur [www.rappaport.org.il](#) (consulté le 27 octobre 2019).
38. † (en) Skorecki, K; Selig, S; Blazer, S; Bradman, R; Bradman, N; Waburton, Pj; Ismajlowicz, M; Hammer, Mf, « Y chromosomes of Jewish priests », *Nature*, FamilytreeDNA, vol. 385, n° 6611, janvier 1997 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
39. † (en) JE Ekins et al., « An updated world-wide characterization of the Cohen modal haplotype », *ASHG meeting*, octobre 2006 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
40. † (en) Doron M. Behar, Mark G. Thomas, Karl Skorecki, Michael F. Hammer, Ekaterina Bulygina, Dror Rosengarten, Abigail L. Jones, Karen Held, Vivian Moses, David Goldstein, Neil Bradman, and Michael E. Weale, « Multiple origins of Ashkenazi Levites : Y chromosome evidence for both Near Eastern and European ancestries », *Am. J. Hum. Genet.*, vol. 73, 2003 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
41. † [Genes Suggest European Women at Root of Ashkenazi Family Tree](#) [\[archive\]](#), NyTimes, octobre 2013.
42. † ^{a et b} Costa et al 2013, [A substantial prehistoric European ancestry amongst Ashkenazi maternal lineages](#) [\[archive\]](#).
43. † ^{a b et c} (en) Thomas MG, Weale ME, Jones AL, Richards M, Smith A, et al., « Founding mothers of Jewish communities : geographically separated Jewish groups were independently founded by very few female ancestors », *Am J Hum Genet*, vol. 70, 2002, p. 1411–1420 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
44. † (en) Behar, Doron M.; Metspalu, E; Kivisild, T; Achilli, A; Hadid, Y; Tzur, S; Pereira, L; Amorim, A; Quintana-Murci, L; Majamaa, K; Herrnstadt, C; Howell, N; Balanovsky, O; Kutuev, I; Pshenichnov, A; Gurwitz, D; Bonne-Tamir, B; Torroni, A; Villems, R; Skorecki, K, « The matrilineal ancestry of Ashkenazi Jewry : portrait of a recent founder event », *Am J Hum Genet*, mars 2006 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
45. † « But one of the four mothers seems clearly to come from the Middle East because her DNA type is absent in the European population. We can't say where she was from exactly but it looks as if it's lineage that's prevalent in the Middle East. The other three are not so clear. », Carolyn Slutsky et Doron Behar, « [Father of "Mother" DNA Study: An interview with the geneticist who found that 40 percent of Ashkenazi Jews can trace their ancestry to just four women](#) » [\[archive\]](#), The Jewish Week, New York, 7 juillet 2006, p. 11.
46. † (en) Feder J.; Ovadia, O; Glaser, B.; Mishmar, Dan, « Ashkenazi Jewish mtDNA haplogroup distribution varies among distinct subpopulations : lessons of population substructure in a closed group », *European Journal of Human Genetics*, janvier 2007 ([lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).
47. † [A substantial prehistoric European ancestry amongst Ashkenazi](#) [\[archive\]](#).
48. † [L'analyse de l'ADN mitochondrial et des chromosomes Y des juifs ashkénazes indique une lignée masculine originaire du Levant et une lignée féminine originaire d'Europe](#) [\[archive\]](#).
49. † [Figure 10: Estimated contributions of European mtDNA lineages to the Ashkenazi mtDNA pool shown by major haplogroup.](#) [\[archive\]](#).
50. † Fernández E, Pérez-Pérez A, Gamba C, Prats E, Cuesta P, Anfruns J, Molist M, Arroyo-Pardo E, Turbón D, « Analyse de l'ADN antique de 8000 av. paysans du Proche-Orient soutiennent une colonisation maritime pionnière néolithique précoce de l'Europe continentale via Chypre et les îles de la mer Égée », *PLOS Genetics*, vol. 10, n° 6, juin 2014, e1004401 ([PMID 24901650](#), [PMCID 4046922](#), [DOI 10.1371 / journal.pgen.1004401](#))^[Quoi ?].
51. † (en) Kevin A. Brook, *The Maternal Genetic Lineages of Ashkenazic Jews*, Academic Studies Press, 2022 ([ISBN 978-1644699843](#), [DOI 10.2307/j.ctv33mgbcn](#)), p. 75-76.
52. † (en) Kevin A. Brook, *The Maternal Genetic Lineages of Ashkenazic Jews*, Academic Studies Press, 2022 ([ISBN 978-1644699843](#), [DOI 10.2307/j.ctv33mgbcn](#)), p. 86-88.
53. † (en) Kevin A. Brook, *The Maternal Genetic Lineages of Ashkenazic Jews*, Academic Studies Press, 2022 ([ISBN 978-1644699843](#), [DOI 10.2307/j.ctv33mgbcn](#)), p. 100-101.
54. † (en) Kevin A. Brook, *The Maternal Genetic Lineages of Ashkenazic Jews*, Academic Studies Press, 2022 ([ISBN 978-1644699843](#), [DOI 10.2307/j.ctv33mgbcn](#)), p. 118-119.
55. † (en) Kevin A. Brook, *The Maternal Genetic Lineages of Ashkenazic Jews*, Academic Studies Press, 2022 ([ISBN 978-1644699843](#), [DOI 10.2307/j.ctv33mgbcn](#)), p. 48.
56. † (en) Kevin A. Brook, *The Maternal Genetic Lineages of Ashkenazic Jews*, Academic Studies Press, 2022 ([ISBN 978-1644699843](#), [DOI 10.2307/j.ctv33mgbcn](#)), p. 140-141.
57. † (en) Kevin A. Brook, *The Maternal Genetic Lineages of Ashkenazic Jews*, Academic Studies Press, 2022 ([ISBN 978-1644699843](#), [DOI 10.2307/j.ctv33mgbcn](#)), p. 85-86.
58. † ^{a b c d e f et g} (en) Behar, Doron M.; Metspalu, E; Kivisild, T; Rosset, S; Tzur, S; Hadid, Y; Yudkovsky, G; Rosengarten, D; Pereira, L; Amorim, A; Kutuev, I; Gurwitz, D; Bonne-Tamir, B; Villems, R; Skorecki, K, « Counting the founders : the matrilineal genetic ancestry of the Jewish diaspora », *PloS one*, vol. 3, n° 4, avril 2008, e2062 ([PMID 18446216](#), [PMCID 2323359](#), [DOI 10.1371/journal.pone.0002062](#), [lire en ligne](#) [\[archive\]](#)).

59. † (en) Behar, Doron M.; Metspalu, E.; Kivisild, T.; Rosset, S.; Tzur, S.; Hadid, Y.; Yudkovsky, G.; Rosengarten, D.; Pereira, L.; Amorim, A.; Kutuev, I.; Gurwitz, D.; Bonne-Tamir, B.; Vilems, R.; Skorecki, K., « Counting the founders: the matrilineal genetic ancestry of the Jewish Diaspora - Table S1: Control-region haplotype and haplogroup labeling », *PLoS one*, vol. 3, n° 4, avril 2008, e2062 (PMID 18446216, PMCID 2323359, DOI 10.1371/journal.pone.0002062, lire en ligne [archive]).
60. † (en) Behar, Doron M.; Metspalu, E.; Kivisild, T.; Rosset, S.; Tzur, S.; Hadid, Y.; Yudkovsky, G.; Rosengarten, D.; Pereira, L.; Amorim, A.; Kutuev, I.; Gurwitz, D.; Bonne-Tamir, B.; Vilems, R.; Skorecki, K., « Counting the founders: the matrilineal genetic ancestry of the Jewish Diaspora - Table S3: Haplogroup distribution among the studied populations and communities », *PLoS one*, vol. 3, n° 4, avril 2008, e2062 (PMID 18446216, PMCID 2323359, DOI 10.1371/journal.pone.0002062, lire en ligne [archive]).
61. † (en) Richards, M.; Rengo, C.; Cruciani, F.; Gratrix, F.; Wilson, Jf.; Scozzari, R.; Macaulay, V.; Torroni, A., « Extensive female-mediated gene flow from sub-Saharan Africa into near eastern Arab populations », *American journal of human genetics*, vol. 72, n° 4, avril 2003, p. 1058–64 (ISSN 0002-9297, PMID 12629598, PMCID 1180338, DOI 10.1086/374384, lire en ligne [archive]).
62. † (en) Rosenberg N; Woolf E; Pritchard J. K.; Schaap T.; Gefel D.; Shpirer I.; Lavi U.; Bonn -Tamir B.; Hillel J. and Feldman M. W., « Distinctive genetic signatures in the Libyan Jews », *Proceedings of the National Academy of Sciences USA (PNAS)*, vol. 98:3, 30 janvier 2001 (lire en ligne [archive]).
63. † (en) Kopelman et al., « Genomic microsatellites identify shared Jewish ancestry intermediate between Middle Eastern and European populations », *BMC Genetics*, 2009 (lire en ligne [archive]).
64. † (en) L. Hao et al., « Abraham's Children in the genome era : major Jewish diaspora populations comprise distinct genetic clusters with shared Middle Eastern ancestry », *The American Society of Human Genetics*, octobre 2009 (lire en ligne [archive]).
65. † (en) Gil Atzmon, Li Hao, Itsik Pe'er, Christopher Velez, Alexander Pearlman, Pier Francesco Palamara, Bernice Morrow, Eitan Friedman, Carole Oddoux, Edward Burns and Harry Ostrer, « Abraham's Children in the genome era : major Jewish diaspora populations comprise distinct genetic clusters with shared Middle Eastern ancestry », *Am J Hum Genet*, vol. 86, n° 2, juin 2010, p. 850 - 859 (lire en ligne [archive]).
66. † C.Tian et al. 2009, [European Population Genetic Substructure: Further Definition of Ancestry Informative Markers for Distinguishing among Diverse European Ethnic Groups](#) [archive].
67. † Chao Tian et al. 2009, [Paired Fst values for European populations](#) [archive].
68. † (en) Doron M. Behar, Bayazit Yunusbayev, Mait Metspalu, Ene Metspalu, Saharon Rosset, J ri Parik, Siiri Rootsi, Gyaneshwer Chabey, Ildus Kutuev, Guennady Yudkovsky, Elza K. Khusnutdinova, Oleg Balanovsky, Ornella Semino, Luisa Pereira, David Comas, David Gurwitz, Batsheva Bonne-Tamir, Tudor Parfitt, Michael F. Hammer, Karl Skorecki and Richard Vilems, « The genome-wide structure of the Jewish people », *Nature*, juin 2010 (lire en ligne [archive]).
69. † (en) S M. Bray, J. G. Mulle, A. F. Dodd, A. E. Pulver, S. Wooding and S. T. Warren, « Signatures of founder effects, admixture, and selection in the Ashkenazi Jewish population », *PNAS*, 16 juillet 2010 (lire en ligne [archive]).
70. † (en) Avshalom Zoosmann-Diskin, « The origin of Eastern European Jews revealed by autosomal, sex chromosomal and mtDNA polymorphisms », *Biol Direct*, vol. 5, n° 57, 2010 (PMID 20925954, PMCID 2964539, DOI 10.1186/1745-6150-5-57, lire en ligne [archive]).
71. † "EEJ are Europeans probably of Roman descent who converted to Judaism at times, when Judaism was the first monotheistic religion that spread in the ancient world. Any other theory about their origin is not supported by the genetic data", Zoosmann-Diskin.
72. † Moorjani P, Patterson N, Hirschhorn JN, Keinan A, Hao L, et al. 2011 [The History of African Gene Flow into Southern Europeans, Levantines, and Jews](#) [archive]. PLoS Genet 7(4): e1001373. doi:10.1371/journal.pgen.1001373.
73. † Fig. 5. Fraction of genome with ancestry labeled as reference population [archive], Campbell et al. 2012.
74. † (en) Campbell C, Palamarab F, Dubrovskyc M, Botigu e L, Fellous M, Atzmong G, Oddoux C, Pearlman A, Haoi L, Hennj B, Burnsg E, Bustamantej C, Comase D, Friedman E, Pe'er E and Ostrer H, « North African Jewish and non-Jewish populations form distinctive, orthogonal clusters », *PNAS*, juillet 2012 (lire en ligne [archive]).
75. † (en) Eran Elhaik, « The Missing Link of Jewish European Ancestry: Contrasting the Rhineland and the Khazarian Hypotheses », *Quantitative Biology*, ao t 2012 (lire en ligne [archive]).
76. † Doron M. Behar, Mait Metspalu, Yael Baran, Naama M. Kopelman, Bayazit Yunusbayev, Ariella Gladstein, Shay Tzur, Havhannes Sahakyan, Ardeshir Bahmanimehr, Levon Yepiskoposyan, Kristiina Tambets, Elza K. Khusnutdinova, Aljona Kusniarevich, Oleg Balanovsky, Elena Balanovsky, Lejla Kovacevic, Damir Marjanovic, Evelin Mihailov, Anastasia Kouvatsi, Costas Taintaphyllidis, Roy J. King, Ornella Semino, Antonio Torroni, Michael F. Hammer, Ene Metspalu, Karl Skorecki, Saharon Rosset, Eran Halperin, Richard Vilems et Noah A. Rosenberg, « No Evidence from Genome-Wide Data of a Khazar Origin for the Ashkenazi Jews », *Wayne State University*, n  41, 2013 (lire en ligne [archive], consult  le 14 octobre 2014) :

77. † (en-US) Yori Yanover, « [Résultats de l'étude Aucune preuve de l'origine khazar pour les juifs ashkénazes](#) *La presse juive* | Yori Yanover | 23 Adar I 5774 - 23 février 2014 | [JewishPress.com](#) [[archive](#)] (consulté le 28 mai 2017) .
78. † (en) Marc Haber *et al.*, « Genome-Wide Diversity in the Levant Reveals Recent Structuring by Culture », *PLoS Genet*, vol. 9, n^o 2, février 2013 ([DOI 10.1371/journal.pgen.1003316](#), [lire en ligne](#) [[archive](#)]).
79. † Xue J, Lencz T, Darvasi A, Pe'er I, Carmi S, « Le temps et le lieu du mélange européen dans l'histoire juive ashkénaze », *PLOS Genetics*, vol. 13, n^o 4, avril 2017, e1006644 ([PMID 28376121](#), [PMCID 5380316](#), [DOI 10.1371 / journal.pgen.1006644](#)) .
80. † Agranat-Tamir L, Waldman S, Martin MS, Gokhman D, Mishol N, Eshel T, Cheronet O, Rohland N, Mallick S, Adamski N, Lawson AM, Mah M, Michel MM, Oppenheimer J, Stewardson K, Candilio F, Keating D, Gamarra B, Tzur S, Novak M, Kalisher R, Bechar S, Eshed V, Kennett DJ, Faerman M, Yahalom-Mack N, Monge JM, Govrin Y, Erel Y, Yakir B, Pinhasi R, Carmi S, Finkelstein I, Reich D, « L'histoire génomique du Levant sud de l'âge du bronze », *Cell*, vol. 181, n^o 5, mai 2020, p. 1146–1157.e11 ([DOI 10.1016 / j.cell.2020.04.024](#)) .
81. † (en) Shamam Waldman *et al.*, « Genome-wide data from medieval German Jews show that the Ashkenazi founder event pre-dated the 14th century », *Cell*, vol. 185, n^o 25, 8 décembre 2022, p. 4703–4716.e16 ([PMID 36455558](#), [PMCID 9793425](#), [DOI 10.1016/j.cell.2022.11.002](#)).
82. † (en) A. B. Spurdle and T. Jenkins, « The origins of the Lemba "Black Jews" of southern Africa : evidence from p12F2 and other Y-chromosome markers », *Am J Hum Genet*, vol. 59, n^o 5, novembre 1996, p. 1126–1133 ([lire en ligne](#) [[archive](#)]).
83. † (en) Mark G. Thomas, Tudor Parfitt, Deborah A. Weiss, Karl Skorecki, James F. Wilson, Magdel Le Roux, Neil Bradman, and David B. Goldstein, « Y Chromosomes traveling South : the Cohen modal haplotype and the origins of the Lemba—the “Black Jews of southern Africa” », *The American Society of Human Genetics*, [National Center for Biotechnology Information](#) [[archive](#)], 11 février 2000 ([lire en ligne](#) [[archive](#)]).
84. † (en) Adams *et al.*, « The genetic legacy of religious diversity and intolerance : paternal lineages of Christians, Jews, and Muslims in the Iberian Peninsula », *The American Journal of Human Genetics*, vol. 83, 2008, p. 725 ([DOI 10.1016/j.ajhg.2008.11.007](#), [lire en ligne](#) [[archive](#)]).
85. † ^{a et b} M. Fellous , J. Feingold , L. Quintana-Murci, J.S. Beckmann, H. Ostrer, D. Behar, « [La Génétique des Populations et le Peuple Juif](#) [[archive](#)] », sur *dafina.net*, 20 octobre 2017 (consulté le 28 octobre 2019).
86. † Andrew Read, Dian Donnai, [Génétique médicale : de la biologie à la pratique clinique](#) [[archive](#)], De Boeck Université, 2008, p. 275.
87. † Raoul Ghoslan, « Maladie périodique », *Tempo médical*, n^o 467, 18 juin 1992, p. 29.
88. † [LRRK2 is a common cause of PD in Ashkenazi Jews, North African Arabs](#) [[archive](#)].
89. † Bar-Shira *et al.* 2009, [Ashkenazi Parkinson's disease patients with the LRRK2 G2019S mutation share a common founder dating from the second to fifth centuries](#) [[archive](#)].
90. † [Une sœur et un frère sont les deux seuls au Canada avec leur rare maladie](#) [[archive](#)] sur *le journal de montréal*, 29 décembre 2023.

Voir aussi [[modifier](#) | [modifier le code](#)]

La génétique des populations est une discipline en pleine croissance dont les résultats suscitent de nombreux articles et sites de [vulgarisation](#). Les conclusions de ces articles allant parfois au-delà de ce que cette discipline permet de déterminer actuellement, le lecteur est invité à garder un certain recul.

Sur les autres projets Wikimedia : [Études génétiques sur les Juifs](#), sur Wikiquote

- Collectif, Edith Bruder, Julien Darmon (dir.), *Juifs d'ailleurs, diasporas oubliées, identités singulières*, Albin Michel, Paris 2020, ([ISBN 9782226456304](#)).
- Article Wikipédia en anglais « [Medical genetics of Jewish people](#) ».
- (en) « [Khazaria Info Center](#) [[archive](#)] ».
- (en) Paul S. Appelbaum, « Genetics and the Jewish identity », *Jerusalem Post*, 12 février 2008 ([lire en ligne](#) [[archive](#)], consulté le 25 septembre 2009).
- (en) Nicholas Wade, « New light on origins of Ashkenazi in Europe », *The New York Times*, 14 janvier 2006 ([lire en ligne](#) [[archive](#)], consulté le 24 mai 2006).
- (en) Steve Olson, « Who's your daddy? », *The Atlantic*, juillet-août 2007 ([lire en ligne](#) [[archive](#)], consulté le 19 février 2009).
- (en) « Priestly gene shared by widely dispersed Jews », *American Society for Technion, Israel Institute of Technology*, 14 juillet 1998 ([lire en ligne](#) [[archive](#)]).

- | | |
|---|---|
| <div></div> <div>Portail du judaïsme</div> | <div></div> <div>Portail de l'origine et de l'évolution du vivant</div> |
| <div> <div>Catégories :</div> <div> <div>Diaspora juive</div> <div>Génétique</div> <div>Génétique des populations</div> <div>[+]</div> </div> </div> | |

Droit d'auteur : les textes sont disponibles sous [licence Creative Commons attribution, partage dans les mêmes conditions](#) ; d'autres conditions peuvent s'appliquer. Voyez les [conditions d'utilisation](#) pour plus de détails, ainsi que les [crédits graphiques](#). En cas de réutilisation des textes de cette page, voyez [comment citer les auteurs et mentionner la licence](#).

Wikipedia® est une marque déposée de la [Wikimedia Foundation, Inc.](#), organisation de bienfaisance régie par le paragraphe [501\(c\)\(3\)](#) du code fiscal des États-Unis.

[Politique de confidentialité](#)
[À propos de Wikipédia](#)
[Avertissements](#)
[Contact](#)
[Contacts juridiques & sécurité](#)
[Code de conduite](#)
[Développeurs](#)
[Statistiques](#)

[Déclaration sur les témoins \(cookies\)](#)
[Version mobile](#)