



CERCLE D'ÉTUDES HISTORIQUES SUR

## LA QUESTION LOUIS XVII

Association régie par la loi du 1<sup>er</sup> juillet 1901

Adresse Postale : Édouard Desjeux 35, rue Jouffroy d'Abbans, 75017 Paris

Site internet : <http://louisxvii.chez.com>

### Compte-rendu de la Réunion tenue le samedi 29 mars 2014 au Restaurant "La Pépinière" 6, place Saint Augustin, à Paris 8<sup>ème</sup>

Étaient présents :

M <sup>me</sup> de La Chapelle	Présidente
M. Gautier	Vice-président
M <sup>me</sup> Pierrard	Trésorière
M. Desjeux	Secrétaire Général
M. Mésognon	Secrétaire Général adjoint

et

M<sup>mes</sup> de Confevron, Hamann, Huignard, Lescaroux,  
MM. Feuillet, Huwaert M., Huwaert D., de Jenlis, de Raismes, Troussel.

Après le déjeuner habituel, la Présidente ouvre la séance :

#### 1. PRÉSENTATION DU PROFESSEUR LUCOTTE

*par Laure de La Chapelle*

Monsieur le professeur, chers amis,

C'est avec grand plaisir que nous recevons aujourd'hui le professeur Gérard Lucotte, directeur de l'Institut d'Anthropologie Moléculaire à Paris. Le Professeur est spécialiste des marqueurs génétiques : il est à l'origine des variantes ADN du chromosome Y et de leur utilisation en anthropologie moléculaire. Il dirige la collection « Génie Génétique » aux Éditions Lavoisier et enseigne à l'École d'Anthropologie de Paris.

Très impliqué dans la recherche historique, vous vous êtes, Professeur, adonné à l'étude de deux des plus célèbres reliques chrétiennes : le Linceul de Turin et la Tunique d'Argenteuil.

Vous ne pouviez qu'aboutir à l'énigme qui nous réunit tous aujourd'hui : celle du sort d'un enfant royal, dont la disparition depuis plus de deux cents ans reste toujours un mystère, et dont les restes officiels sont toujours controversés.

Puis-je, avant de vous donner la parole, vous rappeler la première fois où nous nous sommes rencontrés sans nous connaître : c'était en avril 2000, au Musée de l'Histoire de la Médecine, où l'on venait d'analyser un cœur d'enfant que la presse attribua sans coup férir à Louis XVII : on enterra donc le fils de Louis XVI avec faste et caméras. La démonstration scientifique fut bien un peu rapide et les projections sur le mur complètement déformées. Qu'importe, une heureuse unanimité régnait parmi l'assemblée. C'est à la fin de la séance, Professeur, que je vous vis intervenir auprès du professeur Cassiman et lui dire que vous étiez réservé sur ces résultats, dépourvus, disiez-vous d'un certain nombre de paramètres ; Cassiman lui-même reconnut que la revue National Genetics ne pouvait admettre l'expertise présentée. Je fus donc l'auditeur privilégié et inconnu de cet échange qui me resta en mémoire. C'est donc la seconde fois, Professeur, que nous faisons connaissance, et bien sûr, toujours autour de l'éternelle affaire Louis XVII.

#### 2. LECTURE DE L'ARTICLE DU FIGARO DU 28 MARS 2014 <sup>1</sup>

*L'énigme de Louis XVII relancée par l'ADN par Delphine de Mallevoüe*

<sup>1</sup> <http://www.lefigaro.fr/actualite-france/2014/03/28/01016-20140328ARTFIG00370-l-enigme-de-louis-xvii-relancee-par-l-adn.php>

Les résultats d'une nouvelle analyse accrédi­teraient l'hypothèse que le fils de Marie-Antoinette et de Louis XVI ne serait pas mort en 1795 à la prison du Temple, mais cinquante ans plus tard en Hollande.

Grâce à l'ADN, l'un des plus grands mystères de l'Histoire, l'un des plus polémiques aussi, est peut-être en train de s'éclaircir. Le mythe de Karl-Wilhelm Naundorff, mort en Hollande en 1845, qui prétendait être Louis XVII, le fils de Marie-Antoinette et de Louis XVI emprisonné à l'âge de 7 ans au Temple et décédé officiellement en 1795, est relancé par une nouvelle révélation.

Alors que des études ADN commandées par les Bourbons il y a une quinzaine d'années - pour en finir avec ce fantasme historique et cet « imposteur » - avaient « définitivement » attesté que Naundorff n'était pas Louis XVII, de nouvelles analyses démontreraient que son descendant direct est bien un Bourbon.

Cette découverte inédite revient au Pr Gérard Lucotte, généticien et anthropologue, et à l'historien Bruno Roy-Henry, à l'initiative de cette enquête dans les profondeurs moléculaires. C'est le descendant mâle de la branche aînée de Naundorff, un libraire de 40 ans vivant en France, qui a soumis ses gènes au microscope du Pr Lucotte. Il s'agit d'Hugues de Bourbon - la lignée des Naundorff porte le nom des Bourbons par « une courtoisie de la cour de Hollande », explique un historien, légalisée par plusieurs jugements de la justice française mais toujours très contestée par les Bourbons. Il est le fils de Charles Louis Edmond de Bourbon, descendant très médiatique de Naundorff, décédé en 2008, que beaucoup de gens appelaient « Monseigneur » en soulignant sa ressemblance criante avec Henri IV.

Les prélèvements sur le jeune Hugues ont eu lieu à La Rochelle, il y a deux ans. L'étude a porté sur les marqueurs du chromosome Y (spécifique de la lignée masculine). Au contraire de la précédente, il y a 15 ans, qui portait sur l'ADN mitochondrial (spécifique de la lignée féminine), prélevé sur Anne de Roumanie, descendante de Marie-Antoinette par la branche Habsbourg, et avait été comparé à l'ADN contenu dans un os de Naundorff. Ces recherches, conduites par le Pr Cassiman, avaient alors exclu toute parenté maternelle Habsbourg. Cette fois, l'analyse du chromosome Y du descendant Naundorff a été comparée avec l'haplotype des Bourbons grâce à « un profil du chromosome Y » de la maison royale établi en octobre dernier par le Pr Cassiman. Résultat : « *On retrouve chez lui l'essentiel des marqueurs du chromosome Y des Bourbons, il fait partie de la famille* », conclut le Pr Lucotte. Publiés dans la revue scientifique **International Journal of Sciences**, ces résultats seront présentés samedi par le généticien devant le Cercle d'Études Louis XVII.

Outre la vérité historique, les enjeux et passions sont de taille, compte tenu des intérêts patrimoniaux et de la prétention symbolique au trône de France. Selon son entourage, Hugues n'aurait toutefois « *pas du tout les revendications* » de son défunt père qui prétendait au trône de France en cas de retour de la monarchie.

Que le jeune Naundorff soit un Bourbon n'établit pas pour autant que « l'enfant du Temple » a survécu et qu'il est le fruit de sa descendance. Enfin pas encore. Cette découverte de Lucotte et Roy-Henry n'est que la première étape d'une série de travaux à venir. Pour savoir si Naundorff était bien Louis XVII, il faudrait établir son ADN complet. Or, il y a quatre mois, des cheveux de Naundorff ont été récupérés par des scientifiques. Qui chercheront à prouver que l'ADN mitochondrial Habsbourg - démenti il y a quinze ans - est bel et bien dans ses cheveux. Ces scientifiques remettent en cause la qualité et l'authenticité des prélèvements d'os sur Naundorff, lors de ces tests anciens, car le cercueil avait été ouvert en 1950 lors de la restauration du tombeau.

### **3. EXPOSÉ DU PROFESSEUR LUCOTTE**

Il se situe dans la lignée de Paul Broca, créateur de l'anthropologie physique, fondateur la Société d'Anthropologie de Paris, de la Revue d'anthropologie et de l'École d'anthropologie de Paris.

Il nous rappelle que l'Homme possède 46 chromosomes répartis en 23 paires : 22 paires d'autosomes et 1 paire de gonosomes ou chromosomes sexuels, appelés X et Y. Les hommes possèdent un chromosome X et un chromosome Y. Les femmes possèdent 2 chromosomes X.

La généalogie génétique est l'application de la génétique à la généalogie traditionnelle. La généalogie génétique nécessite l'usage de tests ADN qui mesurent le niveau de rapports génétiques entre des individus. La carte génétique du chromosome Y permet de tracer sa transmission de père à fils à la suite des progrès de la génomique. Le polymorphisme du chromosome Y a été étudié afin de rechercher les origines des lignées paternelles par l'analyse de 17 marqueurs microsatellites ainsi que des mutations ponctuelles de l'ADN de la partie non recombinante du chromosome Y.

Le Professeur Cassiman a fait une publication sur l'ADN des Bourbon il y a quelques mois. Une conférence de presse a eu lieu le 9 octobre 2013, au Musée d'Art et d'Histoire à Saint-Denis à l'occasion de la publication de ces résultats ; cela concernait la pseudo tête d'Henri IV.

Le Professeur Lucotte a rencontré Hugues de Bourbon chez l'historien Bruno Roy-Henry il y a deux ans. C'est ce qui a permis l'étude dont nous avons les résultats aujourd'hui.

Une analyse des cheveux de Naundorff est en cours et les résultats seront publiés dans quelques mois.

### **4. TRADUCTION DE L'ARTICLE DU PROFESSEUR LUCOTTE PUBLIÉ DANS LA REVUE *INTERNATIONAL JOURNAL OF SCIENCES***

Cf. en annexe

## 5. QUESTIONS DIVERSES

§ Viens de paraître :

### LE JEU DE QUILLES EN OR<sup>1</sup>

*Jean-Pierre Fournier La Touraille*, Éditions Plon ; 300 pages, 19,90 €

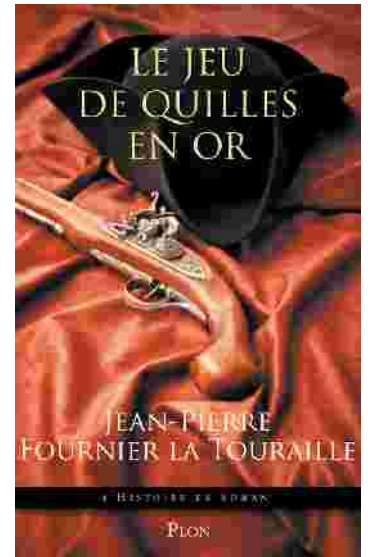
Novembre 1793 : sentant que Robespierre va l'éliminer, Hébert, l'un des révolutionnaires les plus extrêmes, décide de libérer le Dauphin du Temple avec la complicité des royalistes.

Paris, automne 1793 : au deuxième étage de la Tour du Temple est retenu le petit Louis XVII, devenu roi après l'exécution de son père. À huit ans, le malheureux orphelin est l'objet de toutes les convoitises. Otage aux mains des républicains, il reste un immense espoir pour les royalistes.

Dehors, où la lutte pour le pouvoir est un combat à mort, sévit la Terreur. Farouche opposant à Robespierre, Hébert, le rédacteur du très révolutionnaire *Père-Duchesne*, se sent menacé. Pour sauver sa tête, il rêve de faire évader le jeune roi afin de restaurer une monarchie dans laquelle il jouerait un rôle important.

Mais, en secret, s'organise une opération dirigée par un gentilhomme auvergnat libéral, Amblard de Montorgue. Par humanité, il souhaite arracher le petit roi à sa cellule. Honni des républicains, il sait que le clan royaliste ne lui fera aucune cadeau, surtout depuis qu'il a séduit l'épouse de l'un de ses chefs, le marquis d'Aigrin.

Dans cette course folle où républicains, réformateurs et ultras se disputent la vie d'un enfant et parfois le cœur d'une femme, personne n'aura de scrupule à trahir l'autre ...



La séance est levée à 17h15.

Le Secrétaire Général

Édouard Desjeux

<sup>1</sup> <http://www.youtube.com/watch?v=DIaoP4AkCPM#t=22>

## Comparaison entre le chromosome Y - STR Profils d'Hugues de Bourbon et d'autres membres de la maison de Bourbon

Gérard Lucotte <sup>1</sup>, Bruno Roy-Henry <sup>2</sup>

**Résumé :** Nous avons obtenu un profil à haute résolution du chromosome Y STR d' Hugues de Bourbon, le descendant mâle français vivant de la famille issue de Naundorff. Ce profil STR a été comparé à ceux récemment publiés de trois membres de la maison de Bourbon (*Larmuseau et al, Eur J Hum Genet ; 9 oct. 2013*). Dans notre propre système de comparaison basé sur 27 STRs, le profil d'Hughes de Bourbon est très semblable à ceux des autres Bourbon publiés, différant d'eux par six mutations seulement. Hugues de Bourbon possède aussi le même STR de différenciation sub-terminal (S21), et appartient au sub-haplogroup du chromosome Y R1b1a2a1a1. Ces données sont suffisantes pour inclure Hughes de Bourbon comme un membre de la maison de Bourbon.

**Mots-clés :** chromosome Y haplotypes, membres de la famille de Bourbon; polymorphismes bi-nucléotidiques (SNP), courtes répétitions en tandem (STR).

### INTRODUCTION

Karl Wilhelm Naundorff (initialement écrit Naundorf) est mort en 1845 à Delft (Pays-Bas), où il a été enterré sous le nom de Louis-Charles, duc de Normandie, «Louis XVII»; sur sa tombe on peut lire: «*Ici repose Louis XVII, Roi de France et de Navarre, né à Versailles le 27 mars 1785, décédé le 10 août 1845*» Louis XVII était le nom de Louis-Charles (1785-1795?), deuxième fils de la famille royale de France : Louis XVI (1754-1793) et de Marie-Antoinette (1755-1793). Selon les documents officiels, Louis-Charles est mort de la tuberculose dans la prison du Temple (à Paris) le 8 Juin 1795.

Au début du 19<sup>ème</sup> siècle, plusieurs dizaines de personnes ont prétendu être le fils de Louis XVI. Le plus célèbre d'entre eux est Naundorff, qui est venu à Paris en mai 1833. Il a vraisemblablement réussi à présenter des preuves suffisantes pour convaincre les anciens membres de la cour de Versailles de son illustre ascendance (et en particulier M<sup>me</sup> de Rambaud, berceuse du Dauphin). Naundorff a été expulsé vers l'Angleterre par les autorités françaises, après 26 jours de prison, en juillet 1836.

Il ya une quinzaine d'années, Jehaes et al <sup>3</sup> excluait Naundorff comme fils de Marie-Antoinette sur la base des séquences de l'ADN mitochondrial (ADNmt) à partir de ses restes par rapport aux séquences obtenues à partir des cheveux de deux sœurs de Marie-Antoinette, de Marie-Antoinette elle-même, et avec les séquences obtenues à partir des échantillons d'ADN de deux descendants maternels vivants. Très récemment <sup>4</sup>, le même laboratoire a produit les profils STR du chromosome Y de trois membres différents de la maison de Bourbon. L'objectif du présent article est de comparer ces profils à ceux d'Hugues de Bourbon, descendant direct français de Naundorff, afin d'élucider les relations patrilinéaires entre lui et ces membres de la famille de Bourbon.

Hugues de Bourbon (né en 1974) est le descendant vivant de la 4<sup>ème</sup> génération ([Figure 1](#)) de Karl Naundorff. La descendance de Naundorff porte aujourd'hui légalement (arrêt confirmatif du Tribunal de la Seine, le 26 Novembre 1913) en France, le nom «*de Bourbon*»; initialement avaient eu lieu les jugements de Bois-le-Duc (12 mars 1888) et de Maëstricht (20 mai 1891). Les tribunaux ont accordé l'usage de «*de Bourbon*» aux membres de la famille de la Naundorff.

Hugues de Bourbon est le fils unique de Charles-Louis-Edmond de Bourbon dernier dynaste de la branche aînée, de sorte Hughes pourrait être l'actuel roi de jure, depuis 2008.

Hugues de Bourbon lui-même, intéressé par sa propre ascendance masculine, nous a contactés en Juin 2011.

### MATÉRIEL ET MÉTHODES

Hugues de Bourbon (**H**) est le proposant pour cette étude. Des échantillons de frottis buccal de cet ADN ont été recueillis après consentement éclairé du donneur. L'extraction d'ADN a été effectuée en utilisant la méthode manuelle classique décrite précédemment <sup>5</sup>.

Le procédé de transfert sudiste a été utilisé à l'aide de la sonde p49f, TaqI<sup>6</sup> pour la détermination à faible résolution de l'haplotype du chromosome Y de H. Les SNPs M343, P25, P297, M269, L23, L51, L11 et S21 / U106 ont ensuite été successivement génotypés sur l'échantillon par PCR en temps réel, afin d'établir son haplogroupe initial et les sous-haplogroupes ultérieures ; les sous-clades successives R1b ont été caractérisés selon les règles (dernière mise à jour en 2013) de la Société internationale de Généalogie génétique (ISOGG)<sup>7</sup>. Les profils Y-STR à haute résolution ont été obtenus en utilisant le kit (FTDNA) Y-ADN 67 et le kit Genetrack-Biolabs (GB) Y-ADN 66, selon les instructions données par ces deux sociétés. L'haplotype composite obtenu a été soumis à l'haplogroupe prédicteur de Whit Athey<sup>8</sup>, pour obtenir des probabilités pour les haplogroupes présumés.

## RÉSULTATS

Par l'analyse par transfert sudiste, nous avons montré que H appartient à l'haplotype XV (A3, C1, D2, F1, I1). Selon nos publications antérieures<sup>9</sup>, L'haplotype XV est l'haplotype principal en Europe de l'Ouest, atteignant plus de 70% des hommes français Basques.

L'haplotype XV correspond<sup>10</sup> au grand-haplogroupe R1b, déterminé par le SNP M343 et décrit comme tel dans le premier arbre de l'haplogroupe publié<sup>11</sup>.

### *SNP successifs testés*

Le [tableau 1](#) montre les huit SNPs successifs (après M343) génotypés comme positifs pour H. Le SNP final de cette liste (S21/U106) correspond au clade R1b1a2a1a1. Les cartes de fréquence publiées pour l'Europe occidentale<sup>12</sup> concernant fréquences de S21 montrent des concentrations relativement élevées (environ 35%) de ces marqueurs génétiques dans les Pays-Bas, au Danemark et en Allemagne du Nord ; en France, les fréquences baissent de 5-10% dans l'Est à 1-5% dans le reste du pays, tombant à moins de 1% dans le Bassin Aquitain.

Les Bourbons étudiés par Larmuseau et al<sup>13</sup> ont été tous les trois assignés au SNP Z381 et à son sous-haplogroupe correspondant. Nous avons génotypé H pour ce SNP particulier : il est Z381; par conséquent, contrairement aux autres Bourbons testés, H appartient au sous-haplogroupe R1b1a2a1a1 (l'ISOGG clade équivalent à celui trouvé par Larmuseau et al<sup>14</sup> pour Z-281 \* est R1b1a2a1ac). La fréquence du sous-haplogroupe Z381 \* n'est pas bien connue jusqu'à présent pour la plupart des régions de l'Ouest-Europe, en Flandre<sup>15</sup>, les fréquences estimées varient entre 5,5% et 12,9% entre les différentes régions.

### *Un profil Y-STR complet*

Nous obtenons un profil complet du chromosome Y-STR de H en utilisant les kits FTDNA Y-ADN 67 et Y-ADN 66. H appartient au clade R1b1a2a1a1 (dans la nomenclature précédente d'ISOGG 2012) par calcul avec le prédicteur d'haplogroupe Whit Athey.

Nous avons comparé les profils Y-STR ([tableau 2](#)) entre H et les trois Bourbons déjà publiés<sup>16</sup> : Axel de Bourbon-Parme (A), Sixte-Henri de Bourbon-Parme (SH) et Joao Henrique d'Orléans-Bragance-(JH) Un nombre total de 27 marqueurs génétiques Y-STR ont été comparés.

Les marqueurs palindromiques STR DYS385.a et b, DYS459.a et b, DYS464.a, b, c et d, et DYS724=CDY. a et b ont été exclus pour les comparaisons, en raison de notre expérience personnelle relatives aux familles royales en France, de Napoléon 1<sup>er</sup><sup>17</sup> : ces marqueurs STR palindromiques ne sont pas si faciles à utiliser pour comparer des valeurs d'allèle pour les branches latérales. En fait, les mécanismes précis de la variation individuelle pour ces sortes de marqueurs sont mal compris (K Norwed, communication personnelle). Nous n'avons pas de données à comparer ce qui concerne DYS365.

Le [tableau 2](#) montre, dans notre propre système de comparaison pour 27 marqueurs génétiques STR, qu'il y a un allèle variable (DYS570=16) sur 27 entre A et SH (séparés par 5 méioses). Il existe deux allèles variables (DYS389. I = 14 et DYS449 = 29) entre JH et les deux autres profils A et SH respectivement séparées par, 23 et 22 méioses. Six allèles variables seulement (DYS390 = 24, DYS391 = 12, DYS447 = 24, DYS456 = 15, DYS607 = 16 et GATA-H4 = 10) distinguent H et SH, si nous prenons SH comme le Bourbon de référence : BOR (parce qu'il n'y a aucune mutation, par rapport aux autres, dans ce système de comparaison).

Parmi les allèles variables entre H et SH, deux (allèles 24 pour DYS390 et pour DYS447) correspondent à un gain ou une perte d'une unité de répétition (1 étape de mutation) pour ces STRs, trois (allèles 12 pour DYS391, allèle 15 pour DYS456 et allèle 10 de GATA-H4) correspond à un gain ou une perte de deux unités de répétition (à 2 pas de mutations) et un (allèle 16 pour DYS 607) correspond à une perte de trois unités de répétition (3 étapes de mutation). Nous ignorons le nombre de méioses entre H et le dernier ancêtre commun Louis XIII, si c'est le cas, mais si Naundorff est Louis XVII, ce nombre est de 11.

Les taux de mutation pour <sup>18</sup> loci variables sont toujours dans la gamme 10<sup>-3</sup> ([tableau 2](#)); l'allèle variable = 29 pour les JH et H (pour DYS449) correspond au taux de mutation plus élevé pour des STRs observé jusqu'à présent <sup>19</sup>. Nous ne connaissons pas les taux de mutation d'YCAII. a et b, mais, en raison de la fiabilité observée de ces marqueurs génétiques pour ce STR palindrome dans nos enquêtes précédentes <sup>20</sup>, <sup>21</sup><sup>17</sup>, nous avons inclus son dans la présente étude.

### *Caractère unique de ce profil Y-STR*

Le profil de 67 STR de H est unique, car n'a pas été trouvé dans la base de données FTDNA. Nous avons constaté par eSearch que la personne la plus proche trouvée dans cette base de données (ID: HMTT2) diffère de H pour 12 allèles, mais son haplogroupe est inconnue pour le moment. Le [tableau 3](#) donne la liste des quatre individus dans la base de données, différents de H par 14, 15, 16 et 18 allèles seulement. Les deux premiers (un individu en Écosse et l'autre d'origine inconnue) diffèrent de H par 14 et 15 allèles, respectivement, les deux sont R1b1a2a1a. Le troisième individu proche (16 allèles de différence) de l'Italie, appartient à l'haplogroupe R1b1a2a1a1b3c1 (L21) et le quatrième (différence de 18 allèles), d'Italie aussi, appartient à l'haplogroupe R1b1a2a1a1b (P312). Ainsi, une valeur de différence allélique jusqu'à 14-15 délimite les 67 profils Y-STR correspondant à l'haplogroupe R1b1a2a1a1.

## **DISCUSSION**

Karl Wilhelm Naundorff a été exclu de la Maison de Bourbon à l'occasion d'une étude génétique initiale <sup>22</sup>, sur la base principale des non-correspondances de ses séquences ADN mitochondriales hypervariables HVR1 et HVR2 détectées dans son présumé humérus droit, et les séquences obtenues d'Anne de Roumanie, liée à Marie-Antoinette par sept étapes de transmission génétique en lignée féminine. Un autre argument dans la même direction concerne la perte d'un site intermédiaire (situé dans l'ADNmt entre HVR1 et HVR2) HaeIII à partir de l'os du Naundorff, par rapport à son gain chez Anne de Roumanie et dans les cheveux de Marie-Antoinette et de ses sœurs.

Mais à présent, de nouvelles informations sur les polymorphismes de l'ADN du chromosome Y semblent bien être nous raconter une autre histoire : l'ADN du chromosome Y de Hugues de Bourbon, descendant vivant à la 4ème génération de Naundorff, montre de très fortes similitudes avec ceux des trois membres de la Maison de Bourbon (Axel de Bourbon-Parme, Sixte-Henri de Bourbon-Parme et Joao Henrique d'Orléans-Bragance) publiés récemment <sup>23</sup> : son profil STR (courtes répétitions en tandem), dans notre système de comparaison 27 STR de marqueurs génétiques, ne diffère que par six mutations de celles des trois autres Bourbons.

En outre, Hugues de Bourbon appartient au même sous-clade de SNP différenciation (clade R1b1a2a1a1) que celle des trois autres Bourbons étudiés précédemment ; le sous-haplogroupe R-Z381 est un sous-groupe de R-S21 (S21 étant l'antépénultième SNP génotypés dans la lignée), un haplogroupe trouvé à des fréquences relativement élevées aux Pays-Bas et en Allemagne du Nord.

Six mutations de différences (résultats obtenus ici) pour 27 STR comparés entre Hugues de Bourbon et les trois autres Bourbon précédemment génotypés <sup>24</sup> est un critère pertinent d'inclure (génétiquement) Hugues de Bourbon dans la famille de Bourbon : en utilisant leur propre lot de marqueurs STR testé <sup>25</sup>, Larmuseau et al <sup>26</sup>, dans leurs études pilotes en Belgique sur les familles d'origines récentes (principalement depuis la révolution industrielle au début du 19<sup>ème</sup> siècle) retenu un nombre de = 6 différences (sur 38) comme borne de référence pour exclure certains individus issus de familles identifiées par des noms de famille (ou des noms voisins). Un autre aspect apparent de certaines divergences entre le profil de STR d'Hugues de Bourbon et ceux des trois autres Bourbons étudiés est l'observation qu'il en diffère par trois mutations «2 étapes» pour DYS391, DYS456, et pour GATA-H4 et même par «3 étapes» mutation pour DYS607, alors que, - pour Hughes par rapport aux autres pour DYS90 et pour DYS447, comme pour les Bourbons comparés entre eux pour le DYS389. I, DYS449 et DYS510 - c'est le mode «1 étape» pour les mutations correspondantes. Mais le modèle (connu) à une l'étape de variation pour les marqueurs STR n'est certainement pas aussi simple que pour les SNPs. Dans notre expérience de la famille Napoléon <sup>27</sup>, par exemple, nous avons établi que DYS454 (initialement considéré comme le marqueur le plus stable à ce moment-là <sup>28</sup>) change de «4 étapes» en une seule génération, étant identifié comme un marqueur génétique caractéristique de la lignée «Jérôme (le plus jeune frère de Napoléon)».

Mais le biais le plus important dans ce genre de comparaisons entre le profil de STR d'Hugues de Bourbon et ceux des trois autres Bourbon publié récemment est due au choix (P Delorme; communication personnelle) des Bourbons utilisés pour les comparaisons, et que par conséquent du Bourbon de référence (**BOR**). Si, probablement, le dernier ancêtre commun (LCA) dans l'arbre généalogique (voir Larmuseau et al. <sup>29</sup>) est Louis XIII, Sixte-Henri de Bourbon-Parme n'est en fait certainement pas le BOR (il a été artificiellement choisi ici en tant que tel, car il n'avait pas de mutations par rapport à tous les autres) ; Sixte-Henri est séparé de Axel de Bourbon-Parme par cinq méioses seulement, et il n'est pas surprenant que les deux aient pratiquement le même profil Y-STR. Axel dérive latéralement à partir de la racine principale au niveau sous Louis le Grand Dauphin, et est séparée de l'ancêtre commun par treize méioses. Joao Henrique d'Orléans-

Bragance, le plus éloigné des trois, est un descendant de Philippe, duc d'Orléans (latéralement, le frère de Louis XIV) et est séparée de Louis XIII par douze méioses. Si Naundorff est Louis XVII, il est dans la lignée directe, séparé de Louis XIII par 11 méioses.

La conséquence pratique de ces résultats est que, dans cette hypothèse, les trois profils Bourbons déjà publiés doivent être comparés par rapport à Hughes de Bourbon, et non le contraire. Pour d'autres comparaisons, il serait nécessaire d'étudier d'autres membres de la Famille de Bourbon, situés plus près de la branche principale. Une autre nécessité pour des comparaisons efficaces est de les génotyper avec un ensemble complet de marqueurs génétiques STR, comme nous le faisons pour Hugues de Bourbon.

La découverte de nouveaux marqueurs SNP dans l'haplogroupe R1b1a2 (M269) est maintenant un domaine en pleine expansion. En conséquence du «*1000 Génomes Project*», un ensemble de nouveaux SNPs situés au-dessus et au-dessous de Z381 a été récemment décrit <sup>2130</sup>. Leur utilisation pourrait nous permettre de détecter le point de branchement précis dans l'arbre où Hugues de Bourbon se sépare des autres membres Bourbon.

Mais l'information la plus importante à vérifier est l'affirmation initiale <sup>31</sup>, sur la base de l'ADNmt, que Naundorff n'est pas Louis XVII. En fait, une telle affirmation repose sur la constatation par ces auteurs d'une non-concordance entre les variations de la séquence de l'ADN mitochondrial entre Anne de Roumanie (un échantillon de sang) et Naundorff (échantillons osseux), mais les échantillons osseux de la Naundorff proviennent du cercueil qui a été ouvert à l'occasion de la restauration de son lieu de sépulture en 1950 à Delft, et ses échantillons de cheveux - dont les auteurs n'ont jamais réussi à obtenir des séquences d'ADN mitochondrial - ont été conservés dans des enveloppes scellées prises comme échantillons à la même occasion (donnée par l'archiviste de la ville de Delft).

Si Naundorff est Louis XVII, l'haplogroupe ADNmt de ses cheveux doit être de type maternel «Habsbourg» (P Germain; communication personnelle). Nous sommes maintenant engagés dans une étude, basée sur les cheveux de Naundorff authentifiées prélevés après sa mort, afin de clarifier ce point important.

## CONCLUSION

Les résultats présentés dans la présente étude sur la comparaison des marqueurs génétiques du chromosome Y entre Hughes de Bourbon et trois descendants vivant de la maison de Bourbon récemment publiés (Larmuseau et al <sup>32</sup>) établissent que :

1. Hughes de Bourbon appartient au même sous-clade de patrilignage SNP de différenciation actuelle (clade R1b1a2a1a1, marqueur de sous-terminal SNP S21) que les autres Bourbons étudiés (ces Bourbons n'ont pas été testés pour S21 mais, étant Z381 +, sont obligatoires S21 +).
2. Le profil haute résolution (dans notre propre système de 27 STR de comparaison) de Hugues de Bourbon est grandement similaire à ceux des autres Bourbons, différents d'eux par six mutations seulement.
3. Sur la base de ce critère de six mutations Hughes de Bourbon peut être considéré comme étant un membre de la famille de Bourbon, selon les règles établies de relations généalogiques dans des familles avec les noms de famille identiques. Il faut noter que ce seuil de six mutations des différences concerne les familles d'origines relativement récentes <sup>33</sup>. Ainsi, parce que la famille de Bourbon est très ancienne (elle peut être retracée au moins depuis Henri IV, pour les dynasties royales françaises), un tel critère de six mutations des différences correspond à une valeur minimale.

### *Liste des abréviations*

SNP : simple nucleotide polymorphisme ;  
STR : répétition en tandem courts ;  
ADNmt : ADN mitochondrial ;  
ISOGG : Société Internationale de Généalogie Génétique,  
FTDNA: Family Tree DNA; GB: Genetrack-Biolabs.

### *Remerciements*

Nous remercions Hugues de Bourbon pour son don de son échantillon d'ADN.  
Merci aux laboratoires FTDNA et GB pour leurs résultats concernant les SNPs et STRs du chromosome Y; nous remercions beaucoup Peter Hrechdakian qui était notre expert dans ce domaine.  
L'historien indépendant Bruno Roy-Henry était à l'origine du projet. Cette étude fait partie des enquêtes génétiques développés à l'Institut d'anthropologie moléculaire sur les familles royales en France.

---

## Références

- <sup>1</sup> Institut d'anthropologie moléculaire, 75005 Paris, France
- <sup>2</sup> Idem
- <sup>3</sup> Jehaes E, Decorte R, Peneau et al : Mitochondrial DNA analysis on remains of a putative son of Louis XVII, King of France and Marie-Antoinette. *Eur J Human Genet* 2001 ; 9 : 185-190
- <sup>4</sup> Larmuseau MHD, Delorme P, Germain P et al : Genetic genealogy reveals true Y haplogroup of House of Bourbon contradicting recent identification of the presumed remains of two French Kings. *Eur J Human Genet* 2013 ; oct 9 doi : 10. 1038 / ejhg. 2013. 211.
- <sup>5</sup> Gautreau C, Rahuel C, Cartron JP, Lucotte G : Comparison of two methods of high-molecular-weight DNA isolation from human leucocytes. *Analyt Biochem* 1983 ; 134 : 320-324
- <sup>6</sup> Lucotte G, Ngo KY: P49, a highly polymorphic probe that detects Taq I RFLPs on the human Y chromosome. *Nucl Acids Res* 1985, 13 : 8285
- <sup>7</sup> Y-DNA haplogroup R and its subclades: [http://www.isogg.org/tree/ISOGG\\_HapgrpR.html](http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpR.html).
- <sup>8</sup> Athey WT : Haplogroup prediction from Y-STR values using a Bayesian-allele-frequency approach. *J Genet Genealogy* 2006; 2: 34-39.
- <sup>9</sup> Lucotte G, Hazout S: Y-chromosome DNA haplotypes in Basques. *J Mol Evol* 1996; **42**: 472-475.  
Lucotte G, Loirat F: Y-chromosome DNA haplotypes in Europe. *Hum Biol* 1999; 71: 431-437.  
Diéterlen F, Lucotte G: Haplotype XV of the Y-chromosome is the main haplotype in West- Europe. *Biomed Pharmacol* 2005; 59: 269-272.
- <sup>10</sup> Jobling MA. A survey of long-range DNA polymorphisms on the human Y-chromosome. *Hum Mol Genet* 1994 ; **3** : 107-114.
- <sup>11</sup> Y-chromosome Consortium. A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups. *Geome Res* 2002 ; **12** : 339-348
- <sup>12</sup> Myres NM, Rootsi S, Lin AA et al: A major Y-Chromosome haplogroup R1b holocene era founder effect in Central and Western Europe. *Eur J Hum Genet* 2011; 19: 95-101.  
Busby GBJ, Brisighelli F, Sanchez-Diz P et al: The peopling of Europe and the cautionary tale of Y chromosome lineage R-M269. *Proc Roy Soc B* 2012 ; 279 : 884-892
- <sup>13</sup> Jehaes E, Decorte R, Peneau et al: Mitochondrial DNA analysis on remains of a putative son of Louis XVII, King of France and Marie-Antoinette. *Eur J Human Genet* 2001 ; 9 : 185-190
- <sup>14</sup> Idem
- <sup>15</sup> Larmuseau MHD, Vanderheyden N, Van Geystelen A, van Oven M, Kayser M, Decorte R : Increasing phylogenetic resolution still informative for Y chromosomal studies on West-European populations. *Forensic Sci Int Genet* 2013 (<http://dx.doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.04.002>).
- <sup>16</sup> Larmuseau MHD, Delorme P, Germain P et al : Genetic genealogy reveals true Y haplogroup of House of Bourbon contradicting recent identification of the presumed remains of two French Kings. *Eur J Human Genet* 2013 ; oct 9 doi : 10. 1038 / ejhg. 2013. 211.
- <sup>17</sup> Lucotte G, Macé J, Hrechdakian P: Reconstruction of the lineage Y chromosome haplotype of Napoléon the First. *Int J Sci* 2013 ; 2 : 127-139.
- <sup>18</sup> Burgarella C, Navascues M : Mutation rate estimates for 110 Y-chromosome STRs combining population and father-son pair data. *Eur J Hum Genet* 2011 ; 19 : 70-75.
- <sup>19</sup> Idem.
- <sup>20</sup> Lucotte G, Macé J, Hrechdakian P: Reconstruction of the lineage Y chromosome haplotype of Napoléon the First. *Int J Sci* 2013 ; 2 : 127-139.
- <sup>21</sup> Lucotte G, Thomasset T, Hrechdakian P : Haplogroup of the Y chromosome of Napoléon the first. *J Mol Biol Res* 2011 ; 1 : 12-19.
- <sup>22</sup> Jehaes E, Decorte R, Peneau et al : Mitochondrial DNA analysis on remains of a putative son of Louis XVII, King of France and Marie-Antoinette. *Eur J Human Genet* 2001 ; 9 : 185-190
- <sup>23</sup> Larmuseau MHD, Delorme P, Germain P et al : Genetic genealogy reveals true Y haplogroup of House of Bourbon contradicting recent identification of the presumed remains of two French Kings. *Eur J Human Genet* 2013 ; oct 9 doi : 10. 1038 / ejhg. 2013. 211.
- <sup>24</sup> Idem.
- <sup>25</sup> Larmuseau MHD, Vanderheyden N, Jacobs M, Coomans M, Larno L, Decorte R : Micro-geographic distribution of Y-chromosomal variation in the central-western European region Brabant. *Forensic Sci Int Genet* 2011 ; 5 : 95-99.
- <sup>26</sup> Larmuseau MHD, Ottoni C, Raeymaekers JAM, Vanderheyden N, Larmuseau HFM, Decorte R : Temporal differentiation across West-European Y-chromosomal cline ; genealogy as a tool in human population genetics. *Eur J Hum Genet* 2012 ; 20 : 434-440.



- 
- <sup>27</sup> Lucotte G, Macé J, Hrechdakian P: Reconstruction of the lineage Y chromosome haplotype of Napoléon the First. *Int J Sci* 2013 ; 2 : 127-139.
- <sup>28</sup> Redd A, Agellon ALB, Kearney VA et al : Forensic value of 14 novel STRs on the human Y chromosome. *Forensic Sci Int Genet* 2002 ; 130 : 97-111.
- <sup>29</sup> Larmuseau MHD, Delorme P, Germain P et al : Genetic genealogy reveals true Y haplogroup of House of Bourbon contradicting recent identification of the presumed remains of two French Kings. *Eur J Human Genet* 2013 ; oct 9 doi : 10.1038/ejhg.2013.211.
- <sup>30</sup> Rocca RA, Magoon G, Reynolds DF et al : Discovery of Western European R1b1a2 Y chromosome variants in 1000 Genomes Project data ; an online community Approach. *PLOS ONE* 2012 ; 7 : e41634.
- <sup>31</sup> Jehaes E, Decorte R, Peneau et al : Mitochondrial DNA analysis on remains of a putative son of Louis XVII, King of France and Marie-Antoinette. *Eur J Human Genet* 2001 ; 9 : 185-190
- <sup>32</sup> Larmuseau MHD, Delorme P, Germain P et al : Genetic genealogy reveals true Y haplogroup of House of Bourbon contradicting recent identification of the presumed remains of two French Kings. *Eur J Human Genet* 2013 ; oct 9 doi : 10.1038/ejhg.2013.211.
- <sup>33</sup> Larmuseau MHD, Ottoni C, Raeymaekers JAM, Vanderheyden N, Larmuseau HFM, Decorte R : Temporal differentiation across West-European Y-chromosomal cline ; genealogy as a tool in human population genetics. *Eur J Hum Genet* 2012 ; 20 : 434-440.

**Table 1.** Successive SNPs markers tested in Hughes de Bourbon and (in bold) the corresponding haplogroup and sub-haplogroups.

<i>Successive SNP numbers</i>	<i>SNPs</i>	<i>Haplogroups</i>
<b>1</b>	M343	<b>R1b</b>
<b>2</b>	P25	<b>R1b1</b>
<b>3</b>	P297	<b>R1b1a</b>
<b>4</b>	M259	<b>R1b1a2</b>
<b>5</b>	L23	<b>R1b1a2a</b>
<b>6</b>	L51	<b>R1b1a2a1</b>
<b>7</b>	L11	<b>R1b1a2a1a</b>
<b>8</b>	S21/U106	<b>R1b1a2a1a1</b>

**Table 2.** Compared 27 Y-STR profiles between Hughes de Bourbon and the three previously analyzed members of the Bourbon family; variable alleles are indicated in italics and the corresponding mutation rates in bold.

<i>Nbrs STRs</i>	<i>Bourbons<sup>a</sup></i>				<i>Mutation rates<sup>b,c</sup></i>
	<i>H</i>	<i>A</i>	<i>SH</i>	<i>JH</i>	
<b>1.</b> DYS19 = 394	14	14	14	14	2.8 x 10 <sup>-3</sup>
<b>2.</b> DYS388	12	12	12	12	4.6 x 10 <sup>-4</sup>
<b>3.</b> DYS389.I	13	13	13	14	<b>2.2 x 10<sup>-3</sup></b>
<b>4.</b> DYS389.b (= DYS389.II minus DYS389.I)	16	16	16	16	2.5 x 10 <sup>-3</sup>
<b>5.</b> DYS390 = 708	<i>24</i>	<i>23</i>	<i>23</i>	<i>23</i>	<b>4.7 x 10<sup>-3</sup></b>
<b>6.</b> DYS391	<i>12</i>	10	10	10	<b>2.0 x 10<sup>-3</sup></b>
<b>7.</b> DYS392	13	13	13	13	4.8 x 10 <sup>-4</sup>
<b>8.</b> DYS393 = 395	13	13	13	13	2.6 x 10 <sup>-3</sup>
<b>9.</b> DYS426 = 483	12	12	12	12	4.6 x 10 <sup>-4</sup>
<b>10.</b> DYS437 = 457	15	15	15	15	2.3 x 10 <sup>-3</sup>
<b>11.</b> DYS438	12	12	12	12	7.5 x 10 <sup>-4</sup>
<b>12.</b> DYS439 = GATA-A4	12	12	12	12	2.9 x 10 <sup>-3</sup>
<b>13.</b> DYS442	18	18	18	18	1.9 x 10 <sup>-3</sup>
<b>14.</b> DYS447	24	25	25	25	<b>7.4 x 10<sup>-4</sup></b>
<b>15.</b> DYS448	19	19	19	19	1.7 x 10 <sup>-3</sup>
<b>16.</b> DYS449	29	28	28	29	<b>9.6 x 10<sup>-3</sup></b>
<b>17.</b> DYS454 = 639	11	11	11	11	2.2 x 10 <sup>-3</sup>
<b>18.</b> DYS455	11	11	11	11	2.2 x 10 <sup>-3</sup>
<b>19.</b> DYS456	<i>15</i>	17	17	17	<b>3.3 x 10<sup>-3</sup></b>
<b>20.</b> DYS458	18	18	18	18	4.8 x 10 <sup>-3</sup>
<b>21.</b> DYS460 = GATA-A7.1	12	12	12	12	2.5 x 10 <sup>-3</sup>
<b>22.</b> DYS570	17	<i>16</i>	17	17	<b>4.2 x 10<sup>-3</sup></b>
<b>23.</b> DYS576	16	16	16	16	4.2 x 10 <sup>-3</sup>
<b>24.</b> DYS607	16	19	19	19	<b>3.7 x 10<sup>-3</sup></b>
<b>25.</b> GATA-H4	10	12	12	12	<b>2.2 x 10<sup>-3</sup></b>
<b>26.</b> YCAII.a	19	19	19	19	
<b>27.</b> YCAII.b	23	23	23	23	

**Table 3.** The four more proximal from **H** genotyped individuals found in the FTDNA database.

<i>User ID</i>	<i>Pedigree</i>	<i>Origin</i>	<i>Haplogroup</i>	<i>Genetic distance</i>
<b>QQE37</b>	unknown	Scotland	R1b1a2a1a1a1a	14
<b>NPJPS</b>	known	unknown	R1b1a2a1a1a1a	15
<b>DG5V7</b>	unknown	Italy (Lombardy)	R1b1a2a1a1b3c1	16
<b>9UBN2</b>	partially known	Italy (Perledo)	R1b1a2a1a1b	18

**Figure 1.** Overview of the patrilineal relationships – in five successive generations – of de Bourbon males (birth and death dates) since the paternal ancestor Karl Naundorff. The living Hughes de Bourbon, studied here, is given in grey.

