



HAL
open science

Histoire biologique d'une population du sud-est malgache : les Antemoro

Mélanie Capredon

► **To cite this version:**

Mélanie Capredon. Histoire biologique d'une population du sud-est malgache : les Antemoro. Anthropologie sociale et ethnologie. Université de la Réunion, 2011. Français. NNT : 2011LARE0016 . tel-00703684

HAL Id: tel-00703684

<https://theses.hal.science/tel-00703684>

Submitted on 4 Jun 2012

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Université de La Réunion
Ecole doctorale de Lettres et Sciences humaines,
Droit, Economie, Gestion et Sciences politiques

Unité de recherche : C.R.L.H.O.I ; Centre de Recherche Littéraire et Historique de l'Océan Indien
Codirection : A.M.I.S ; Laboratoire d'Anthropologie Moléculaire et Imagerie de Synthèse, Toulouse

THÈSE de doctorat

Discipline : Anthropologie génétique

Titre : **Histoire biologique d'une population du sud-est malgache : les Antemoro**

Présentée par Mélanie CAPREDON

Soutenue le 25 novembre 2011, à l'Université de La Réunion

Directeur(s) de Thèse :

Bernard CHAMPION, Professeur d'Anthropologie, CRLHOI, Université de La Réunion
Jean-Michel DUGOUJON, Directeur de Recherche, AMIS, Université Paul Sabatier

Rapporteurs de Thèse :

Alain FROMENT, Directeur de Recherche, IRD
Narivelo RAJAONARIMANANA, Professeur, INALCO

Membres du jury

Bernard CHAMPION, Professeur des Universités, CRLHOI
Narivelo RAJAONARIMANANA, Professeur des Universités, INALCO
Louis-Paul RANDRIAMAROLAZA, Professeur, Université d'Antananarivo
Jean-Michel DUGOUJON, Directeur de Recherche, AMIS
François CARTAULT, Docteur Chef de service, Centre hospitalier Felix Guyon (La Réunion)

Sommaire

SOMMAIRE.....	2
LISTE DES FIGURES.....	4
LISTE DES TABLEAUX.....	5
REMERCIEMENTS.....	6
RESUME.....	7
ABSTRACT.....	8
MOTS CLES.....	9
I- INTRODUCTION.....	11
II- CONTEXTE HISTORIQUE ET CULTUREL A MADAGASCAR.....	14
A- HISTOIRE DU PEUPEMENT DE LA GRANDE ILE.....	14
1- <i>Origine des peuplements</i>	14
2- <i>Influences Arabo-islamique</i>	20
3- <i>Impact de ces échanges à Madagascar</i>	22
B- HISTOIRE DU SUD-EST DE MADAGASCAR – VOYAGE EN PAYS ANTEMORO.....	26
1- <i>Les groupes Islamisés et la tradition orale</i>	26
2- <i>Entre mythes et réalité</i>	29
C- LE ROYAUME ANTEMORO.....	32
1- <i>La société Antemoro : une ancienne société de castes</i>	32
2- <i>Histoire du Royaume Antemoro</i>	36
3- <i>Traces culturelles arabo-islamiques</i>	37
4- <i>Structure des villages</i>	39
III-CONTEXTE ANTHROPOBIOLOGIQUE A MADAGASCAR.....	40
A- GENETIQUE DES POPULATIONS ET MARQUEURS MOLECULAIRES.....	40
1- <i>Les immunoglobulines G</i>	41
2- <i>Le chromosome Y</i>	42
3- <i>L'ADN mitochondrial</i>	43
B- ETAT DE LA RECHERCHE ANTHROPOBIOLOGIQUE A MADAGASCAR.....	45
IV- ETUDE PRELIMINAIRE.....	46
A- ANALYSE DU SYSTEME GM DE TROIS POPULATIONS DU SUD DE MADAGASCAR.....	46
1- <i>Matériels et méthodes</i>	47
2- <i>Résultats</i>	50
3- <i>Discussion</i>	55
B- OBJECTIF DE NOTRE ETUDE.....	56
V- LES ANTEMORO : ETUDE ANTHROPOBIOLOGIQUE.....	57
A- MISSION DE TERRAIN.....	57
1- <i>Questions d'éthiques et choix du type de prélèvement</i>	57
2- <i>Sélection des villages</i>	58
3- <i>Sélection des individus et problèmes rencontrés</i>	59
B- METHODES.....	59
1- <i>Analyses en laboratoire</i>	59
2- <i>Méthodes d'analyses des données</i>	63
C- RESULTATS ET DISCUSSION.....	65
1- <i>Lignées paternelles</i>	66
2- <i>Lignée maternelles</i>	75
D- DISCUSSION GENERALE.....	84
1- <i>Confrontation des résultats sur le NRY et les données historiques et sociales</i>	84

2- Confrontation des résultats sur l'ADNmt et les données historiques et sociales	86
VI- CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES D'ETUDES	88
A- CONCLUSIONS PRINCIPALES.....	88
B- PERSPECTIVES.....	90
VII- RÉFÉRENCES.....	92
VIII- ANNEXES.....	107
ANNEXE 1. AUTORISATION DELIVREE PAR LE COMITE D'ETHIQUE MALGACHE ET LETTRE D'INTRODUCTION.....	107
ANNEXE 2. DEUX PAGES EXTRAITES DU TRAVAIL D'UN INSTITUTEUR RETRAITE ANAKARA, MR BERNARD. TRADUCTION D'UN SORABE EN MALGACHE.....	110
ANNEXE 3. LISTE DES PRIMERS POUR LE SNApSHOT Y.....	112
ANNEXE 4. NETWORKS MEDIAN-JOINING DES HAPLOGROUPES J1 ET T1 ANTEMORO.....	113
ANNEXE 5. TABLEAU DES PROFILS STR-Y DES ANTEMORO	114
ANNEXE 6. TABLEAU DES HAPLOTYPES SNP-Y YAP- DE L'ECHANTILLONNAGE DES TROIS GROUPES ANTEMORO.....	121
ANNEXE 7. TABLEAU DES HAPLOTYPES SNP-Y YAP+ DE L'ECHANTILLONNAGE ANTEMORO.....	125
ANNEXE 8. TABLEAU DES HAPLOTYPES HVI ET HVII DE NOTRE POPULATION ANTEMORO	128
ANNEXE 9. TABLEAU DES HAPLOTYPES DE LA REGION CODANTE DE L'ADNMT DANS LES TROIS GROUPES ANTEMORO	134
ANNEXE 10. TABLEAU DES F_{ST} PAR PAIRE DE POPULATIONS SUR LA BASE DES FREQUENCES DES POLYMORPHISMES GM.....	140
ANNEXE 11. TABLEAU DES F_{ST} PAR PAIRE DE POPULATIONS SUR LA BASE DES FREQUENCES DES HAPLOGROUPES Y.	145
ANNEXE 12. TABLEAU DES HAPLOTYPES PARTAGES A 17 STR-Y ENTRE LES AMPANABAKA ET LES AUTRES POPULATIONS MALGACHES ET DES COMORES.	148
ANNEXE 13. TABLEAU DES HAPLOTYPES PARTAGES A 17 STR-Y ENTRE LES ANTEONY ET LES AUTRES POPULATIONS MALGACHES ET DES COMORES.	149
ANNEXE 14. TABLEAU DES HAPLOTYPES PARTAGES A 17 STR-Y ENTRE LES ANTALALOTRA ET LES AUTRES POPULATIONS MALGACHES ET DES COMORES.	149
ANNEXE 15. TABLEAU DES HAPLOTYPES UNIQUES PARTAGES SUR 7 MARQUEURS STR-Y AVEC NOTRE ECHANTILLON AMPANABAKA.....	151
ANNEXE 16. TABLEAU DES HAPLOTYPES UNIQUES PARTAGES SUR 7 MARQUEURS STR-Y AVEC NOTRE ECHANTILLON ANTALAO TRA.....	154
ANNEXE 17. TABLEAU DES HAPLOTYPES UNIQUES PARTAGES SUR 7 MARQUEURS STR-Y AVEC NOTRE ECHANTILLON ANTEONY 157	
ANNEXE 18. TABLEAU DES F_{ST} PAS PAIRES DE POPULATIONS POUR NOS GROUPES ANTEMORO SUR LES DONNEES HVI	160
ANNEXE 19. TABLEAU DES HAPLOTYPES PARTAGES HVI ENTRE LES AMPANABAKA ET LES AUTRES POPULATIONS MALGACHES	163
ANNEXE 20. TABLEAU DES HAPLOTYPES PARTAGES HVI ENTRE LES ANTALAO TRA ET LES AUTRES POPULATIONS MALGACHES.	163
ANNEXE 21. TABLEAU DES HAPLOTYPES PARTAGES HVI ENTRE LES ANTEONY ET LES AUTRES POPULATIONS MALGACHES	164
ANNEXE 22. TABLEAU DES HAPLOTYPES UNIQUES PARTAGES SUR HVI AVEC NOTRE ECHANTILLON AMPANABAKA	165
ANNEXE 23. TABLEAU DES HAPLOTYPES UNIQUES PARTAGES SUR HVI AVEC NOTRE ECHANTILLON ANTALAO TRA	169
ANNEXE 24. TABLEAU DES HAPLOTYPES UNIQUES PARTAGES SUR HVI AVEC NOTRE ECHANTILLON ANTEONY	173
ANNEXE 25. BASE DE DONNEES POUR LES ANALYSES DES ALLOTYPES DU GM.....	179
ANNEXE 26. BASE DE DONNEES POUR LES ANALYSES EN FREQUENCE D'HAPLOGROUPES Y	184
ANNEXE 27. BASE DE DONNEES POUR LES ANALYSES A 7 MARQUEURS STR-Y	187
ANNEXE 28. BASE DE DONNEES POUR LES ANALYSES SUR HVI	189
ANNEXE 29. REFERENCES DES HAPLOTYPES J1 UTILISES POUR LE NETWORK	192
ANNEXE 30. REFERENCES DES HAPLOTYPES T UTILISES POUR LE NETWORK	193

Liste des Figures

Figure 1. Vue des territoires du pourtour de la Mer des Indes (par P. Du Val, 1676, Galicia-BNF)	11
Figure 2. Répartition des 18 groupes ethniques malgaches selon Grandidier 1908.....	13
Figure 3. La traite arabe dans l’océan Indien au XVII ^{ème} siècle (Dorigny & Gainot 2006).....	18
Figure 4. Portrait du Gouverneur Etienne de Flacourt.....	19
Figure 5. Vue du Fort Dauphin	19
Figure 6. Ruines de Kilwa Kisiwani (Site de l’UNESCO World Heritage).....	21
Figure 7. Principaux sites archéologiques anciens du XIII ^{ème} au XV ^{ème} siècle et arrivées des 3 vagues d’islamisés (carte de Beaujard 2003).....	23
Figure 8. Fleuve Matitanana dans le sud-est de Madagascar (Capredon 2009).....	24
Figure 9. Habitants du village de Ambila-Manakara (Capredon 2009)	28
Figure 10. Photographie du Roi Anteony au palais d’Ivato (Capredon 2009).....	33
Figure 11. Photographie d’un Katibo écrivant du Sorabe (Capredon 2009).....	33
Figure 12. Photographie d’une femme Ampanabaka (Capredon 2009).....	35
Figure 13. Structure hiérarchique des Antemoro (d’après Rolland 2007).....	36
Figures 14a et b. Photographies de la façade du Palais d’Ivato et tableau de l’ancien roi Antemoro Ramahasitrakarivo (Capredon 2009)	36
Figure 15. Papier malgache, Sorabe, Madagascar, XVII ^{ème} siècle. (BNF, Manuscrits orientaux, malayo-polynésien 23).....	38
Figure 16. Photographie des trois pierres et de deux poteaux de fondation au village d’Ambila – Manakara (Champion http://anthropologie.univ-reunion.fr).....	40
Figure 17. Schéma de la structure d’une immunoglobuline G.....	42
Figure 18. Schéma du chromosome Y	42
Figure 19. Répartition des haplogroupes du chromosome Y d’après Chiaroni <i>et al.</i> 2009.....	43
Figure 20. Schéma de l’ADN mitochondrial (d’après http://www.mitomap.org/MITOMAP/mitomapgenome.pdf)	44
Figure 21. Fréquences des haplogroupes mitochondriaux dans les différentes régions géographiques (Brucato non publié)	44
Figure 22. Fréquences haplotypiques Gm dans les trois populations Malgaches et leur localisation.	50
Figure 23. MDS (Multidimensional Scaling) calculée à partir des valeurs F_{ST} (stress de Kruskal = 0,178). Légende: Ant.: <i>Antemoro</i> ; N.Fih.: <i>Nord Fihereña</i> ; S.Fih.: <i>Sud Fihereña</i> ; Com.: <i>Comores</i>	54
Figure 24. Kits de prélèvements salivaires Oragene (d’après DNA genotek)	57

Figure 25. Cytobrosse	57
Figure 26. Localisation des villages enquêtés	58
Figure 27. Méduse d'ADN (Banque nationale de photos en SVT; ac.Lyon).....	60
Figure 28. Pourcentages des haplogroupes Y retrouvés dans les trois groupes Antemoro étudiés	67
Figure 29. MDS calculée à partir de la matrice des F_{ST} par paire de populations entre les populations malgaches et comoriennes sur les données sur 17 STR-Y.....	69
Figure 30. MDS calculée à partir des F_{ST} par paire de populations entre les populations malgaches et comoriennes sur les fréquences des haplogroupes du NRY (Stess de Kruskal : 0,172).....	70
Figure 31. MDS sur les valeurs de F_{ST} calculées à partir des fréquences des haplogroupes Y entre les Antemoro et les populations de diverses régions géographiques (stress de Kruskal =0,227).	72
Figure 32. Analyse en Composante Principale calculée à partir de la fréquence des haplogroupes du NRY	73
Figure 33. Network Median-Joining calculé à partir des haplotypes STR-Y minimum (DYS19, DYS389i, DYS389ii, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393) chez les Antemoro et les populations de diverses régions géographiques appartenant à l'haplogroupe J1.	75
Figure 34. Network Median-Joining calculé à partir des haplotypes STR-Y minimum (DYS19, DYS389i, DYS389ii, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393) pour les Antemoro et les populations de diverses régions géographiques appartenant à l'haplogroupe T.	75
Figure 35. Diversité génétique intrapopulationnelle HVI et II dans les trois groupes Antemoro. N : Nombre total d'individus ; k : Nombre d'haplotypes ; h : Diversité génétique ; θ_k : nombre moyen d'haplotypes; θ_S : nombre moyen de sites polymorphes.	78
Figure 36. MDS calculée à partir des F_{ST} du tableau par paire de populations au sein des groupes malgaches sur la base des données HVI.	79
Figure 37. ACP calculée à partir de la fréquence des haplogroupes sur les lignées maternelles dans les populations malgaches et des Comores.....	80
Figure 38. MDS calculées à partir des valeurs F_{ST} sur la base des haplotypes HVI des populations de diverses régions géographiques. (a) Population du continent africain, (b) Asie du Sud-Est et Océanie ; (c) Europe et Eurasie de l'Ouest.	83

Liste des Tableaux

Tableau 1. Distribution des phénotypes Gm dans les trois populations malgaches échantillonnées.....	51
Tableau 2. Fréquence des haplotypes Gm et indices de diversité génétique dans les trois populations Malgaches étudiées	52
Tableau 3. Estimation du taux de métissage dans les trois groupes Antemoro calculée à partir de huit hypothétiques populations parentales.....	74

Remerciements

Je remercie,

En premier lieu mes directeurs de thèse, le Professeur Bernard Champion et le Docteur Jean-Michel Dugoujon, pour la confiance que vous m'avez accordée, vos conseils, vos remarques, c'est vous qui m'avez permis d'entamer et de mener à terme ce travail.

Le directeur du CRLHOI, Professeur Jacques Tual et le directeur d'AMIS, Professeur Eric Crubézy, pour m'avoir accueillie dans vos laboratoires.

L'Europe et la Région Réunion, pour les soutiens financiers.

Le Docteur Alain Froment et le Professeur Narivelo Rajaonarimanana, spécialistes dans leur domaine, pour avoir accepté d'être rapporteurs de ce travail.

Tous les membres participants au comité de thèse, c'est un honneur de présenter mon travail en face de vous.

Le Professeur Louis-Paul Randriamarolaza de l'Université d'Antananarivo, pour votre patience, votre disponibilité et votre aide précieuse dans la réalisation de ce qui fut, la base de ce travail de thèse.

Laure Tonasso, Valérie Cadamuro et Lenka Tisseyre, les petites fourmis du laboratoire AMIS, pour toute votre aide, sans vous je n'y serais pas arrivée.

Professeur Georges Larrouy, Professeur Jean-François Magnaval, Docteur Morgane Gibert, Docteur Stéphane Mazières, Docteur Clotilde Coudray, André Sevin, Evelyne Guitard, Line Hillat, Carmen Iglesias et Denise Larrouy, pour votre soutien et pour avoir contribué à l'ambiance chaleureuse de ces années de thèse.

Docteur Catherine Thèves, Docteur Patricia Balaesque, pour votre bonne humeur, vos bons conseils, mais aussi Docteur François-Xavier Ricaut, Docteur Harilanto Razafindrazaka et Docteur Nicolas Brucato, pour votre aide, vos compléments de bases de données, les traductions, lectures et relectures.

Les membres de l'EDI et du BRED, pour votre disponibilité et votre patience.

Madame Bakoly Razafindandy, pour votre sourire et votre soutien lorsque j'étais dans l'embarras au départ pour mon terrain.

Haja, Adelta et Hery, pour votre gentillesse, votre aide sur le terrain. Merci de m'avoir fait découvrir cette région magnifique et ces gens. Merci à vos familles de m'avoir accueillie.

Tous les participants malgaches, directs et indirects, à ce travail. Merci pour l'intérêt que vous y avez porté et pour votre confiance.

Mes collègues doctorants de la Réunion, jeunes docteurs ou futurs, nouveaux amis, pour votre bonne humeur, les RU, les rando... dans le même bateau on se sent moins seul.

Mes amis de toujours, pour votre joie de vivre communicative, votre aide parfois même à 9000km de distance.

Ma famille, pour avoir cru en moi, c'est grâce à vos encouragements et à votre soutien que j'ai pu arriver jusque là.

Mille Mercis à tous pour votre présence indispensable au bon déroulement de ces années de thèse.

Résumé

Entre le XI^{ème} et le XVI^{ème} siècle, la Mer des Indes fut le théâtre de nombreux mouvements populationnels aux fins essentiellement commerciales ou coloniales. Madagascar se trouve à la croisée des mondes asiatiques et africains. La côte sud-est malgache a vu l'arrivée de plusieurs migrations : la dernière, probablement vers la fin du XV^{ème} siècle, serait celle des Antemoro dont une partie d'entre eux se réclame d'une origine arabe et se rattache à La Mecque. L'éthnie des Antemoro a fait l'objet de nombreuses études anthropologiques et linguistiques. Néanmoins, le débat sur l'origine des migrants fait toujours l'objet d'hypothèses contradictoires. Leurs origines génétiques pourraient ainsi être l'Arabie, l'Afrique de l'Est, l'Inde ou encore l'Asie du Sud-Est à une époque où ces régions étaient déjà islamisées.

Ce travail a consisté à étudier la diversité génétique d'une population Antemoro afin d'apporter des éléments de réponse à la question de leur origine biologique. Ce projet interdisciplinaire a pour objectif de mettre en relation l'anthropologie culturelle et sociale avec l'anthropologie biologique.

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. De même, la variabilité génétique des lignées maternelles a été analysée par séquençage des régions hypervariables I et II de l'ADN mitochondrial, et par la définition de polymorphismes bialléliques dans sa région codante.

Nous avons mis en évidence la présence de deux haplogroupes du chromosome Y chez certains groupes Antemoro, qui les différencient de la diversité habituellement rencontrée dans les populations malgaches. Bien que la majeure partie des Antemoro entre dans la diversité observée en Afrique sub-Saharienne et en Asie du Sud-Est, quelques haplotypes, des lignées paternelles, les lieraient au Moyen-Orient. Les lignées maternelles, quant à elles, ne les différencient pas de celles des autres populations malgaches. L'isolat génétique formé par certaines « pseudo-castes » Antemoro confirme bien l'isolat culturel. Ce travail apporte une nouvelle vision de la diversité génétique humaine à Madagascar.

Abstract

Title: Biological history of a population from southeastern Madagascar: the Antemoro

Between the 11th and 16th century, the Indian Ocean was the scene of many population movements notably for commercial and colonial purposes. Madagascar is located at the crossroads of the Asian and African continents. Several migrations have occurred in this region; the last one during the late 15th century involved the Antemoro population who claimed an Arabian origin in Mecca. Many anthropological and linguistic studies have been carried out on this ethnic group, but the origin of these migrants remains contentious. It is uncertain whether their origins were in Arabia, East Africa, India or Southeast Asia, when these regions were Islamized.

In this study we assessed the genetic diversity of an Antemoro population from villages between Manakara and Vohipeno, to determine their biological origin. The aim of our interdisciplinary study was to link cultural and social anthropology with biological anthropology.

Y-chromosome polymorphisms were studied by analyzing 17 microsatellites markers and some SNPs in the non-recombining region of the Y-chromosome to determine the biological origins of the paternal lineages. In addition, genetic variability of maternal lineages was analyzed by sequencing hypervariable regions I and II, and by defining bi-allelic polymorphisms in the coding region of mitochondrial DNA.

We found two Y-chromosome haplogroups in some Antemoro groups that differentiated them from the typical genetic variability found in other Malagasy populations. Although most of the Antemoro showed a genetic diversity similar to that observed in sub-Saharan Africa and Southeast Asia, few haplotypes associated to paternal lineages linked them to the Middle East. Maternal lineages did not differ from those found in other Malagasy populations. The genetic isolate formed by some Antemoro groups confirmed their cultural isolation. This study provides a new view of the human genetic diversity in Madagascar.

Mots clés

Antemoro
Madagascar
Chromosome Y
ADN mitochondrial
Polymorphisme Gm
Allotypes
Migrations arabo-islamiques

Key words

Malagasy
Y-chromosome
Mitochondrial DNA
Gm polymorphism
Arab migrations
Islamic migrations

Si c'est une histoire vraie, elle vient des gens d'autrefois.

Si c'est une menterie, ce n'est pas moi le menteur.

C'est une histoire qu'on a conservée,

Une histoire des gens d'autrefois.

Ils l'ont racontée à leurs enfants

Jusqu'à moi qui l'ai entendu racontée,

Et je vous la raconte à mon tour.

(Contes Antakarana, Foi et Justice, Schrive M, 1990, Antananarivo)

I- Introduction

Depuis le Moyen-Age, la Mer des Indes a été le théâtre de nombreux mouvements populationnels à des fins coloniales ou commerciales. La Grande Ile de Madagascar se trouve à la croisée des mondes africain et asiatique (Figure 1). Elle est séparée de la côte est africaine par le canal du Mozambique, large d'un peu plus de 400 kilomètres. Même si elle est beaucoup plus éloignée de l'Arabie et de l'Indonésie, Arabes et Indonésiens étaient de très bons navigateurs et pouvaient atteindre Madagascar. L'Ile Rouge présente ainsi une population métissée africaine et Sud-Est asiatique à la fois génétiquement et culturellement avec quelques influences arabes. De nos jours, la Grande Ile présente de nombreuses ethnies. On en distingue généralement dix-huit ; néanmoins, ce découpage peut être discuté et leur délimitation sur le territoire malgache est loin d'être aussi clair que celle proposée par Grandidier en 1908 (Figure 2). Chaque groupe ethnique possède ses propres spécificités culturelles, mais ils sont tous réunis sous une même langue, le malgache. De par sa grande diversité culturelle, Madagascar attire de plus en plus de chercheurs. Du point de vue des études génétiques, on peut citer celles de Regueiro (2007) sur l'expansion austronésienne, de Tofanelli (2009) sur 4 populations de la Grande Ile (Antanosy, Antandroy, Antaisaka et Merina) et de Razafindrazaka et Ricaut (2010) sur les ethnies Vezo, Mikea et Andriana. Précédemment, les travaux de Hurles (2005), basés sur les marqueurs du chromosome Y et de l'ADN mitochondrial avaient permis l'analyse de la composante génétique africaine et asiatique.



Figure 1. Vue des territoires du pourtour de la Mer des Indes (par P. Du Val, 1676, Galicia-BNF)

L'Histoire est basée principalement sur des documents écrits et sur les données archéologiques. Le grand problème de l'histoire de l'océan Indien occidental est celui de l'absence de documents écrits pour l'époque où les Sassanides et les Indiens étaient en mesure d'emprunter ces routes maritimes et en étaient les premiers acteurs. Le monde austronésien dont on connaît la puissance grandissante à partir du VII^{ème} siècle n'a pas non plus donné de témoignage direct de ses mouvements vers l'ouest (Allibert 1995). De ce fait, l'histoire malgache est beaucoup moins bien connue que celle d'Afrique orientale.

L'un des grands axes de l'anthropologie est l'étude des aspects sociaux-culturels d'une société. Depuis quelques années on y associe le domaine de la génétique des populations. On parle ainsi d'anthropologie génétique, domaine qui étudie la diversité génétique humaine et dont l'objectif est de répondre à diverses questions telles que sur l'origine biologique des peuplements et les taux de métissage.

La présente étude se focalise sur la région sud-est de la Grande Ile, en « pays » Antemoro (Figure 2). Cette partie de l'île aurait été, d'après les traditions orales locales, le départ d'une influence arabo-islamique qui se serait diffusée sur tout le territoire malgache. Certains groupes se réclament d'une origine Arabe et revendiquent un rattachement à La Mecque (Ferrand 1891). Nous nous intéresserons au groupe des Antemoro, ethnie du sud-est dont une partie, tout au moins, se réclame de cette origine et présente une culture aux influences islamique et arabe. Les marqueurs génétiques utilisés pour cette étude sont les marqueurs uniparentaux à savoir ceux du chromosome Y et de l'ADN mitochondrial, couramment utilisés pour les études génétiques et les approches démographiques. Le but de ce travail sera donc de confronter les données biologiques avec les données historiques, archéologiques, linguistiques et ethnologiques afin d'expliquer la diversité génétique observée et de chercher à porter un éclairage biologique aux différentes hypothèses sur l'origine du peuplement Antemoro. Dans un premier temps, une synthèse des connaissances déduites de ces différents champs d'étude sera présentée, afin de situer ce travail dans son contexte. Puis une présentation du choix de l'échantillonnage et les méthodes d'analyses sera faite. Pour finir, les résultats obtenus seront présentés et discutés et des perspectives d'études futures seront dégagées.



Figure 2. Répartition des 18 groupes ethniques malgaches selon Grandidier 1908.

II- Contexte historique et culturel à Madagascar

A-Histoire du peuplement de la Grande Ile

1- Origine des peuplements

Madagascar présente une population métissée africaine et asiatique : par sa localisation, elle a joué un rôle de carrefour. Jusqu'à aujourd'hui on fait remonter la présence humaine à Madagascar aux environs de la moitié du premier millénaire. Les connaissances que nous avons actuellement sur ces populations passent par des données en anthropologie physique. On peut citer entre autres les travaux de M.-C. Chamla (Chamla 1958 dans Verin 1962) et de Chabeauf (1969), mettant en évidence trois phénotypes à Madagascar : un asiatique indonésien, un africain et un métissé majoritaire. Sont disponibles également des données archéologiques. Celles-ci sont très peu présentes à Madagascar. Les premières traces connues d'occupation humaine continue à Madagascar remontent en général au VIII^{ème} siècle. L'étude des subfossiles par les techniques de l'archéozoologie (Battistini & Verin 1967) et de l'archéobotanique (Wetterstrom & Wright 1992), apportent de nouvelles informations. On retrouve des traces d'activité humaine sur la côte sud-ouest à travers des marques de découpes ou encore par la présence de charbon, dès le I^{er} siècle (Beaujard 2003). Récemment, des traces de découpes découvertes sur une espèce d'hippopotame dans le nord-ouest de Madagascar font remonter la présence humaine à 2000 ans av. J.-C (Gommery *et al.* 2011).

A partir du début du III^{ème} siècle après JC, la liaison de la mer Rouge et de l'océan Indien est parfaitement établie, et des comptoirs apparaissent vers l'Afrique orientale (Verin 1992). Au Moyen-Age, les principaux navigateurs sont les Arabes, les Persans, les Indiens, les Malais et les Chinois (Ottino 1976). Les navigations médiévales dans l'océan Indien semblent avoir eu un essor remarquable dès le IX^{ème} siècle dans le golfe Persique. Les courants marins du nord de l'équateur étaient connus depuis longtemps des Arabes et des anciens Grecs. Il y a 2000 ans environ, un marin grec nommé Hippalos aurait compris le mécanisme des moussons dans l'océan Indien qui permettent selon les saisons les trajets entre l'Arabie, l'Inde et la Chine. Les courants marins du sud, venant du détroit de la Sonde, de Sumatra et de Java, ont été corroborés en 1883 par des pierres ponce qui, lors de l'explosion du volcan Krakatoa, furent retrouvées, une cinquantaine de jours après sur une grande partie de la côte nord-est de Madagascar (Poirier & Rajaona 1964, Verin 1992, Liszkowski 2000). Notons que la côte orientale de Madagascar est presque inabordable pendant cinq mois de l'année, du fait des cyclones et des raz de marées rendant la navigation à la voile très dangereuse (Ferrand 1891). Il existe de nombreux courants qui permettent les déplacements dans l'océan Indien. Avec le régime des moussons, l'alizé du nord permettait d'aller de l'Arabie ou de l'Inde vers la Corne de l'Afrique lors des premiers jours de l'été austral. Le retour pouvait se faire vers avril avec la mousson du sud,

qui avec les courants de Somalie, ramenait les navires d'Afrique de l'est (Lamu, Zanzibar) vers l'Arabie et l'Inde (Aden, Mascate, Cochin) (Chittick 1967, Liszkowski 2000).

a- Arrivées austronésiennes

Le courant sud-équatorial permet de relier de juin à septembre l'Indonésie (sud de Java) au nord de Madagascar, et même de rejoindre le cap Delgado au nord du Mozambique. Il existe des dérives qui permettent aux îles telles que Sumatra de gagner ce courant. Le courant nord-équatorial semble pouvoir permettre la réalisation de ce même trajet, des îles indonésiennes à la Corne de l'Afrique pendant l'été austral. Le retour peut se faire à la même saison plus au sud en utilisant le courant équatorial ou par le nord lors de la mousson d'hiver, ce qui permet d'atteindre la péninsule indienne et l'Asie (Liszkowski 2000).

Les arrivées de migrants de langue austronésienne dans l'ouest de l'océan Indien et sur la Grande Ile ont fait l'objet de nombreuses études. Il faut citer en particulier le travail de Philippe Beaujard qui a fait une synthèse de ces arrivées austronésiennes. Ces influences seraient le résultat de contacts continus avec l'Insulinde, contacts qui auraient commencé vers la fin du I^{er} millénaire av J-C avec des migrants venant de l'Asie du Sud-Est, dans le cadre de la mise en place de réseaux d'échanges commerciaux avec l'Occident et l'Extrême Orient. Le développement de l'échelle de Vohémar, ensemble de comptoirs commerciaux, dans le nord-est de Madagascar pourrait être en partie lié à de nouvelles arrivées de l'Insulinde. Ces contacts auraient donc pu se prolonger jusqu'à l'arrivée des Portugais au XVI^{ème} siècle (Beaujard 2003).

Les influences austronésiennes sont essentiellement visibles au niveau de la linguistique. Simon (2006) a fait une synthèse des influences du malayo-javanais, mais également du bantou de la côte est africaine et de l'arabo-swahili. Dès leur premier contact avec ces populations, les Européens ont noté une ressemblance entre le malgache et des langues de l'Indonésie, des Philippines et du Pacifique (Adelaar 1995). Historiquement le malgache aurait pour origine Bornéo. Ce serait une langue appartenant à la branche du Barito oriental, le Maanyan (Dahl 1951, Simon 2006). On retrouve cette empreinte essentiellement dans les termes associés au domaine de la navigation et des parties du corps. Des termes d'origine Sanskrite sont retrouvés dans le malgache probablement transité via les malais. Ces derniers auraient été en contact avec des populations du Sud des Célèbes, ainsi que de Java, à une période où les Indiens commerçaient déjà avec la région véhiculant ainsi le Sanskrit. L'influence malaise sur la langue malgache aurait duré jusqu'à une période postérieure à l'introduction de l'Islam en Asie du Sud-Est comme en témoignerait le terme « Sombily » qui aurait une origine

malaise et est employé par les aristocrates Antemoro pour désigner l'abattage rituel des boeufs (Adelaar 1995).

b- Arrivées africaines

Les populations malgaches sont décrites comme résultant d'un métissage asiatique et africain. Il est donc admis qu'il y a eu deux flux principaux qui ont traversé l'océan Indien pour peupler Madagascar : les Indonésiens venus de l'est et les Bantous du nord-ouest à travers le canal du Mozambique (Verin 1992).

Le long de l'Afrique, la descente nord-sud se faisait pendant l'été austral, car les embarcations étaient poussées par l'alizé du nord et gagnaient le courant du Mozambique qui longe la côte sud. Ces courants permettront les migrations à l'origine de la civilisation swahilie. La remontée peut se faire par l'alizé du sud puis le courant de Somalie pour gagner la corne de l'Afrique. Il est ainsi possible de remonter le couloir du Mozambique, mais la navigation est plus difficile du fait de la présence de deux courants contraires. Par ailleurs, à proximité des Comores, on rencontre des dérives du courant du sud équatorial, souvent opposées à la direction des courants locaux qui rendent la navigation plus laborieuse (Liszkowski 2000).

On note une influence du bantou dans la langue malgache, bien que l'on ne puisse pas certifier comment et quand cette influence a eu lieu (Adelaar 1989). Plusieurs hypothèses peuvent être dégagées. Soit il y avait des populations parlant des langues bantoues qui étaient présentes à Madagascar avant ou après l'arrivée des Indonésiens, soit cette influence est due au passage de ces indonésiens par la côte africaine avant leur arrivée à Madagascar (Adelaar 1989). De nombreux linguistes sont de plus en plus en faveur pour une installation des indonésiens sur la côte Est africaine entre le V^{ème} et le VII^{ème} siècle, avant de venir s'installer sur la Grande Ile par le nord-ouest. Un passage par les Comores est probable. Le malgache est une langue austronésienne qui montre l'effet de longs contacts avec des langues bantoues (Dewar & Wright 1993), certains auteurs parlent de créolisation de la langue malgache par du bantou (Verin 1992). Ces deux hypothèses sont néanmoins réfutées par Domenichini qui voit dans le malgache une seule origine austronésienne avec une arrivée possible d'Africains non bantous via les embarcations austronésiennes (Domenichini & Ramiaramananana 2002). Dahl note que les emprunts au bantou sont très présents dans les noms d'animaux et dans les termes associés aux plantes domestiques.

D'autre part, les plus anciens sites archéologiques à Madagascar révélant des traces de présence humaine, remontent bien avant les arrivées austronésiennes du VIII^{ème} siècle. On ne connaît

pas l'origine de ces migrants. Il est peu probable qu'il s'agisse de groupes de langues bantoues, étant donné qu'ils n'avaient pas encore atteint les côtes est-africaines à cette époque. Les meilleurs candidats possibles semblent être pour Roger Blench (Blench 2007) des groupes de chasseurs-cueilleurs non bantous, dont les descendants sont retrouvés de nos jours en Tanzanie.

La composante africaine est aussi largement rattachée au commerce des esclaves pratiqué par les Arabes puis intensifiée par les Européens entre le XVI^{ème} et le XIX^{ème} siècle. Les principales destinations étaient les Comores, la côte Est africaine, la mer Rouge, la Perse, les Mascareignes, les Antilles, le Brésil et Java. Madagascar, source d'esclaves, en importait aussi beaucoup de la côte Est africaine (Campbell 1981, Rafidinarivo Rakotolahy 2000).

c- Autres influences

Les auteurs Arabes qui se sont intéressés aux premières décennies de l'Islam et aux dernières années le précédant mentionnent principalement l'existence de navigations persanes jusqu'en Chine moins de 25 ans après la chute des Sassanides sous les coups des Musulmans. Au VIII^{ème} siècle, les routes internationales de l'océan Indien sont à dominance musulmanes et parcourues par des navires arabes, indiens et indonésiens. Du XIII^{ème} au XV^{ème} siècles les comptoirs arabes dans l'océan Indien sont à leur apogée. Des échanges de marchandises et d'esclaves se font entre les populations du monde arabo-persan (Figure 3). Des razzias ont été faites très tôt par les arabes au sud de l'Afrique (Sofala) et en Asie du Sud-Est, et par les Waqwaq également, d'Asie du Sud-Est vers l'Afrique orientale (Allibert 1995). « Le livre des merveilles de l'Inde » (Ibn Shahriyar 930) rapporte ces expéditions d'embarcations WaqWaq. Le terme Waqwaq désigne les Malayo-indonésiens qui eurent de nombreux échanges avec les populations bantoues et quelques Bushmen, développant ainsi un mélange linguistique particulier (Razafinrakoto 1997).

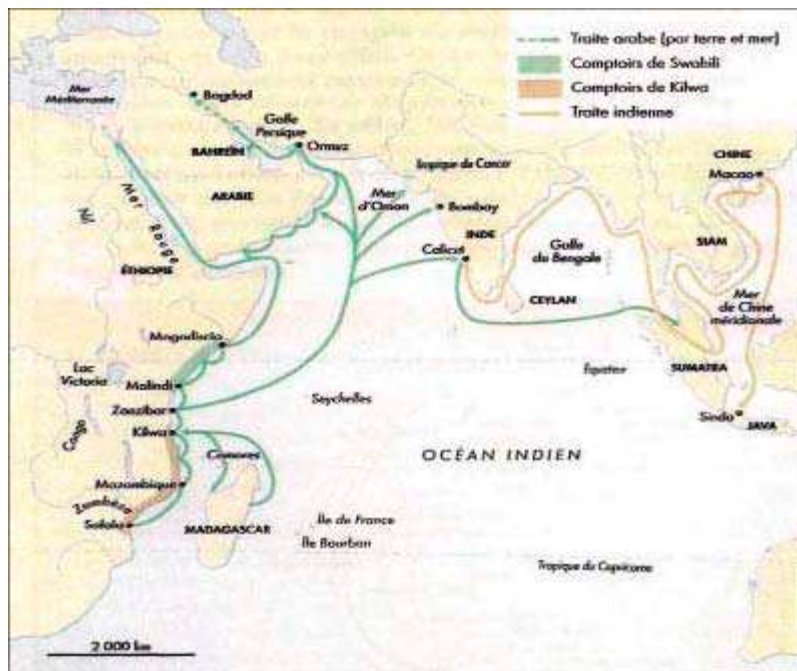


Figure 3. La traite arabe dans l'océan Indien au XVII^{ème} siècle (Dorigny & Gainot 2006)

Les connaissances que nous avons sur Madagascar passent aussi par les écrits postérieurs à 1500. Il existe des récits des colons portugais contant leur arrivée sur les côtes malgaches. Actuellement, on sait que le premier européen à approcher les côtes de Madagascar est un navigateur Portugais : Diego Diaz, en 1500. La Grande Ile prend alors le nom d'Ile Saint Laurent. Les portugais établirent quelques comptoirs qui périçlitérent rapidement et abandonnent alors l'île (Deschamps 1972).

Les Hollandais arrivèrent à la fin du XVI^{ème} siècle et commencèrent à fréquenter les ports malgaches : Saint Augustin et surtout la côte est. En 1638, ils s'installèrent à Maurice mais en 1712 l'île fut abandonnée, Le Cap devenant une escale régulière et les ports malgaches n'étant utilisés que pour la traite d'esclaves (Abbé Rochon 1791, Deschamps 1972). Faisant suite aux Hollandais, les Anglais s'intéressèrent à leur tour à la Grande Ile vers 1600. A causes de mésententes avec les malgaches, ils sont contraints d'abandonner le Fort de la Baie de Saint Augustin.

En 1642, Rigault, capitaine de la marine française, fonde la Compagnie Française de l'Orient. En 1643, Jacques Pronis, envoyé par le Cardinal de Richelieu, fonde la colonie de Fort Dauphin dans le sud-est de Madagascar, en Anosy. Celle-ci avait pour but premier de faciliter l'ouverture de la France sur la Route des Indes. Cet établissement devient le point de départ de l'exploration française. En 1648, la Compagnies Française de l'Orient envoya le gouverneur Etienne de Flacourt à Madagascar (Figure 4 et 5). Dans son « Histoire de la Grande Isle Madagascar », il rassemblera ses observations sur les traditions de l'Anosy. Il y décrit la présence de groupes islamisés dominant la région, les Zafikazimambo (Beaujard 1991-1992, Flacourt [1661], 2007).



Figure 4. Portrait du Gouverneur Etienne de Flacourt.

Les récits des campagnes du soldat français La Case du Fort Dauphin, et de ses démêlés avec les clans Antemoro, apportent également de précieuses informations sur ces populations du sud-est. En 1656, la célébrité de La Case fait de lui un véritable héros aux yeux des malgaches. Il épousera par ailleurs une fille de chef de clan local.



Figure 5. Vue du Fort Dauphin

Ceci attise la jalousie des autres chefs de la colonie, et il décide de quitter le fort pour se rendre dans la vallée d'Ambolo rejoindre son beau-père. Entre 1659 et 1663 La Case profite des rivalités entre les clans Antemoro pour parvenir à ses fins de conquêtes de la côte sud-est. Il finira major de l'île devenant ainsi un personnage clé de la colonie française. Le 23 juin 1671, il est emporté par la maladie, après un séjour de 15 années consécutives dans l'île. Sa mort marquera le déclin de la colonie qui se trouvait alors déjà en péril. En août 1674 le massacre de Fort Dauphin entrainera la fin de la colonie. Entre 1684 et 1724, les côtes malgaches furent abandonnées et devinrent un refuge pour les pirates qui croisaient dans la région (Deschamps 1972, Champion 2003).

2- Influences Arabo-islamique

a- Dans l'Océan Indien

De par leur situation, le golfe Persique et la mer d'Arabie ont permis un passage aisé vers l'Inde et l'Asie orientale. Du côté occidental, la mer Rouge constitue un passage naturel vers la mer Méditerranée. Les mouvements de populations étaient donc facilités dans cette région vers l'Europe et les pays du pourtour de l'océan Indien. D'une façon générale, trois périodes se distinguent dans l'histoire de l'océan Indien : une première pré-islamique, une seconde musulmane mais non arabe et une dernière arabe (Robineau 1967). La période préislamique correspond aux siècles dits « obscurs ». Le commerce avec les Arabes est presque aussi ancien que celui avec les Indonésiens.

Les derniers siècles du I^{er} millénaire de notre ère voient l'installation de nombreuses colonies d'Arabes et d'islamisés dans la partie occidentale de l'océan Indien. Les navigateurs Arabes allèrent jusque dans la partie orientale de l'océan Indien, jusqu'en Chine. Néanmoins leur implantation y était d'un type différent (Verin 1967). Dès les débuts du VIII^{ème} siècle, alors que les armées musulmanes venaient de défaire les Chinois en Asie Centrale, s'ouvrent les routes de la soie, de la porcelaine et du papier (Bencheikh & Miquel 1992).

L'influence de l'Islam augmente quand celui-ci gagna l'Inde, l'Indonésie et le sud équatorial africain entre Mogadiscio (actuelle Somalie) et Sofala (actuel Mozambique) (Razafinrakoto 1997). Cette expansion touche le sud de l'Indochine et Java entre les IX^{ème} et XV^{ème} siècles et Bornéo entre les XI^{ème} et XVII^{ème} siècles. Au milieu du XV^{ème} siècle, c'est l'apogée du sultanat de Malacca en Malaisie. De même l'impact de l'Islam grandit avec la conversion du Maharajah du Royaume de Srivijaya (sud de Sumatra) (Dalh 1991, Bencheikh & Miquel 1992). Dans la partie occidentale de l'océan Indien, cette expansion est due au commerce et aux conflits religieux qu'a connu l'Islam dès son émergence. Les groupes hérétiques vaincus s'exilent et les côtes africaines et malgaches deviennent des refuges. Les rivalités politiques durent motiver également ces migrations (Verin 1967).

b- Les citées Swahilies

Les chroniques de Kilwa (XVI^{ème} siècle), rattachent Shirazi à la Perse (sud de l'Iran). Celle-ci a eu un impact important dans les cultures de l'Océan Indien occidental.

Les Shirazi auraient diffusé leur culture islamique dans les îles de Pate, Pemba, Zanzibar, Mofia, Kilwa et des Comores (Figure 6). Philippe Beaujard (2007) note que bien que les traditions relient les Shirazi à la Perse, les réseaux d'échanges où ils étaient impliqués concernaient aussi les régions comme l'Arabie et le monde fatimide.



Figure 6. Ruines de Kilwa Kisiwani (Site de l'UNESCO World Heritage)

Vers le XIII^{ème} siècle, l'Islam est en progression sur la côte est africaine. L'installation sur les côtes africaines de ces populations islamisées et leur métissage avec les populations bantoues présentes, entraîna l'émergence de la civilisation Swahilie, culturellement islamique mais dont le fondement ethnique est avant tout africain (Verin 1967; Razafinrakoto 1997 ; Beaujard 2007). Cet Islam va ainsi s'imprégner de caractères africains tels que le culte des ancêtres et des esprits, et mêler les pratiques magiques africaines et arabes. Les cités swahilies sont les centres de production, d'échanges commerciaux, et c'est à partir de ces centres majeurs que l'Islam se développe. La première partie du XIV^{ème} siècle correspond à la période d'épanouissement des cités swahilies : on peut citer, les villes de Mogadiscio en Somalie et de Kilwa dans l'archipel du même nom au large de la Tanzanie. Des migrations venant des régions du monde musulman occidental et d'Inde ont certainement joué un rôle dans le développement des citées swahilies. Les ports swahilis sont en relation avec le Yémen, mais les Indiens du Gujarat, de Calicut et les Maldiviens fréquentent aussi l'Afrique de l'Est (Ottino 1974, Beaujard 2007). Au XIII^{ème} siècle, le géographe Ibn Saïd (1208-1286) confirme ce lien entre les Indes et les îles du sud-ouest. Les marchands indiens qui contrôlaient le commerce entre l'Inde et l'Égypte ont peut être étendu leur influence sur une grande partie du sud-ouest de l'océan Indien (Liszkowski 2000).

a- L'Islam aux Comores

Le nom de Comores vient de l'Arabe « Kmr » signifiant « lumière dans le ciel ». L'Islam s'installe progressivement aux Comores du XIII^{ème} jusqu'au XV^{ème} siècle. Les nouveaux sultans shirazi prennent le pouvoir. Ces sultans, reprennent un principe de matrilinearité fondamental aux populations qui les avaient précédées. De par sa situation, l'archipel comorien constitua un carrefour pour le commerce et la colonisation de l'océan Indien (Liszowski 2000, Beaujard 2007).

3- Impact de ces échanges à Madagascar

a- Les échelles du nord

Les premiers contacts des islamisés à Madagascar semblent avoir eu lieu par le nord de la Grande Ile. Ces populations islamiques fréquentaient Madagascar par l'intermédiaire des côtes orientales d'Afrique et des Comores dès le VIII^{ème} siècle (Ferrand 1891). Ils fondèrent dans cette région des comptoirs. Ceux qui s'installèrent sont les Antalaotra (mot d'origine malaise signifiant gens de la mer). Aux IX^{ème} et X^{ème} siècles les Antalaotra multiplièrent leurs établissements en fondant de nouveaux comptoirs qui périclitèrent avec l'arrivée des Portugais. Les comptoirs sont nombreux entre Maintirano et le cap Masoala (Verin 1967, Razafinrakoto 1997). L'immigration gagna progressivement toute la côte ouest jusqu'à Morondava (Ralaimihoatra 1965). Pierre Vérin donne le premier témoignage d'écriture en caractères arabes sur la côte nord-ouest de Madagascar sous la forme d'inscriptions funéraires gravées sur la pierre datée seulement du XV^{ème} ou XVI^{ème} siècle (Rajaonarimanana 1990).

Les données archéologiques appuient la présence de comptoirs d'islamisés implantés dans le nord de Madagascar. Dans la province de Majunga, vers le XIV^{ème} siècle des comptoirs s'établissent sur la côte. L'un des principaux est le site de Kingany, grandement étudié par Pierre Vérin en 1986. Des petites mosquées, des tombes et autres maisons ont été mises au jour. Ce comptoir fut brûlé par les portugais au début du XVI^{ème} siècle (Dewar & Wright 1993). Des découvertes similaires ont été faites sur le site de Langany à Nosy Manga daté du XV^{ème} ou XVI^{ème} siècle (Figure 7).

C'est dans la province de Diego Suarez que se trouve l'un des sites les plus étudiés et l'un des plus riches, celui de Vohémar. Vohémar serait une ville musulmane qui aurait été fondée par des Maures de Malindi avant le XIV^{ème} siècle mais sa fondation pourrait être liée pour une part à des arrivées de l'Insulinde (Beaujard 2003). Son cimetière contient des ossements datés de la fin du XII^{ème} au début du XIII^{ème} siècle. Elle fut florissante jusqu'au XVI^{ème} siècle et a décliné ensuite du fait de la domination portugaise. Elle aurait été brusquement abandonnée suite à un cyclone au XVII^{ème} siècle (Vernier & Millot 1971). Toutefois, les sépultures laissent supposer que si ses habitants étaient islamisés, l'association des sépultures avec des objets familiers montre qu'ils devaient malgré tout être restés fidèles aux coutumes malgaches (Vérin & Battistini 1967). Parmi le mobilier retrouvé (céladon, céramique occidentale, porcelaine chinoise, marmite en chloritoschiste...) une inscription en arabe a été révélée sur un tronc de cône en chloritoschiste. Cette inscription a été déchiffrée par M. Curiel comme étant « le quart ». Il s'agit d'un quart de poids de « Ratl » très répandu en Afrique et en Asie d'après Forien de Rochesnard (Vernier & Millot 1971).

C'est à partir de Vohémar que de nouveaux arrivants partiront à la conquête des côtes orientales jusqu'à la Matitanana et Fort Dauphin (Liszkowski 2000). Ils émigrèrent soit en masse comme les Merina, soit par petits groupes comme les islamisés. Ils apporteront leurs traditions et leur religion en les intégrant à celles des peuples malgaches déjà présentes (Ferrand 1891).

Le site de l'Irodo dans le nord de l'île (Figure 7), présente des objets très similaires à ceux de Vohémar mais il est beaucoup plus ancien. Le peuplement de l'Irodo daterait de la fin du I^{er} millénaire et à dû se prolonger jusqu'aux contacts avec les européens. A Tafiansirebika les datations au carbone 14 du chloritoschiste, le fait remonter au IX^{ème} siècle. A Tafiampatsa des poteries islamiques ont été datées du VIII^{ème} ou IX^{ème} siècle. La localité d'Irodo devait faire du commerce avec l'extérieur et également avec Vohémar (Battistini & Verin 1967).

b- Migrations d'islamisés vers le sud-est de Madagascar

Les auteurs anciens qui se sont particulièrement intéressés à la côte est de Madagascar s'accordent, d'une façon à peu près unanime, à placer à la Matitanana les arrivées des colonies d'islamisés dans cette partie de l'île (Figure 7 et 8). D'après les informations fournies par les populations locales, les « Arabes », terme par lequel ils mentionnent les migrants islamisés, seraient arrivés sur la côte sud-est de Madagascar, se seraient mélangés avec des tribus déjà présentes à la côte pour donner naissance à la population malgache actuelle (Ferrand 1891).

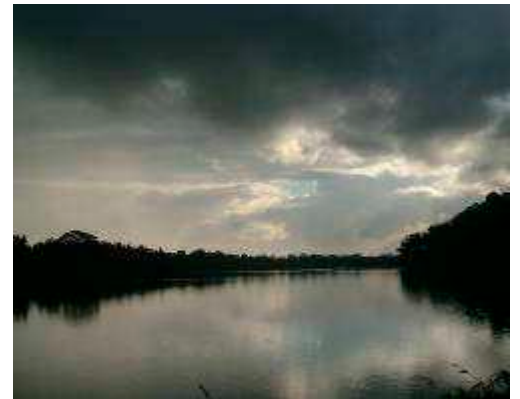


Figure 8. Fleuve Matitanana dans le sud-est de Madagascar (Capredon 2009).

Flacourt, dans son recueil, parle de trois migrations. La première qui est celle des Zafibrabrahim, suivie des Zafiraminia vers le XII^{ème} siècle et des Zafikazimambo vers le début du XVI^{ème} siècle (Flacourt [1661], 2007). Flacourt avait tendance à généraliser ses observations, et les Zafikazimambo sont en réalité un groupe Anteony. Actuellement, l'ordre d'arrivée des descendants des islamisés à Madagascar est assez bien accepté. On parle alors dans l'ordre des Onjatsy, des Zafiraminia et enfin des Anteony-Antalaotra. Certains manuscrits placent l'arrivée des Onjatsy en même temps que celle des Zafiraminia (Allibert 1995), vers le XIII^{ème} siècle. Ralaimihoatra décrit deux vagues de migrations : les ancêtres des Zafiraminia et des Onjatsy seraient arrivés à Vohémar aux IX^{ème} ou X^{ème} siècle en passant par les Comores et y auraient séjourné pendant plusieurs siècles. Vers le milieu du XV^{ème} siècle, arrivèrent à leur tour les ancêtres des Antemoro (Anteony et Antalaotra). Les Zafiraminia et les Onjatsy partirent alors de Vohémar et descendirent vers les Sud

pour se fixer à Mananjary et à l'embouchure de la Matitanana. Dans la seconde moitié du XV^{ème} siècle, les ancêtres des Antemoro quittèrent à leur tour Vohémar pour se rendre dans le sud de l'île. Ils se fixèrent à l'embouchure de la Matitanana. Les arrivants de la première migration allèrent alors plus au sud et s'installèrent à Fort Dauphin où ils étaient signalés dès le début du XVI^{ème} siècle (Ralaimihoatra 1965).

Peu de données archéologiques sont disponibles en comparaison avec le nord de l'île. En ce qui concerne l'histoire de l'arrivée des islamisés sur la côte, les seules traces évidentes sont celles qui seraient rattachées au chef Raminia de la migration des Zafiraminia (Zafi=descendant). En effet, la tradition lui rattache la Grande Jarre d'Ivondro dans le sud de Tamatave, et l'éléphant en pierre d'Ambohitsara dans le district de Manakara (Pannetier 1974). De nombreuses découvertes ont été faites mais n'ont donné lieu à aucune suite. Entre autres, des ustensiles en chloritoschiste ont été retrouvés dans la sous-préfecture de Mananjary par Savaron en 1915 (Pannetier 1974), ainsi que dans la sous-préfecture de Manakara (Verin 1967). Sur le site d'Ambohabe ont été découverts des tessons de récipients en chloritoschiste. La tradition orale veut que ce site fût habité par des Onjatsy qui ont émigré vers le village actuel d'Onjatsy pour des raisons inconnues. Puis les Merina s'y seraient installés dans la première moitié du XIX^{ème} siècle pour y faire du commerce et des cultures. A la fin du XIX^{ème} siècle, une famille européenne s'y serait installée à son tour, et aurait fait des plantations de cocotiers et du commerce. Certains Onjatsy et Merina se seraient fait embaucher dans la plantation (Pannetier 1974). Ambohabe serait également le lieu de débarquement des Anteony et Antalaotra de la dernière migration. En 2009, William D. Griffin, expose dans sa thèse ses travaux de fouilles archéologiques dans la Matatana. La majorité des découvertes sont d'origine malgache. Peu d'objets d'importation ont été retrouvés en comparaison avec des sites du nord de Madagascar, ainsi qu'aucune trace pouvant rappeler une culture swahilie ou arabe (Griffin 2009). Les nouveaux arrivants semblent s'être intégrés dans la culture malgache déjà présente à ce moment.

L'origine de la taille du chloritoschiste à Madagascar est elle aussi soumise à débat. Sur la côte, cette technique serait arrivée avec les islamisés. A l'intérieur des terres, le souvenir est plus diffus, les ancêtres pratiquaient depuis longtemps cette technique. Les auteurs qui ont étudié la question ont noté une parenté entre la technique d'extraction entre le nord-est et le sud-est de Madagascar en utilisant la même matière première. La technique de taille du chloritoschiste est familière aux populations du golfe Persique depuis longtemps, mais il semblerait qu'il y ait eu malgré tout un apport indonésien (Pannetier 1974). Par ailleurs, les pièces en chloritoschiste abondent sur les sites d'Irodo depuis le X^{ème} jusqu'au XV^{ème} siècle, ce qui montre qu'à Madagascar cette matière fut travaillée sans interruption par les cultures islamisées ou influencées par elles. La disparition du travail

du chloritoschiste survenue très tôt en Afrique pourrait s'expliquer par un arrêt des importations de ce matériel depuis Madagascar (Battistini & Vérin 1967).

B- Histoire du sud-est de Madagascar – Voyage en pays Antemoro

1- Les groupes Islamisés et la tradition orale

a- Les Onjatsy

Les Onjatsy représentent la première vague de migration d'islamisés à la côte sud-Est. Leur origine est assez vague. Grandidier a émit l'idée que les Onjatsy seraient arrivés avec les migrants de la seconde vague, les Zafiraminia, mais auraient quitté la région de Vohémar avant eux pour se rendre dans le Sud par cabotage le long des côtes (Deschamps 1972, Ferrand 1891). On retrouve d'ailleurs dans le nord de la Grande Ile le groupe des Anjoaty à rattacher probablement avec les groupes du Sud. Le nom d'Anjoaty n'est pas sans rappeler l'île d'Anjouan. Grandidier a vu dans l'étymologie du nom la référence à une tribu arabe les « Azt », quand Ferrand y lisait « les gens des vagues », puis « les impurs » (Deschamps 1972). Le linguiste Julien, lui, voit la contraction de *olona zatse* c'est-à-dire gens acclimatés (Vérin 1972). Les Onjatsy seraient des islamisés sur le mode Chiite. Grandidier postule qu'il s'agirait d'ismaéliens de la branche des Karmathes mais cette théorie est remise en question par d'autres auteurs (Deschamps & Vianes 1959, Ottino 1974). D'autres postulent qu'il s'agirait de descendants d'une branche Zeidites (Ralaimihoatra 1965). Certains d'entre eux seraient arrivés après escale à Malindi et aux Comores (Deschamps 1972). Ottino associe au moins une partie des Onjatsy à une origine Azdites venus d'Oman (Ottino 1974).

Du point de vue des Antemoro, les Onjatsy étaient les occupants de l'embouchure de la Matitanana lorsque ceux-ci sont arrivés. D'après la tradition orale, les nouveaux arrivants les délivrèrent d'un « monstre marin » qui les terrorisait. En preuve de reconnaissance, ils reconnurent leur suzeraineté et leurs donnèrent leurs filles en mariage. L'ancêtre des Anteony, Ramarohala, avait une mère Onjatsy ce qui suffit à reconnaître à ce groupe une supériorité sur les roturiers Antemoro. Ils semblent avoir permis l'intégration des nouveaux arrivants islamisés (Deschamps & Vianes 1959, Rajaonarimanana 1990).

Les traditions ont par ailleurs conservé le souvenir de légendes selon lesquelles on reconnaît les migrations dont sont responsables les Islamisés, tout au moins en partie. Il s'agit du mythe de Mojomby pour la côte nord-ouest et celui de Darafify pour l'est (Verin 1972). La légende raconte que Darafify et Fatrapaitanarà se rencontrèrent au niveau de la Matitanana et se défièrent. Fatrapaitanarà s'empara de la main de Darafify et la jeta dans le fleuve, mais Darafify, furieux, lui sauta à la gorge et le précipita dans la mer où il périt. Darafify correspond aux « joues claires », c'est-à-dire probablement

aux islamisés et Fatrapaitanarà est le « géant noir », c'est-à-dire les premiers occupants de la côte du sud-est (Grandidier 1916, Raison Jourde 1983). Des affrontements ont probablement eu lieu entre les premiers occupants et les nouveaux arrivants. Le mythe de l'installation de Darafify, dans le nord de l'île, semble associé à la venue des premiers ancêtres des Anjoaty terme qu'il faut probablement rattacher à celui de Onjatsy du sud (Grandidier 1916, Vérin 1972).

b- Les Zafiraminia

Les Zafiraminia seraient des islamisés, probablement d'origine indonésienne Chiite. Les Portugais au XVII^{ème} siècle les décrivent comme « connaissant fort mal leur religion » (Ottino 1974, Beaujard 1991-1992). Actuellement, deux groupes se disent descendants des Zafiraminia : les Antambahoaka de Manajary et la caste noble du peuple Antanosy dans le sud-est de Madagascar (Deschamps 1972).

Ferrand a étudié divers textes contant le mythe de l'arrivée des ancêtres des Zafiraminia. Il raconte qu'un homme du nom de Ramakarabevelomana partit d'Arabie sur un navire à la recherche d'une terre qu'il pourrait habiter. Il arriva à Madagascar et débarqua à l'embouchure de la rivière Sakaleona. Il épousa une malgache et eut des enfants. N'étant pas satisfait il retourna dans son pays. Au bout de quelques temps, Ramakarabevelomana revint à Madagascar accompagné d'un homme appelé Raminia et de la sœur de ce dernier. Il existe des variantes dans l'histoire. Bien souvent Ramakarabevelomana n'est pas mentionné par les auteurs et Raminia est le chef des éléments « nobles » disant provenir de La Mecque. Les Antambahoaka qui actuellement se disent les descendants de Raminia racontent que deux individus un frère et une sœur (Raminia et Ravahinia) venant de la Mecque sur un bateau arrivèrent près du fleuve Faraony. Ravahinia épousa Ramosamary un noble Antemoro qui venait de l'ouest. Ils donnèrent naissance à Iony et par conséquent aux Anteony. Leurs serfs étaient les Ampanabaka. Raminia eut de nombreux enfants, ce qui fait de lui le père des Antambahoaka, des Antanosy de Fort Dauphin et des Zafiraminia. Plus tard, le frère et la sœur repartirent pour la Mecque. Soulignons qu'il existe un autre texte qui, lui, mentionne Raminia comme une femme de la Mecque qui aurait épousé Abraham. Ils auraient donné naissance entre autre, à une fille Ravahinia (sœur de Raminia dans le texte précédent) (Ferrand 1891).

Les textes s'accorderaient à dire que vers le XII^{ème} ou XIII^{ème} siècle après un passage aux Comores, Raminia accosta à Vohémar, longea la côte est et débarqua à Mananjary. Son groupe aurait occupé les vallées jusqu'à la Matitanaña. Puis une partie serait montée en Imérina et une autre aurait fondé le royaume de l'Anosy au début du XV^{ème} siècle, probablement suite à l'arrivée d'autres islamisés dans la vallée de la Matitanaña. Les Zafiraminia revendiquent à la fois une origine

mecquoise et à Mangaroro assimilée par certains auteurs à Mangalore dans le sud-ouest de l'Inde (Beaujard 1988). Les Zafiraminia pourraient être des malais indianisés culturellement influencés par un Islam Chiite (Ottino 1983). Ferrand puis par la suite Ottino ont signalé que les Géographes arabes du IX^{ème} aux XVI^{ème} siècles donnent le nom de Raminia à une province du nord-ouest de Sumatra près de la moderne Aceh. Cela n'est envisageable que si l'on admet que la date d'arrivée est tardive (XIII^{ème} siècle) car l'Indonésie ne connut l'islam qu'à cette date (Beaujard 1991-1992, Allibert 1995).

A Madagascar, les Zafiraminia mettront en place un nouveau système hiérarchique et instaureront une nouvelle conception sociopolitique qui diffusera sur le reste de l'île, et en particulier dans les aristocraties Merina (Ottino 1983, Randriamananoro 2006)

c- Les ancêtres des Antemoro : Anteony-Zafikazimambo-Antalaotra

De même que pour la migration Zafiraminia, l'histoire des ancêtres des Antemoro, que Flacourt mentionne sous la dénomination de Zafikazimambo connaît quelques variantes. Vers le XV^{ème} et XVI^{ème} siècle, faisant suite aux Zafiraminia, d'autres groupes d'islamisés sous le mode Sunnite arrivèrent à l'embouchure de la Matatana. Ils seraient arrivés par cabotage le long de la côte africaine et/ou seraient passés par les Comores avant d'atteindre Vohémar et par la suite l'embouchure du fleuve Matitanana dans le sud-est de l'île (Munthe 1982, Rajaonarimanana 1990, Beaujard 1991-1992, Allibert 1995). Une partie d'entre eux revendique une origine d'au-delà de la mer et de la Mecque, rattachement courant pour les fondateurs de lignées nobles à cette période.



Figure 9. Habitants du village de Ambila-Manakara (Capredon 2009)

Certains groupes Anteony racontent l'arrivée de cinq hommes venant de la Mecque. Après un séjour de 48 ans sur l'île, quatre d'entre eux rentrèrent dans leur pays. Ils arrivèrent au nord de Mahanoro et se dirigèrent vers le Sud de l'île où ils débarquèrent à Fanivelona puis à Mahony dont ils changèrent le nom en Matitanana. Ils n'avaient pas amené de femmes mais deux enfants, un garçon, Zorobabela et une fille, Fatima qu'il maria. Ils furent les ancêtres des nobles Anteony (Ferrand 1891).

Actuellement, les traditions font remonter l'installation de ces islamisés à l'arrivée : soit de deux groupes d'immigrants apparentés sur deux vaisseaux, soit à un groupe qui se serait scindé en deux lors de son arrivée sur les côtes malgaches (Rolland 2007). Ils seraient venus de la Mecque, d'où

ils auraient été chassés suite à une guerre (Deschamps & Vianes 1959), ou encore envoyés pour instruire les peuples (Allibert 1995). Un premier vaisseau amenait Ramakararo et son fils Ralivoaziry ancêtres des nobles Anteony ainsi que le devin Ranaha. Un second vaisseau portait Ali-Tawarat et son taureau sacré Valalalampy qu'il aurait embarqué sur la côte africaine. Celui-ci fit une halte et ne rejoint la Matitanana que plus tard. Un dernier vaisseau avait à son bord Andriamboaziribe. Ces groupes étaient accompagnés d'éléments africains. (Rolland 2007). D'après la tradition confirmée par le manuscrit A-6 d'Oslo étudié par Munthe, Ralivoaziry est le fils de Ramakararo, né en Arabie et ayant accompagné son père dans son voyage. Un second manuscrit malgache raconte que Ramakararo lors de l'un de ses arrêts à la côte, épousa une femme malgache, dont il eut alors un fils Andrianalivoaziry (Munthe 1982). Ramakararo se serait arrêté tout le long de la côte malgache à la recherche d'un emplacement favorable à l'installation de son groupe et son choix s'arrêta sur l'embouchure de la Matitanana au village d'Ambohabe. Cette région était alors peuplée par quelques villages dont celui des Onjatsy avec qui ils se sont alliés. On sait peu de choses sur ces autres populations déjà présentes à l'arrivée des migrants (Deschamps & Vianes 1959, Rolland 1973). Le chef Ramakararo ne serait resté que trois ans dans la Matitanana avant de retourner vers le nord c'est-à-dire soit pour s'installer à Vohémar, soit pour retourner dans son pays d'origine (Munthe 1982).

2- Entre mythes et réalité

a- Origines des Antemoro

D'après Flacourt, les Antemoro ont été envoyés par le Calife de la Mecque ; mais ceci n'est pas possible car à l'époque probable de leur arrivée, le Califat n'existait plus. En revanche peut être parlaient-ils du Sharif de la Mecque (Ottino 1983). L'étude de certains Manuscrits malgaches laisserait à penser que la Mecque ne fait pas seulement référence à la ville, mais à une grande région intégrant l'Arabie et l'ancien Proche-Orient ; ceci d'après les descriptions et références géographiques, les noms de villes et les prophètes mentionnés (Rajaonarimanana 1990, Beaujard 1993). Alexandre (1981), suppose qu'il s'agit de populations Swahilies ; de même, Ferrand retrouve dans le nom de Kazimambou un nom propre swahili très commun, Kazambo (Vérin 1972). En réalité, Ferrand n'a jamais pu trancher sur l'origine des ancêtres des Antemoro et ils pourraient venir selon lui d'Afrique de l'Est ou de la péninsule Arabique. Grandidier, lui, postule qu'il s'agit de groupes provenant de la péninsule Arabique mais qui seraient passés par l'Afrique de l'Est (Kent 1969). Pour Allibert, la côte sud-est malgache a subi une acculturation islamique, ou pré-islamique Perse et Arabe mais il n'exclu pas la possibilité qu'il s'agisse de groupes indonésiens installés provisoirement au Moyen-Orient, qui auraient connu une acculturation arabo-persane avant de venir s'installer à Madagascar (Allibert 1995). Les théories plus récentes donnent pour origine des régions islamisées d'Indonésie tout comme pour la migration Zafiraminia. Il pourrait s'agir alors de malais venus directement, ou indirectement,

de la péninsule Malaise ou de Sumatra. Leur origine commune avec les arrivants de la migration précédente aurait facilité les contacts. La composante bantoue, quant à elle, serait la conséquence de l'arrivée des groupes de serviteurs qui accompagnaient les islamisés (Ottino 1983, Rolland 2007).

b- Dates des migrations et raisons des départs

D'une façon générale, ces groupes d'islamisés devaient avoir une bonne connaissance des îles entre l'Afrique et Madagascar et des possibilités de s'y installer. Pour certains auteurs, ces migrations devaient être de petites expéditions, car elles devaient être limitées par la taille de leurs petits navires. Certains manuscrits malgaches ne mentionnent que 15 à 30 personnes (Munthe 1982, Rolland 1973, 2007). Néanmoins, les trajets entre l'Asie et Madagascar via l'Arabie à bord de grands navires (de près de 300 personnes) étaient possibles (annotations Allibert dans Flacourt [1661], 2007). Parmi ces groupes d'immigrés, devaient se trouver des marins embarqués en chemin. Ces migrations d'islamisés ont pu s'effectuer en plusieurs étapes et plusieurs vagues, avec entre autres un passage sur la côte orientale de l'Afrique. Elles ont dû s'étaler sur deux ou trois siècles (Rajaonarimanana 1990, Rolland 2007).

Dans la correspondance du comte de Maudave, l'arrivée des islamisés est datée du début du XVI^{ème} siècle (Ferrand 1891). Si on s'intéresse à Flacourt, il décrit que « l'usage des lettres y a été apporté depuis deux cent ans par certains Arabes venus de la mer Rouge ». Les Kazimambou seraient, eux, arrivés à Matatane au début du XVI^{ème} siècle (Flacourt [1661], 2007). L'analyse des manuscrits malgaches donne des dates contradictoires. L'Hégire, ou une date proche de celle-ci, serait le moment où la migration fut lancée. Il existe un texte portant dans un interligne la date du 515 de l'Hégire soit vers 1121-22. Dans un autre texte c'est la date du 815 de l'Hégire soit vers 1470-71 qui a été retrouvée (Allibert 1995). Un autre manuscrit, lui, compte 324 ans entre l'arrivée de Ramakararo ancêtre des Antemoro et La Case. Or La Case est arrivé en 1660 à Fort Dauphin, ce qui ramène au XIV^{ème} siècle leur venue. D'après les listes généalogiques, le début de l'histoire des Antemoro date du XIII^{ème} siècle. Enfin si l'on calcule par rapport au nombre de rois qui se sont succédés de Ramakararo au contemporain de La Case, on obtient une arrivée vers 1485 (basée sur une génération de 25 ans). On pourrait donc déduire que les ancêtres des Antemoro seraient plutôt arrivés dans le dernier quart du XV^{ème} siècle (Ralaimihoatra 1965). D'une façon générale, il apparaît clairement que les dates de départ et d'arrivée des Antemoro et plus globalement celles des migrations des islamisés dans la région du sud-est de Madagascar, restent encore imprécises.

En ce qui concerne les raisons des départs, plusieurs hypothèses ont été avancées. On peut supposer que ces migrants étaient des adversaires du prophète et qu'ils se rendirent à Madagascar pour

fuir les tensions politiques: « Raminia et Ravahinia furent vaincus par le roturier Mahomado » (Ferrand 1891, Alibert 1995). Un manuscrit mentionne que Raminia aurait été un noble ayant quitté la Mecque pour faire du commerce et qui aurait été supplanté pendant son absence par Mohamad élu de Dieu. Il aurait alors décidé de partir vers d'autres horizons. Seul le manuscrit 661 de l'Académie malgache semble renseigner sur la nature des troubles qui auraient poussé Ramakararo à quitter son pays d'origine. La raison du départ est évoquée par la présence de l'expression « kotatany » signifiant « troubles politiques » et plus tard dans le texte par « nialy teiny i Mak aizy » signifiant « ils se battirent à la Mecque ». En ce qui concerne leur date d'arrivée dans la Matitanana elle est citée par « une année de vendredi sous l'influence du vintana alakarabo, un lundi du mois d'asobola ». Ce qui d'après Munthe pourrait renseigner qu'au moment du départ la situation en « Arabie » était tendue, avec des guerres et des conflits (Ferrand 1891, Munthe 1982). Néanmoins, on peut envisager que la situation se soit améliorée car ces mêmes manuscrits parlent d'allers et retours entre Madagascar et « l'Arabie ». D'autres manuscrits parlent d'un point de départ qui ne serait pas la Mecque, mais à proximité de « Kanana » et signalent que certains des migrants étaient Egyptiens (Munthe 1982). Une dernière hypothèse serait qu'il s'agirait de la fille du prophète ou de populations envoyées pour instruire et convertir les peuples à l'islam. Flacourt rapporte que les Zafikazimambo seraient arrivés sur l'île dans de grands canots envoyés par le Calife de la Mecque pour instruire ces peuples. Mais comme déjà précisé, le califat de la Mecque n'existait plus à cette époque et ce rattachement expliquerait la revendication de leur origine musulmane (Flacourt [1661], 2007). Pourtant aucune mosquée ne fut retrouvée et ils ignoraient les trois piliers de l'islam à savoir les prières rituelles salat, l'aumône zakat, et le pèlerinage à la Mecque (Beaujard 1988, 1994). Les conflits n'avaient pas uniquement lieu entre Islamisés et « infidèles » mais également entre groupes Islamisés afin de faire valoir leur pouvoir commercial, leur capacité à représenter la foi, leur puissance militaire. La connaissance de l'écriture représentait donc un privilège (Vérin 1972). Leur but premier ne serait donc pas la conversion à l'islam mais une lutte ayant pour enjeu la domination politique dans le sud-est (Beaujard 1988, 1994).

c- Problème de l'interprétation des manuscrits malgaches et de la tradition orale

La Mecque n'est pas forcément une référence géographique mais un rattachement religieux et politique. Le terme « Arabe » souvent employé dans ces traditions, devrait normalement qualifier une origine dans le Yémen, l'Hadramaout, Oman or, la plupart des musulmans en cause viennent d'Asie du Sud-Ouest, de la péninsule Arabique, d'Irak, d'Iran, d'Afrique du Nord. Il s'agit essentiellement de populations sémitiques qui s'installent plus tard sur la côte est de l'Afrique (Robineau 1967).

L'étude qui suit provient principalement des travaux de Rolland (1997). Les termes de Zafikazimambo et de Zafiraminia sont les dénominations employées par Flacourt lors de son passage dans l'Anosy. Il mentionne que des blancs de la Matatanes (Zafiraminia) ont été massacrés par les Zafikazimambo également islamisés 150 ans avant son arrivée. Kasimambo serait la fille d'un chef indigène de la Matatanes qu'un nouvel arrivant aurait prit pour épouse. Les Zafikazimambo se sont attribués le pouvoir et appropriés le droit de l'abattage rituel (Sombily). Or sur le terrain actuellement on parle de Matitanana et non de Matatanes, les Zafiraminia ne sont pas présents à proprement parler, et les Zafikazimambo ne sont qu'une lignée des groupes dominants Anteony. Chez les Antemoro on distingue cinq groupes Anteony, Antalaotra, Ampanabaka, Andevo et Antevolo (décrits plus loin) (Deschamps 1972, Rolland 1997).

Le mot Matitanana signifie « Main morte », ceci est actuellement admis et serait rattaché au mythe de Darafify cité plus haut. Néanmoins, ce mot serait la version Mérina. En effet, en pays Antemoro on prononce Matatanga. Mata en indonésien signifie « œil » et Tanga, « caméléon ». Or, dans un sorabe de Mosa Mahafamanana traduit par Rajaonarimanana, l'embouchure du fleuve est décrite comme ressemblant à l'œil d'un caméléon. Ceci expliquerait pourquoi Flacourt à son époque, parle de Matatanes et non de Matitanana (Rolland 1997).

L'on peut maintenant se demander si le nom d'Antemoro n'est pas lui aussi un nom récent. Pourquoi les Zafiraminia et les Zafikazimambo ne sont-ils pas retrouvés sur le terrain de nos jours et dans les Sorabe ? Pour Rolland, il est possible qu'ils aient changé de nom afin de masquer une extermination des Zafiraminia par les Zafikazimambo. D'une façon générale, l'histoire a toujours été écrite par les vainqueurs. Les manuscrits qui racontent des faits anciens ont une origine bien plus récente car ils ont été recopiés aux fils des années. Ils ont été rédigés par les scribes qui étaient au service du pouvoir. L'histoire et les généalogies ont donc pu être manipulées à leur avantage. Les manuscrits malgaches doivent faire l'objet d'une analyse critique (Beaujard 1988, Rolland 1997).

C- Le Royaume Antemoro

1- La société Antemoro : une ancienne société de castes

La société Antemoro peut être divisée en groupes sociaux ou pseudo-castes de par leur caractère hiérarchique (Figure 13). On distingue ainsi les nobles Anteony parmi lesquels était choisi le roi (ou Andrianoni), les devins Antalaotra détenteurs du pouvoir magico-religieux, les Ampanabaka ou roturiers, les Andevo ou anciens esclaves et enfin les Antevolo ou parias (Deschamps & Vianes 1959, Ralaimihoatra 1965, Rajaonarimanana 1990, Rolland 2007).

Les **Anteony**, dont le nom peut être traduit par « ceux qui viennent du fleuve », seraient les descendants de l'ancêtre fondateur Ramakararo, que l'on dit être venu de la Mecque. Ce groupe correspond à la caste noble (Figure 10).

On y distingue les **Anteony** (ou Zanamarozato) à proprement parler, les **Ankazimambo** parmi lesquels les rois étaient choisis, les **Antemahazo** et les **Antesambo** localisés sur la Haute-Matatanana et les **Zafimrambo** dont seul un village, Vohitrambo, a subsisté en pays Antemoro. C'est cette caste qui possédait le monopole du Sombily c'est-à-dire le droit d'égorger les animaux lors de sacrifice (Deschamps & Vianes 1959, Rajaonarimanana 1990, Beaujard 1991-1992, Rolland 2007). Les épouses des Anteony étaient souvent des roturières ceci permettant de créer des alliances (Beaujard 1988).



Figure 10. Photographie du Roi Anteony au palais d'Ivato (Capredon 2009)

Les **Antalaotra** dont le nom est d'origine malaise signifiant « gens de la mer » est le terme sous lequel désignaient les malgaches les communautés hétéroclites d'islamisés qui apparaissent au nord de l'île vers le XIII^{ème} siècle (Deschamps & Vianes 1959, Beaujard 1988, Beaujard 1991-1992). Il faut différencier les Antalaotra islamisés du nord de l'île et les Antalaotra caste des Antemoro. On ne sait pas si elles sont historiquement liées, ou si elles partagent une culture proche. Le groupe des Antalaotra appartenant aux Antemoro, serait les descendants des compagnons de Ramakararo. Ils racontent qu'une fois arrivés dans la région, les Anteony se jouèrent d'eux et s'approprièrent le pouvoir politique. Ils héritèrent du pouvoir spirituel.

Ce sont de grands devins, spécialistes du rituel, scribes et médecins. Parmi eux on distingue quatre groupes :

Le premier, celui des **Anakara** « descendants des rochers » est issu de la lignée d'Ali-Tawarat astrologue et compagnon de Ramakararo. Ils se seraient astreints à une très forte endogamie afin d'assurer le maintien de l'essentiel des connaissances magico-religieuses. Les Anakara ont la particularité d'avoir conservé un parler arabe (Deschamps & Vianes 1959, Beaujard 1988). Ils sont également considérés dans la Grande Ile comme des devins fameux et redoutés. Ils sont les dépositaires des manuscrits sacrés dits Manuscrits Sorabe (Ferrand 1891) (Annexe 2).



Figure 11. Photographie d'un Katibo écrivant du Sorabe (Capredon 2009)

Lors d'un séjour à Vohipeno, un instituteur du village Anakara de Vatomasina nous conta que les Anakara venaient d'Israël (certains disent venir d'Égypte) et seraient les descendants de Salomon. Leur ancêtre, Ali-tawarat, serait arrivé vers le XIII^{ème} siècle à Madagascar. Lors d'une des guerres Israélo-romane, les Israéliens perdirent et s'enfuirent dans un autre pays arabe, à Médine. Ils s'installèrent à La Mecque pendant plusieurs années. Ils adoptèrent les coutumes arabes en conservant leurs coutumes israéliennes. La paix revenue, ils embarquèrent à La Mecque vers 1307. Le prophète Ali-Tawarat embarqua avec sa sœur Kazy. Ils passèrent par Diego Suarez et par le Cap d'Ambre. Ils apportèrent des taureaux, la Bible et le Coran ainsi qu'une canne (béquille). Régulièrement le bœuf mugissait, signification qu'Ali-tawarat était le seul à comprendre car il était devin. Il quitta Diego Suarez, mais sa sœur y resta et se maria. Ali-tawarat et les bœufs descendirent vers le sud, jusqu'à Fort Dauphin. Il continua ensuite vers l'ouest à Tulear-Morondava. Il savait que les terres du Menabe étaient très fertiles (toujours du fait qu'il était devin). Mais les bœufs vinrent à mourir et il retourna vers le Matatana. Il se maria avec Rasoalohony et eut trois fils. Le culte des Anakara est le culte de ces trois fils. Ali-tawarat se rendit ensuite dans le nord de Savana, mais du fait de mésententes avec les gens qui y résidaient il décida de se rendre à Lakanoro (Lac nord qui serait un mot israélien d'après cet instituteur) et s'y installa.

Griffin lors de son séjour collecta à peu près les mêmes traditions : lui et son équipe recherchèrent à Lakanoro des traces archéologiques sans succès. Dans son travail de thèse, il ajoute que des conflits avec les Tañala débutèrent mais que les Anakara les subjuguèrent. Les Tañala impressionnés par leur magie choisirent de devenir leurs alliés (Griffin 2009).

Le second groupe est celui des **Antetsimeto** « originaire de Tsimeto ». Ils sont les descendants du devin Andriantsimeto Ranaha qui accompagnait Ramakararo. Ils occupent le village actuel de Savana (Deschamps & Vianes 1959). Il faut noter que d'après Grandidier, les Zafiraminia en arrivant dans la région de la Matitanana rencontrèrent des islamisés de Malindi, les Tsimeto. Ces derniers ont vécu en bon accord avec eux en étant leurs scribes et leurs devins jusqu'à l'arrivée des Anakara et des Anteony. Ces derniers leur apportèrent leur appui et les Tsimeto chassèrent les Zafiraminia vers le Sud où ils se réfugièrent dans l'Anosy et s'établirent au début du XVI^{ème} siècle (Vérin 1972).

Le troisième groupe est celui des **Zafimbolazy** « descendants de Molazy », dont l'ancêtre est Andriaboaziribe. C'est parmi eux qu'étaient choisis les Katibo ou gardiens des manuscrits malgaches Sorabe (Figure 11). Ce sont les Antalaotra à proprement parler (Deschamps & Vianes 1959). Pour Beaujard, les Zafimbolazy, seraient un groupe qui fut déchu du pouvoir politique au XV^{ème} siècle (Beaujard 1991-1992).

Enfin les **Anterotry** « ceux venu de Rotry » descendants de Rekaoky sont les esclaves promus au rang d'Antalaoatra grâce à une action salvatrice sous le règne d'Andriamasy. Ils eurent quelques démêlés avec les Anteony au cours de l'histoire. (Deschamps et Vianes 1959, Rajaonarimanana 1990, Rolland 2007).

Il existe aussi les descendants déchus du fils de Ramakararo considérés comme Antalaoatra et regroupés dans le village de Seranambarry (Deschamps & Vianes 1959).

Ces deux premières anciennes castes étaient aussi appelées Tana-manombily « mains qui égorgent », car elles étaient les seules à avoir le privilège du Sombily, c'est-à-dire l'abattage rituel des animaux.

Les **Ampanabaka** « ceux qui se séparent » ou « ceux qui trompent » ou encore **Fanarivoana** « pourvoyeurs de richesses » sont les roturiers (Figure 12). Ils représentent un groupe hétérogène descendants des marins Cafres de la migration des islamisés, des groupes Anteony ou Antalaoatra déchus de leur statut, des groupes « malgaches » vaincus, ou encore des groupes étrangers « malgaches » venus se placer sous l'autorité d'Ivato (Rolland 2007). Les Sorabes mentionnent que, lors de leur arrivée les islamisés ammenèrent avec eux des Cafres, probablement esclaves ou nouveaux convertis ramassés sur les côtes orientales d'Afrique (Deschamps & Vianes 1959, Rajaonarimanana 1990).



Figure 12. Photographie d'une femme Ampanabaka (Capredon 2009)

Les **Andevo** (ou Velombazaha) sont les descendants des anciens esclaves Cafres venus avec les Islamisés ou des prisonniers de guerre (Deschamps & Vianes 1959, Rajaonarimanana 1990, Rolland 2007).

Les **Antevolo** correspondent aux parias, exclus du système car considérés comme impurs. Tout contact avec eux est prohibé. Leur véritable origine est inconnue. Ce sont peut être les descendants d'une vague de migration antérieure qui auraient été déchus de leurs pouvoirs par les nouveaux arrivants (Deschamps & Vianes 1959, Rajaonarimanana 1990, Rolland 2007). On les retrouverait également sous le nom d'Antemanaza. Or ce terme est présent dans la liste des valotroky c'est-à-dire les huit clans autochtones de la Matitanana qu'on rencontra les arrivants islamisés lors de leur débarquement. On peut émettre l'hypothèse que ces valotroky sont des Zafiraminia et que les Antemanaza furent un groupe qui ne voulant pas adhérer aux traditions des nouveaux venus furent condamnés à l'ostracisme (Rolland 1997). Tsaboto et Beaujard (1996) ont recueilli plusieurs versions

de ces traditions. Les Antemanaza seraient originaires de Malieka. Ils se seraient rendus à Manja, puis à Mananjary dans le sud-est de Madagascar. Ils y auraient séjourné deux mois, avant de descendre jusqu'à Tanatana à 25 km au sud de la Matitanana. Ils restèrent en ce lieu quelque temps avant de remonter vers le nord et de s'installer dans la vallée de la Matitanana. Les Onjatsy seraient arrivés quelque temps après. Avec l'arrivée des Anteony, des conflits éclatèrent. Les Anteony sortirent vainqueurs et bannirent les Antemanaza.

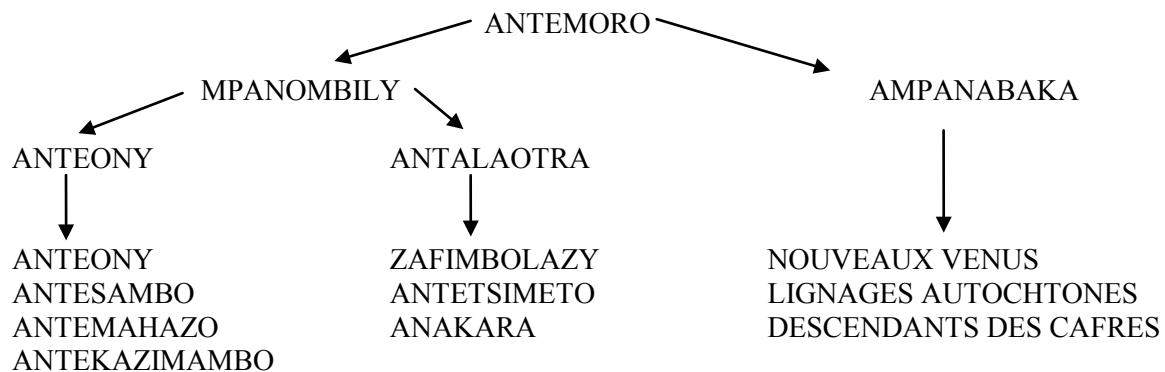


Figure 13. Structure hiérarchique des Antemoro (d'après Rolland 2007).

2- Histoire du Royaume Antemoro

L'histoire raconte que le vrai fondateur du Royaume Antemoro est Ramarohala, arrière-petit-fils de Ramakararo. La royauté est déplacée au village d'Ivato (Figures 14a et b). Ramarohala eût douze fils nés de femmes « malgaches ». Sur les douze lignées, seules quatre ont conservé de l'importance dans les mémoires. Ali-Tawarat n'engendra qu'une lignée celle des Anakara regroupés dans le village de Vatomasina. Le devin Ranaha engendra les Antetsimeto du village de Savana et Andriamboajiribe donna le groupe des Zafimbolazy. Ces trois derniers groupes constituaient l'essentiel des Antalaotra. Aucun lien de parenté n'existerait entre eux (Deschamps & Vianes 1959, Rolland 2007).

Ce Royaume du XVI^{ème} au XIX^{ème} siècle comprenait trois principautés : celle des Anteony sur l'aval de la Matitanana (où se trouve la capitale du Royaume, Ivato) ;



Figures 14a et b. Photographies de la façade du Palais d'Ivato et tableau de l'ancien roi Antemoro Ramahasitrakarivo (Capredon 2009)

celle des Antemahazo sur la moyenne Matitanana et celle des Antesambo dans la vallée de l'Ambahive (Beaujard 1988). Les ancêtres des Antemoro occupèrent d'abord la région côtière entre Mananjary et la Matitanana. Au XVIII^{ème} siècle des tribus roturières des royaumes Antemoro et Antesaka occupèrent les vallées du Faraony et de la Namorona mais l'anarchie sévissant entre les clans, elles firent appel à des princes Anteony. Ainsi commença à se former de petits royaumes tous dépendants du roi Antemoro d'Ivato. Par ailleurs, les devins Antemoro « Ombiasy » ont probablement favorisé l'acculturation et l'assimilation des populations déjà présentes à leur arrivée (Raison Jourde 1983). Vers 1870, les Mérinas installèrent un gouvernement et une garnison à Vohipeno suite à un accord dans lequel les Antemoro acceptaient l'allégeance à la reine Tananarivienne. La région du Mananano se retrouve ainsi sous une double autorité : celle des anciennes seigneuries Anteony et celle des Merina pour l'autorité administrative (Althabe 1984).

Les Ampanabaka comme nous l'avons vu ont une origine récente. Initialement appelés Fañarivoa, ils se révoltèrent contre les nobles Antemoro dans la seconde moitié du XIX^{ème} siècle. C'est la guerre pour l'abattage des bœufs « Ady Sombily » qui marquera la fin du Royaume Antemoro. Les nobles reçurent l'aide de la garnison Merina ce qui entraîna la défaite des roturiers, qui néanmoins n'aboutit pas à une soumission de ces derniers. C'est à la suite de cette guerre, qu'ils prirent le nom d'Ampanabaka qui peut signifier « ceux qui se séparent » ou « ceux qui trompent » (Champion 2004). Au village Ampanabaka d'Ankarimbary à Vohipeno, on nous expliqua que ce terme venait du malgache *Manambaka* et nous fût traduit par « tous égaux » ou encore « crapule » car ils avaient alors pour réputation d'aimer la guerre. En 1937, le conflit ressurgit mais cette fois les Ampanabaka demandent au chef du district de Vohipeno le droit de reconnaître publiquement leurs chefs au même titre que ceux des Anteony. Ce fut le départ d'une nouvelle organisation sociale basée sur des principes égalitaires (Deschamps & Vianes 1959, Rajaonarimanana 1990, Tsaboto 1994, Champion 2004). Ceci fut suivi en 1947 de la révolte anticoloniale. C'est au sud de Manakara que se trouvait le foyer le plus important. Cette révolte voit l'élimination des européens qui étaient installés dans la région de Manakara (Althabe 1984, Reydellet 2000).

3- Traces culturelles arabo-islamiques

L'influence des « arabo-islamisés » semble ne s'être manifestée que dans la tribu des Antemoro (Ferrand 1891). A leur arrivée ces islamisés ont été confrontés à une religion très différente fondée sur le culte aux ancêtres. Le rituel du Sombily, à la différence de celui retrouvé dans une ethnie voisine les Tañala, est empreint de références islamiques (Beaujard 2003). Une autre différence marquante avec cette ethnie est la place de la femme qui est effacée dans la société Antemoro. Au XVII^{ème} siècle, le voyageur Cauche observe que ces groupes du sud-est ne travaillent pas le vendredi,

ne mangent pas d'animaux qui n'ont été au préalable saignés et ne pratiquent aucune cérémonie sans avoir été lavés. Par la suite le gouverneur Flacourt rapporte dans ces populations la présence de l'enseignement du Coran, l'abstinence de porc pour l'aristocratie et le jeûne pendant la période du Ramadan (Beaujard 2003, Flacourt [1661], 2007).

Le malgache est une langue austronésienne de la branche du Barito oriental. On note d'une façon générale des emprunts d'origine arabe ou swahilie. Vérin propose qu'il y a eu deux foyers pour ces emprunts : l'un venu du nord-ouest de la Grande Ile pour le vocabulaire pratique et profane du fait des comptoirs commerciaux, et l'autre venu du sud-est pour le vocabulaire magico-religieux (Deschamps & Vianes 1959, Dez 1967). Le dialecte parlé en pays Antemoro est une langue malgache qui se différencie peu des dialectes voisins (Adelaar 2009). Si l'origine des populations islamisées était strictement l'Arabie, leur langue n'aurait été que l'Arabe. Actuellement on sait qu'un parler arabe à subsisté chez les Antalaotra-Anakara. On retrouve chez les Antemoro des manuscrits dits manuscrits Sorabe qui ont la particularité d'être rédigés en malgache avec des caractères arabes (Figure 15).



Figure 15. Papier malgache, Sorabe, Madagascar, XVII^{ème} siècle. (BNF, Manuscrits orientaux, malayo-polynésien 23)

Ces anciens Sorabe sont écrits sur « papier Antemoro », la couverture du livre est en peau de zébu. Ces manuscrits sont, pour les plus estimés d'entre eux, des recueils magico-religieux dont le plus ancien actuellement connu date du XVI^{ème} siècle, et les plus rares traitent de la tradition et de l'histoire des Antemoro depuis leur arrivée à Madagascar. La plupart ont été recopiés au XX^{ème} siècle (Beaujard 1988). Dahl mentionne un Sorabe révélant l'évolution du dialecte Antemoro impliquant trois migrations dans cette région. L'une vers le milieu du XII^{ème} siècle, l'autre vers le début du XIV^{ème} et une dernière vers le dernier quart du XV^{ème} siècle (Rajaonarimanana 1990). Comme nous l'avons vu, les populations islamisées ne sont pas nécessairement Arabes dans leur majorité. Les auteurs qui ont étudié ces manuscrits Sorabes ont pu constater qu'il y a eu une adaptation de l'alphabet arabe pour transcrire certains phonèmes malgaches (Dez 1967). On peut également imaginer que ce parler Anakara une fois coupé de son foyer original, connut une « malgachisation » (Deschamps & Vianes 1959). En réalité Beaujard a noté que les manuscrits Sorabe sont rédigés en trois types de langages : un arabe plus ou moins déformé appelé écriture blanche « sora-potsy », un malgache Antemoro ancien

ou récent en fonction de la date à laquelle le manuscrit fut rédigé et enfin un pidgin arabo-Antemoro appelé « kalamo tetsitetsy ». Dans le « kalamo tetsitetsy », la syntaxe est malgache et l'étymologie des mots est pour les trois quart d'entre eux arabe non passés par un relais swahili (Ferrand 1891, Beaujard 1988). On trouve quelques vocables swahilis et persans et des néologismes formés à partir du malgache. On y distingue deux niveaux : un courant et l'autre plus connu des scribes les plus instruits. Ces types de langages sont utilisés de façon ordonnée dans les manuscrits (Beaujard 1988). Pour Deschamps et Vianes, les mots Anakara sont plus proches de l'arabe pur que d'un parler passé par un relais comoriens ou swahili. Ceci permettrait d'envisager une arrivée directe depuis un pays de langue arabe tel que le Yémen ou le golfe Persique (Deschamps & Vianes 1959). On pourrait se demander si des manuscrits anciens sorabes pourraient exister écrits en arabe. Aucun ne fut pour le moment découvert. Néanmoins ce parler ayant été pendant longtemps tenu secret, il est possible que ces écrits soient encore gardés confidentiels.

4- Structure des villages

Le groupe socio-politique fondamental chez les Antemoro est le clan. L'organisation sociale malgache est patrilocale et a une parenté à dominante patrilinéaire. Le lignage patrilinéaire est appelé *fatrange* et est exogame (Deschamps & Vianes 1959, Rolland 2007). Seuls les chefs de clan religieux Anakara se seraient pendant longtemps astreints à une endogamie plus stricte ce qui leur auraient permis une meilleure conservation du « parler arabe » (Deschamps & Vianes 1959).

Chaque village possède son chef *Mpanzaka*. La société est subdivisée en *troky* eux-mêmes répartis en *traño-be* ("grande maison") ou clan. Chaque clan en effet possède une *traño-be*, qui est une habitation de plus grande dimension que celles retrouvées habituellement et qui peut être un lieu de rassemblement ou de culte (Champion 2004). En général sur la place centrale du village, sont retrouvées des pierres fixées au sol (Figure 16). Elles sont le symbole des ancêtres, et représentent les clans fondateurs. Chez le groupe Ampanabaka du village d'Ambila, de part et d'autre de trois pierres centrales sont fixés deux poteaux d'inégale hauteur, où l'on suspend la bosse du zébu sacrifié. L'un représente le sacré l'autre le guerrier (Champion 2004).



Figure 16. Photographie des trois pierres et de deux poteaux de fondation au village d'Ambila – Manakara (Champion <http://anthropologie.univ-reunion.fr>)

III- Contexte anthropobiologique à Madagascar

A- Génétique des populations et marqueurs moléculaires

L'ADN pour Acide DésoxyriboNucléique, est constitué d'un groupement phosphate, lié à un sucre et a une base azotée (ou nucléotide). Cette dernière peut appartenir au groupe des purines : ce sont les adénines (A) et guanines (G), ou au groupe des pyrimidines : ce sont alors les thymines (T) et cytosines (C). La succession de ces nucléotides, reliés entre eux par des liaisons phosphodiester, va constituer le message génétique héréditaire porté par les gènes. Il se répartit sur vingt-trois paires de cet assemblage, les chromosomes. Ils se présentent sous la forme d'une double hélice d'ADN mise en évidence par Watson et Crick en 1953. Cette molécule est constituée de deux brins complémentaires. Cette complémentarité vient du fait que les purines vont s'associer aux pyrimidines en formant deux liaisons hydrogènes dans le cas A-T et trois liaisons pour G-C.

On distingue le génome nucléaire c'est-à-dire contenu dans le noyau et l'ADN mitochondrial contenu dans les mitochondries. Le génome nucléaire humain est constitué de 3,2 milliard de paires de bases (pb). Une partie minimale de ce génome code pour les protéines qui permettront le développement, le fonctionnement, le maintien de l'intégrité et la reproduction des cellules et de l'organisme. Le reste du génome correspond à la partie non-codante : aux introns et régions intergéniques. Lors de la division cellulaire, la molécule d'ADN mère est répliquée à l'identique en molécule d'ADN fille. Parfois, apparaissent des modifications de certains nucléotides qui peuvent être des insertions, des délétions ou des substitutions d'un nucléotide par un autre ou encore être provoquées par des recombinaisons génétiques. Ces mutations qui ne sont pour la majorité pas pathogènes permettront de définir le polymorphisme des êtres vivants. Ces mutations peuvent être ponctuelles, ce sont les *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs) et les *Indel* (insertions et délétions) et constituent un polymorphisme de type biallélique. Il peut y avoir aussi des polymorphismes

multialléliques, tels que les microsatellites (*Short Tandem Repeat*, STR), séquences plus ou moins longues, de quelques bases à plusieurs centaines, dont le nombre de répétitions peut varier au sein d'une paire de chromosomes (hétérozygoties) ainsi que d'un individu à l'autre.

1- Les immunoglobulines G

C'est en 1900 qu'est découvert le premier système de groupe sanguin, le système ABO par Karl Landsteiner. Cette découverte marqua le début des études en immunologie appliquées à la recherche de la variabilité génétique des populations humaines. Les molécules impliquées dans les réponses immunologiques se révélèrent très informatives en particulier, le système des immunoglobulines G (Sanchez-Mazas *et al.* 2011). Les immunoglobulines G (IgG) sont des anticorps constitués de quatre chaînes polypeptidiques (deux lourdes et deux légères), sur lesquelles on définit des domaines : l'un constant, et l'autre variable situés à l'extrémité des « bras » (Figure 17). Les parties variables lourdes et légères vont former un site de reconnaissance de l'antigène pouvant fixer différents types de pathogènes (bactéries, virus). Ces IgG ont une transmission biparentale.

Oudin introduit le terme « allotype » en 1956 (Oudin 1956). Il définit les allotypes comme des déterminants antigéniques présents chez certains individus d'une même espèce. Ils sont localisés sur les chaînes lourdes des immunoglobulines. Le système Gm est défini sur trois des quatre sous-classes d'IgG : IgG1, IgG2 et IgG3. Il comprend au total dix-huit allotypes situés sur les différents domaines constants des chaînes gamma de trois sous classes : les IgG1 : G1m(1,2,3,17), les IgG2 : G2m(23) et les IgG3 : G3m(5,6,10,11,13,14,15,16,21,24,26,27,28) (Lefranc et Lefranc 1990, Dard 2001). Les gènes qui codent pour les chaînes lourdes des IgG sont localisés sur la partie télomérique du chromosome 14 (bande 14q32.3). Les allotypes Gm actuellement définis sur les domaines CH1 et CH3 des IgG1, CH2 des IgG2 et CH2 et CH3 des IgG3 ne sont pas hérités au hasard mais selon des combinaisons alléliques fixes que l'on appelle des haplotypes. Leurs fréquences varient entre différentes régions géographiques, ce qui permet d'étudier les relations génétiques entre les populations (Steinberg et Cook 1981, Dugoujon *et al.* 2004). Néanmoins, l'analyse du système Gm a quelques limites. Il ne fournit qu'une description générale de la variation moléculaire, et la proportion de la variation génétique entre les régions est probablement surestimée du fait que l'estimation est basée sur une approche parcimonieuse considérant le nombre minimum d'haplotypes déduit des distributions phénotypiques (Sanchez-Mazas *et al.* 2011).

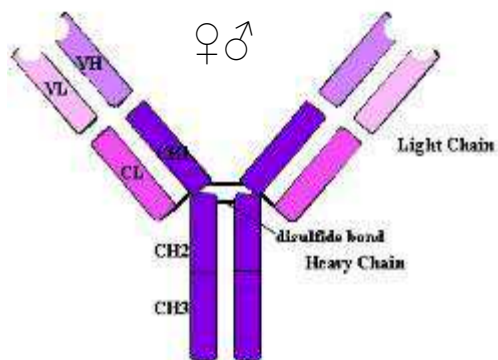


Figure 17. Schéma de la structure d'une immunoglobuline G.

2- Le chromosome Y

Le chromosome Y est composé d'environ 58 millions de paires de bases et n'est présent qu'en un seul exemplaire (haploïde) chez l'homme, ce qui le préserve des phénomènes de recombinaison. Il contient le gène sexe-spécifique SRY. En réalité, on distingue 2 parties. L'une au niveau des télomères aux extrémités du bras et qui sont des régions pseudo-autosoamales PAR1 et PAR2, régions communes avec le chromosome X et qui par conséquent peuvent se recombiner (Figure 18). L'autre est une région dite NRY (Non-recombining Region of Y chromosome) et constitue la grande majorité du chromosome Y. Les mutations qui s'y accumulent seront transmises d'un père à ses fils.

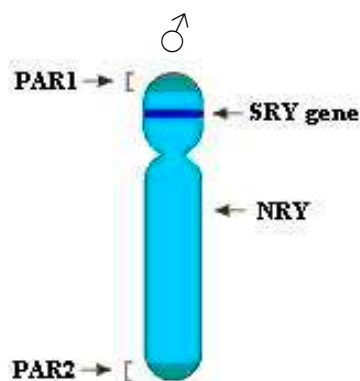


Figure 18. Schéma du chromosome Y

Ces régions sont très riches en microsatellites (*Y Short Tandem Repeat* ou STR-Y), répétitions courtes de 2 à 6 paires de bases (pb). Les STR ont un taux d'évolution élevé ; ils sont hérités en blocs par la génération suivante et permettent de définir des haplotypes. On y associera l'étude de polymorphismes bialléliques (SNPs) « diagnostiques » à évolution plus lente. Dans le cas du NRY ces événements mutationnels sont uniques et majoritairement non récurrents (UEPs ou Unique Event Polymorphisms). Cela permet d'affilier des haplotypes homologues dans un haplogroupe donné spécifique d'une région géographique (Karafet *et al.* 2008). Les haplogroupes sont désignés par une succession de lettres et de chiffres. La comparaison de leurs fréquences permettra de comparer différents groupes humains et de retracer les mouvements de populations (Jobling *et al.* 2004) (Figure 19).

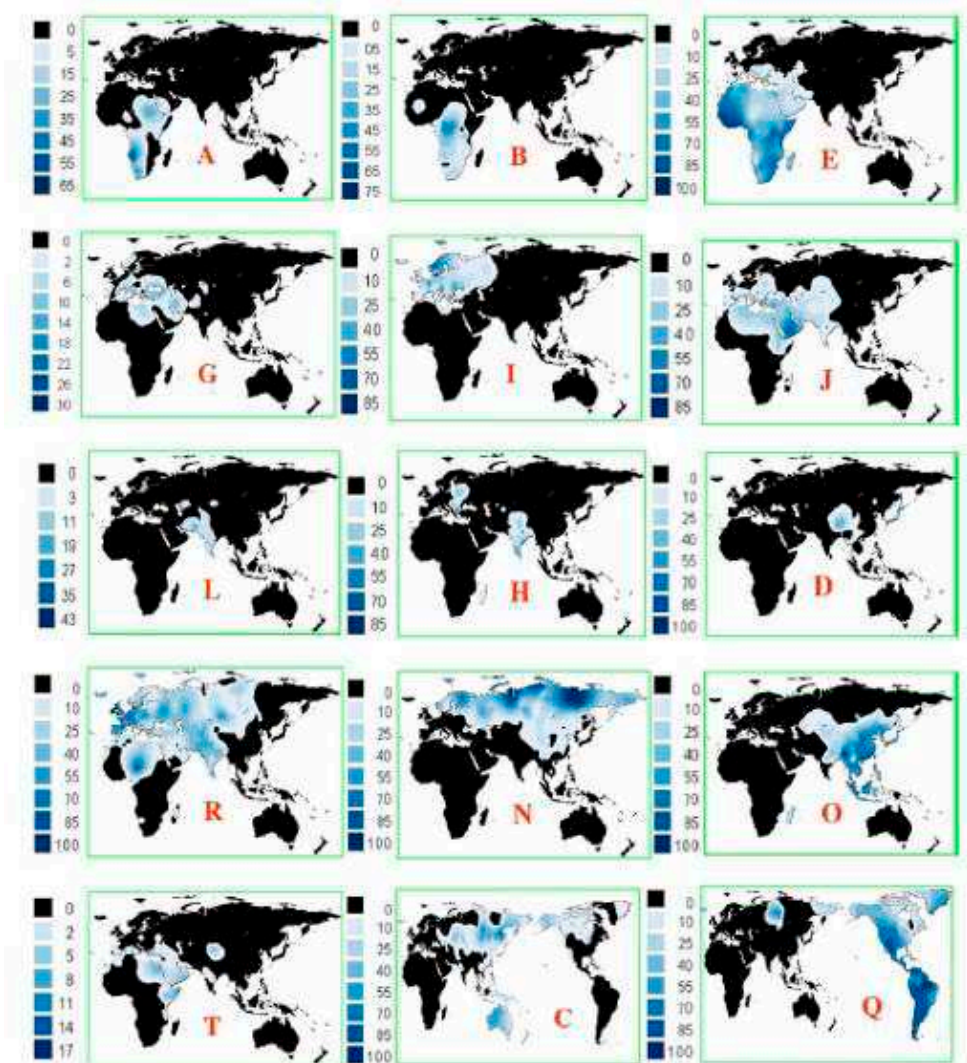


Figure 19. Répartition des haplogroupes du chromosome Y d'après Chiaroni *et al.* 2009.

3- L'ADN mitochondrial

L'ADN mitochondrial (ADNmt) est un petit ADN de 16569pb, circulaire et double brin (Anderson *et al.* 1981, Andrew *et al.* 1999). Il est retrouvé dans les mitochondries, organites cellulaires responsables de la respiration cellulaire. L'ADNmt est présent en de nombreuses copies dans la cellule, ce qui rend sa détection plus facile. De plus, grâce à sa « coque », il est plus résistant au temps et aux conditions du milieu que l'ADN nucléaire. 94% de cette molécule sont constitués de régions codantes pour des ARN ribosomaux et pour des protéines impliquées dans la phosphorylation oxydative. Le reste constitue la région contrôle appelée la D-Loop (de la position 16024 à 576) (Figure 20). Cette région est non codante et va jouer un rôle dans l'initiation de la régulation et la réplication de l'ADNmt. On distingue trois régions non codantes hypervariables HVI (16024-16365), HVII (73-340) et HVIII (438-576) qui vont accumuler un haut degré de polymorphisme. Pour comparaison, son

taux de mutation est dix fois plus important que celui de l'ADN nucléaire. Les mutations SNPs et *indel* d'une même région du génome sont transmises en bloc d'une mère à ces descendants.

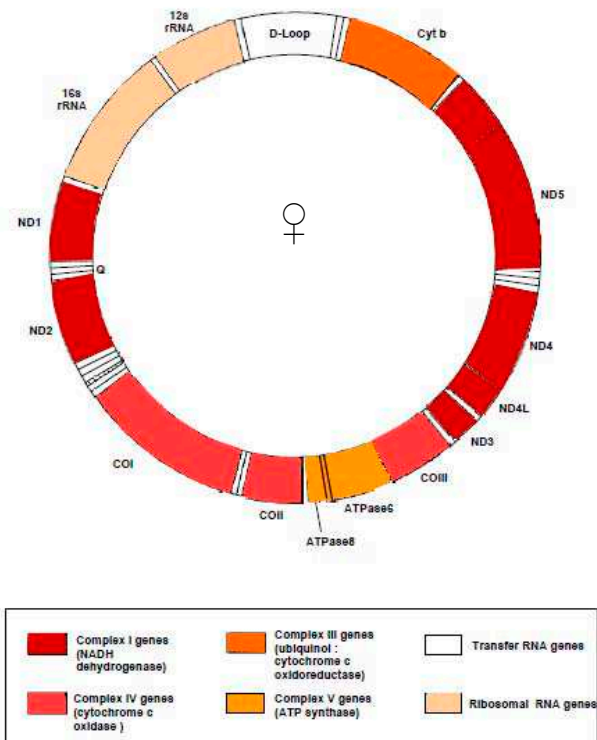


Figure 20. Schéma de l'ADN mitochondrial (d'après <http://www.mitomap.org/MITOMAP/mitomagenome.pdf>)

La combinaison de ces polymorphismes permettra de déterminer des haplotypes qui pourront être regroupés en haplogroupes sur la base de mutations spécifiques (Figure 21).

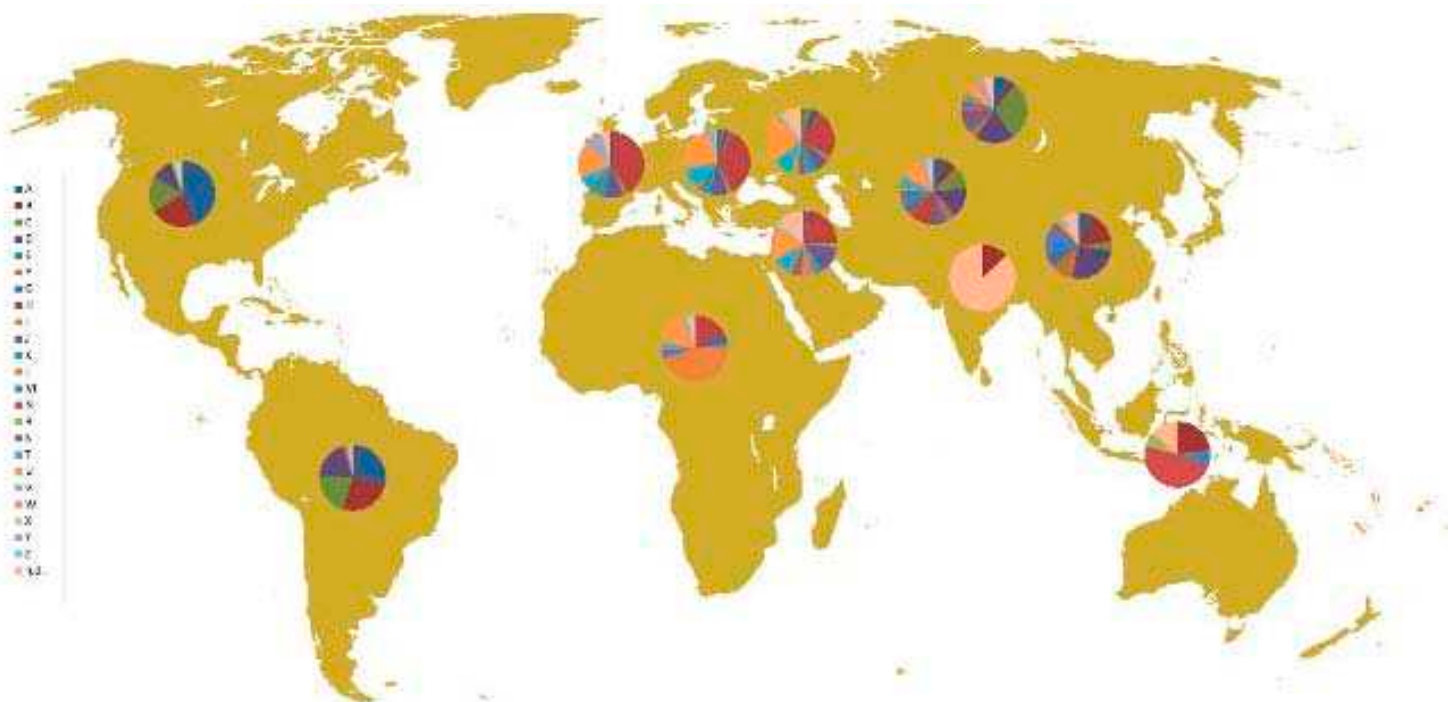


Figure 21. Fréquences des haplogroupes mitochondriaux dans les différentes régions géographiques (Brucato non publié)

L'analyse combinée de ces deux marqueurs génétiques (NRY et ADNmt), apporte des informations complémentaires et permet de mieux appréhender l'histoire démographique globale.

B- Etat de la recherche anthropobiologique à Madagascar

Les études en génétique des populations ont notablement progressé, tant en matière de recherche fondamentale qu'en matière de recherche appliquée. Toutefois le peuplement de nombreuses régions du monde et la détermination de facteurs de risques génétiques de populations face à certaines maladies, par exemple le paludisme à Madagascar, restent inconnues. C'est pour répondre à ces questions que les anthropologues recherchent des « cas d'école », avec une délimitation fine des populations et la constitution d'une collection d'échantillons biologiques.

Des les premières études anthropobiologiques, la double composante génétique des malgaches fut mise en évidence. On peut citer les travaux de Migot *et al.* en 1995 sur les anticorps impliqués dans la réponse immunitaire à *Plasmodium falciparum*, et ceux d'Hewitt *et al.* (1996) sur l'analyse des *beta-globulines* qui mettent en évidence les contributions africaines et du Sud-Est asiatique dans les populations malgaches, confirmant ainsi les données historiques et culturelles. A la même époque, Soodyall à travers le « motif polynésien » suggère qu'une partie des malgaches avait une origine polynésienne ce qui entraine en contradiction avec les données historiques et socio-culturelles (Soodyall *et al.* 1995). Les études de Hurles *et al.* (2005) sur les populations des Hautes Terres (Bezanozano, Betsileo, Merina, and Sihanaka) puis de Tofanelli *et al.* (2009) sur celles majoritairement du sud et sud-est de l'Ile (Antanosy, Antandroy, Antesaka et Merina) confirment cette double contribution aussi bien dans les lignées maternelles que paternelles. Ce dernier souligne néanmoins la présence dans les lignées paternelles de contributions Eurasiatiques, du continent Indien, de la Corne de l'Afrique ou de l'Arabie qu'il estime à environ 11% dans les Hautes Terres et à 4% chez les côtiers mais avec des fréquences qui varient au sein de ces derniers car uniquement retrouvées dans le groupe des Antanosy. Notons que d'après la tradition, la migration de Raminia est à l'origine des Antambahoaka, et de la caste noble des Antanosy de Fort Dauphin (Ferrand 1891, Deschamps 1972). Dubut *et al.* (2009), soulignent une trace possible d'origine ouest-urasienne dans les lignées maternelle à travers la définition de l'haplogroupe M23 en faible fréquence. Les travaux de Razafindrazaka et Ricaut sur les populations Vezo (groupes de pêcheurs) et Mikea (groupes de chasseurs-cueilleurs), de la côte sud-ouest malgache montrent que même si chaque groupe ethnique possède une diversité culturelle qui lui est propre les différences génétiques sont faibles. Les échanges intra Madagascar ont dû être nombreux et se faire sur « un substrat ancien déjà très mélangé ». Ils mettent en évidence à l'intérieur du motif polynésien de l'ADNmt un motif « malgache » (Razafindrazaka *et al.* 2009).

Concernant l'ethnie des Antemoro, des analyses hémotypologiques (groupes érythrocytaires, allotypes Gm des IgG, protéines sériques, enzymes du sang) ont été réalisées par Soloarivony (1985), lors de son travail de thèse. Elles mettent en avant une identité biologique commune avec les populations africaines et sud-est asiatiques. A cela, la présence de la forme Pi^S de l'alpha1-antitrypsine, ainsi que la présence de l'allèle C de la phosphatase acide (PAC) témoignent d'apports autres que ceux de l'Afrique et de l'Asie du sud-est. La forme Pi^S, caractéristique des populations européennes, peut matérialiser les fondateurs « arabes ». Néanmoins si influences arabe ou indienne il y a, elles sont très marginales même chez le groupe des Onjatsy qui pourtant se serait astreint pendant longtemps à une certaine endogamie. Il ne rejette pas non plus l'hypothèse que ces islamisés seraient en réalité des indonésiens musulmans.

IV-Etude préliminaire

Les échantillons récoltés par Soloarivony (1985), lors de sa thèse au laboratoire AMIS de Toulouse étant toujours disponibles, une analyse de la diversité génétique des allotypes Gm de ces populations du sud-est malgache a été réalisée. De nos jours nous avons accumulé de nombreuses données sur ces polymorphismes et leurs fréquences dans les diverses régions géographiques permettant d'affiner les recherches en anthropobiologie.

A- Analyse du système Gm de trois populations du sud de Madagascar

Les Antemoro revendiquent une origine Arabe, et se rattache à La Mecque. Aujourd'hui, leurs origines sont très controversées et n'ont pas été résolues. La référence à la Mecque pourrait ne pas être en rapport avec une localisation géographique, mais avec à une identité musulmane (annotations Allibert dans Flacourt [1661], 2007). Beaucoup d'hypothèses contradictoires existent, reliant ce groupe soit à l'Arabie Saoudite pour une minorité d'entre eux, à l'Afrique de l'Est ou l'Asie du Sud-Est (Ferrand 1891, Grandidier 1971, Rolland 2007).

Comme précédemment évoqué, les allotypes Gm sont des marqueurs permettant d'étudier la structure génétique des populations humaines pour reconstituer l'histoire de leurs migrations (Sanchez-Mazas & Pellegrini 1990, Dugoujon *et al.* 2004, Schanfield *et al.* 2008, Sanchez-Mazas *et al.* 2011). A partir des données sur les allotypes Gm obtenues par François-Xavier Soloarivony, une nouvelle analyse a été effectuée (estimation de la fréquence des haplotypes Gm et comparaison avec une base de données plus riche). Nous avons défini la structure génétique des Antemoro et l'avons comparée non seulement à des populations malgaches mais aussi à d'autres issues de diverses régions géographiques qui auraient pu avoir un impact sur la diversité observée.

Dans cette étude, notre objectif est de voir si les Antemoro présentent un profil génétique Gm particulier qui les différencierait des autres populations malgaches, et si ce profil génétique révèle des traces significatives de migrations arabes. Les résultats obtenus ont été comparés à de nouvelles données provenant de deux autres populations malgaches de la côte sud-ouest et à une importante base de données de fréquences d'haplotypes Gm, enrichie par les dernières publications, avec en particulier l'inclusion de données sur les populations Comoriennes issues du laboratoire AMIS.

1- Matériels et méthodes

a- Populations

La côte sud-est de Madagascar

Les échantillons de sang analysés ont été prélevés sur 85 personnes provenant du « pays Antemoro ». L'échantillon était composé principalement d'individus Antemoro, mais il était manifeste que certains individus pouvaient être identifiés comme Onjatsy ou Antañala. Les Onjatsy avaient une place importante dans la société Antemoro et semblent avoir joué un rôle d'intermédiaire entre les ancêtres des Antemoro et les populations malgaches déjà présentes à l'arrivée des migrants (Deschamps & Vianes 1959). Les Antañala sont un groupe ethnique composite et un petit pourcentage d'entre eux auraient de par leur ancêtre paternel une origine Antemoro (Beaujard 1991-1992).

La côte Sud-ouest de Madagascar

Des preuves d'occupations humaines précoces ont été retrouvées sur la côte sud-ouest de Madagascar avec des traces de découpes faites avec des outils en fer et de chasse datant du début de notre ère (Beaujard 2003). L'échantillonnage dans cette région, a été réalisé dans le nord et le sud du fleuve de Fihereña par Harilanto Razafindrazaka entre 2007 et 2008. Il s'appuie sur l'hypothèse d'un axe nord-sud des mouvements de population à l'origine du peuplement de cette région. C'est-à-dire, le long de la côte Nord Fihereña qui semble être influencée par une migration venant du Nord et se dirigeant vers le Sud, et le long de la côte Sud Fihereña, elle, influencée par une migration venant du Sud et se dirigeant vers le Nord (Marikandia 2001, Razafindrazaka 2010).

Les Comores

Les Comores ont été historiquement considérées comme un mélange de trois influences : d'Afrique (Bantous), d'Asie du Sud-Est, et Arabes de par les commerçants provenant de la Péninsule Arabique et de Chiraz (Chiaroni *et al.* 2004, Msaidie *et al.* 2011). L'échantillonnage d'une population comorienne (N = 171) a été réalisé par Jacques Chiaroni du Laboratoire d'Anthropologie bio-culturelle à Marseille (France). Les individus prélevés n'étaient pas apparentés, leur langue maternelle était le comorien et leurs parents et quatre grands-parents venaient de La Grande Comore.

Dans le but d'élargir la base de données de la région ouest de l'océan Indien, ces dernières données ont été ajoutées aux données publiées sur les fréquences des haplotypes Gm pour les populations originaires d'Afrique, du Moyen-Orient, d'Inde, d'Océanie, d'Asie du Sud-Est et d'Europe. L'ensemble des données comprend 185 populations (Annexe 25).

b- Analyses biologiques

Le typage des allotypes Gm a été réalisé sur les sérums par la technique classique de l'inhibition de l'hémagglutination (Dugoujon *et al.* 1989, Field & Dugoujon 1989). La réaction d'hémagglutination repose sur la complémentarité anticorps et antigènes. Le sérum à tester est mis en contact avec l'anticorps spécifique de l'allotype recherché. S'il y a reconnaissance antigène-anticorps, ces derniers viendront se fixer. Dans un deuxième temps, sont ajoutées des hématies recouvertes par les antigènes spécifiques de l'anti-allotype. S'il n'y a pas d'inhibition des anti-allotypes par l'allotype contenu dans le sérum à tester, ils se fixeront sur les allotypes (antigènes) revêtus sur les hématies. Il y aura formation d'une agglutination visible à l'œil nu (agrégation de globules rouges). Ceci signifiera que le sérum testé ne possédait pas les antigènes complémentaires et par conséquent l'allotype recherché. A l'inverse l'absence d'agglutination indiquera une réaction positive (présence de l'allotype recherché).

Tous les individus ont été typés pour les allotypes G1m (1,2,3,17), G2m (23), G3m (5,6,10,11,13,14,15,16,21,24), G1/3m (28) au laboratoire AMIS de Toulouse.

c- Analyses statistiques

Le calcul de la diversité génétique intra-populationnelle (Nei 1987) a été réalisé à l'aide du logiciel Arlequin v3.5.1.2 (Excoffier *et al.* 2005). Les indices F_{ST} (Wright 1950) ont été calculés par paire de populations, entre les Antemoro et les populations de la base de données, afin de déterminer le niveau de différenciation génétique.

L'indice F_{ST} est directement lié à la variance de la fréquence d'un allèle dans les populations. Si l'indice F_{ST} est petit, cela signifie que la fréquence des allèles au sein de chaque population est similaire; si elle est importante, cela signifie que la fréquence des allèles est différente (Holsinger & Weir 2009). L'indice F_{ST} varie entre 0 (absence totale de différenciation, flux génétiques maintenu entre la population mère et la population fille) et 1 (populations complètement différenciées, la population fille a connu une forte dérive génétique). D'après Wright, un niveau de différenciation est considéré comme faible lorsque l'indice F_{ST} est compris entre 0 et 0,05 ; il est modéré lorsque compris

entre 0,05 et 0,15, important entre 0,15 et 0,25 et très important lorsqu'il est supérieur à 0,25. Par exemple, un F_{ST} de 0.15 signifie que 15% de l'ensemble des fréquences alléliques est trouvée entre les populations considérées (Jobling *et al.* 2004).

La présence ou l'absence de l'allotype G2m (23) et G1/3m (28) n'a pas été prise en compte dans le choix des haplotypes utilisés, car cette information était généralement absente dans les populations constituant la base de données. Une analyse MDS (MultiDimensionnel Scaling) a été réalisée avec XLStats V.7 pour visualiser les résultats observés dans les différents groupes géographiques. Nous avons défini onze groupes: Afrique Australe, Afrique de l'Ouest, l'Afrique du Nord, la Corne de l'Afrique, le Moyen-Orient, l'Inde, l'Europe, les régions d'Asie du Sud-Est, les populations de langues austronésiennes en Océanie, les populations de langues non austronésiennes de Nouvelle-Guinée et les populations de langues non-austronésiennes de Micronésie et Mélanésie.

Un test de métissage a été effectué avec le logiciel Admix2.0 (estimateur mY) (Bertorelle & Excoffier 1998, Dupanloup & Bertorelle 2001) pour déterminer les contributions des différentes populations parentales au pool génétique de notre groupe Antemoro. Les populations parentales ont été établies à partir des fréquences haplotypiques observées dans une même zone géographique. Elles ont été sélectionnées en tenant compte des hypothèses historiques. Ainsi, sept populations parentales ont été retenues: l'Afrique Australe (Afr.S), la Corne de l'Afrique (Corne Afr.), l'Afrique du Nord (Afr.N), l'Inde, le Moyen-Orient (ME), l'Asie du Sud-Est (SEA) et les populations de langue austronésienne d'Océanie (AS).

Ce regroupement géographique a été validé par une analyse AMOVA. Les analyses AMOVA (Analysis of MOlecular VAriance) sont utilisées pour décrire les sources de variations intra et intergroupes et tester une structure génétique particulière, des groupements de populations que l'on souhaite définir pour nos analyses. Trois indices de fixation sont obtenus : F_{ST} , F_{CT} et F_{SC} (Excoffier *et al.* 2005). L'indice F_{CT} indique la diversité génétique entre groupes. L'indice F_{ST} indique la variance des haplotypes des populations au sein des groupes, enfin l'indice F_{SC} définit la diversité génétique entre populations dans les groupes. Si le F_{CT} est significativement supérieur au F_{SC} on considère qu'il y a une structuration entre nos groupes. Ce test a été réalisé pour définir les populations parentales en vue d'estimer le métissage.

De plus, les taux de métissage ont aussi été estimés par la méthode de Bernstein (BH) par comptage direct (Cavalli-Sforza & Bodmer 1971, Schanfield *et al.* 2008). Les groupes parentaux ont été représentés par les haplotypes les plus fréquents généralement observés dans ces populations. La composante européenne a été représentée par les haplotypes Gm5*;3;23 et Gm5*;3;, la composante

asiatique par Gm21,28; 1,17;..., Gm21,28; 1,2,17;..., Gm5*; 1,3; 23 et Gm5*;1,3;.. et la contribution africaine par les haplotypes Gm5,6,10,11,14; 1,17; .. (+Gm28), Gm5,6,10,11,14; 1,17; .., Gm5, 6,11,24; 1,17; ..(+ Gm28), Gm5,6,11,24;1,17;..., Gm10,11,13,15;1,17;..., Gm5*;1,17, .. et Gm5*;1,17;..(+ Gm28).

2- Résultats

Les données phénotypiques et haplotypiques sont présentées dans les tableaux 1 et 2. Les trois populations malgaches sont à l'équilibre de Hardy-Weinberg. Les populations Antemoro, du Nord de Fihereña et du Sud de Fihereña, révèlent une composition haplotypique similaire (Figure 22 et tableau 2).

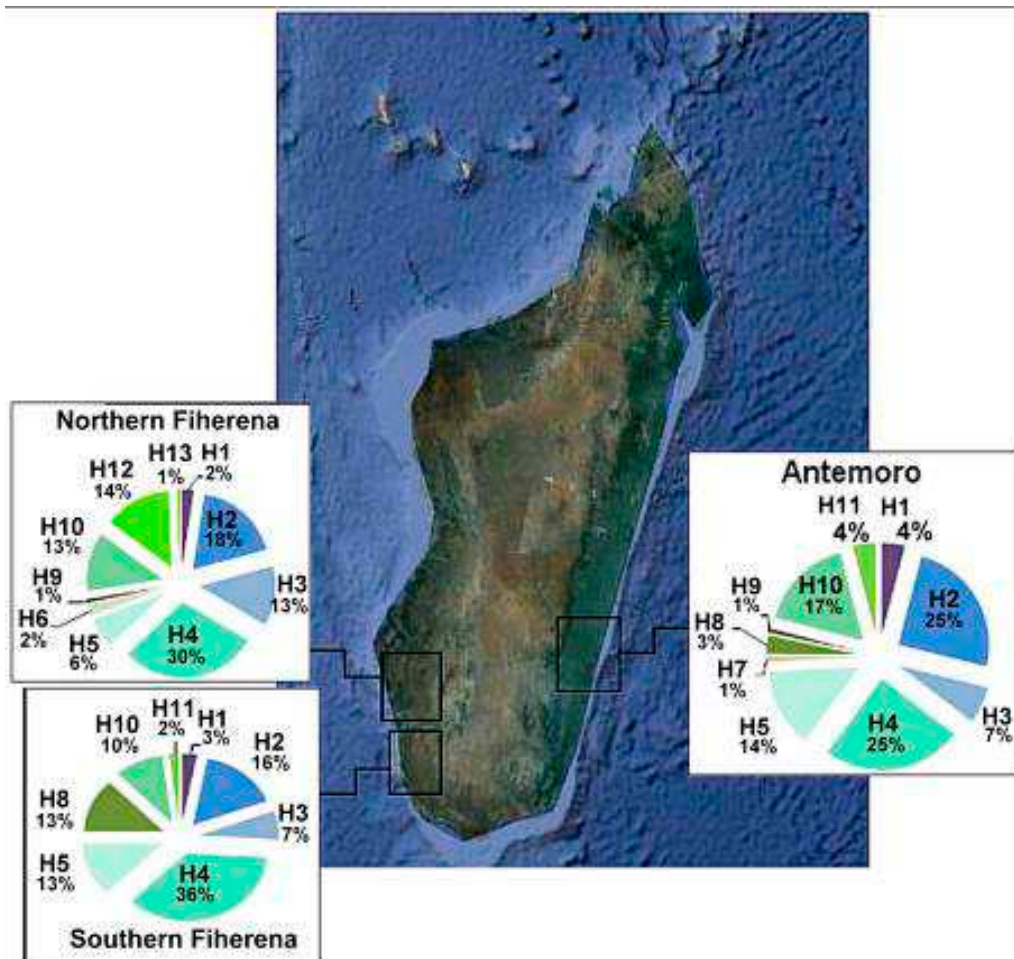


Figure 22. Fréquences haplotypiques Gm dans les trois populations Malgaches et leur localisation.

H1: Gm21,28;1,17;...; H2: Gm5*;1,3;23; H3: Gm5*;1,3;...; H4: Gm5*;1,17;...;
H5: Gm5*;1,17;..(+Gm28); H6: Gm10,11,13,15;1,17;..(+Gm28);
H7: Gm5,6,10,11,14;1,17;..(+Gm28); H8: Gm5,6,10,11,14;1,17;...;
H9: Gm5,6,11,24;1,17;..(+Gm28); H10: Gm5,6,11,24;1,17;...; H11: Gm10,11,13,15;1,17;...;
H12: Gm5*,6;1,17;.. and H13: Gm5*,15;1,17;...

Tableau 1. Distribution des phénotypes Gm dans les trois populations malgaches échantillonnées

Phénotypes Gm G3m; G1m;G2m	Antemoro (N=85)		Northern Fihereña (N=82)		Southern Fihereña (N=50)	
	Observed	Expected	Observed	Expected	Observed	Expected
5* ;1,17 ;..	8	5,21	9	7,14	9	6,63
5* ;1,17 ;.. (+Gm28)	6	7,0	4	3,36	4	5,38
5* ;6,24 ;1,17 ;..	4	7,09	13	9,03	5	3,64
5* ;6 ;1,17 ;..	1	1,34	5	8,53	6	4,73
5* ;15 ;1,17 ;..	0	1,73	0	0,32	0	0,73
5* ;6,24 ;1,17 ;.. (+Gm28)	3	4,56	1	1,97	1	1,26
5* ;21 ;1,17 ;.. (+Gm28)	3	2,72	0	1,43	0	1,47
5* ;1,3,17 ;23	11	10,38	9	8,88	3	5,89
5* ;1,3,17 ;..	3	2,74	4	6,17	1	2,49
5* ;6 ;1,17 ;.. (+Gm28)	1	1,37	3	1,46	3	1,64
5* ;15 ;1,17 ;.. (+Gm28)	3	0,98	1	1,51	1	0,25
5* ;1,3,17 ;23 (+Gm28)	8	5,90	2	1,89	2	2,04
5* ;1,3,17 ;.. (+Gm28)	1	1,56	0	1,31	1	0,86
5,6,11,24 ;1,17 ;..	4	2,41	0	1,30	1	0,50
5,6,10,11,14,24 ;1,17 ;..	1	0,91	–	–	0	1,30
5,6,10,11,13,15,24 ;1,17 ;..	1	1,18	–	–	0	0,20
5,6,11,24 ;1,17 ;.. (+Gm28)	1	0,24	0	0,17	–	–
5,6,11,21,24 ;1,17 ;.. (+Gm28)	0	1,24	0	0,54	0	0,30
5* ;6,24 ;1,3,17 ;23	9	7,06	5	3,79	1	1,62
5* ;6,24 ;1,3,17 ;..	2	1,86	2	2,63	1	0,68
5,6,10,11,14 ;1,17 ;..	0	0,09	–	–	0	0,85
5* ;6,15 ;1,17 ;..	0	0,22	0	0,15	1	0,26
5,6,10,11,14,24 ;1,17 ;.. (+Gm28)	0	0,32	–	–	–	–
5,6,10,11,14,21 ;1,17 ;.. (+Gm28)	0	0,29	–	–	0	0,39
5* ;6 ;1,3,17 ;23	2	1,34	4	4,27	1	2,10
5* ;6 ;1,3,17 ;..	0	0,35	4	2,97	2	0,89
10,11,13,15 ;1,17 ;..	1	0,14	–	–	0	0,02
5,6,10,11,13,15,24 ;1,17 ;.. (+Gm28)	0	0,06	0	0,53	–	–
10,11,13,15,21 ;1,17 ;.. (+Gm28)	0	0,29	0	0,10	0	0,06
5* ;15 ;1,3,17 ;23	1	1,73	0	0,19	0	0,32
5* ;15 ;1,3,17 ;..	1	0,46	0	0,14	0	0,14
5* ;6,24 ;1,3,17 ;23 (+Gm28)	0	0,34	0	0,25	–	–
5* ;6,24 ;1,3,17 ;.. (+Gm28)	0	0,09	1	0,17	–	–
21 ;1,17 ;.. (+Gm28)	1	0,14	0	0,05	0	0,05
5* ;21 ;1,3,17 ;23 (+Gm28)	1	1,73	2	0,73	3	0,49
5* ;21 ;1,3,17 ;.. (+Gm28)	0	0,46	0	0,51	0	0,20
5* ;1,3 ;23	6	7,90	5	6,60	4	2,41
5* ;6 ;1,3,17 ;23 (+Gm28)	0	0,39	–	–	–	–
5,6,10,11,14 ;1,17 ;.. (+Gm28)	1	0,06	–	–	–	–
5* ;6,15 ;1,17 ;.. (+Gm28)	0	0,06	1	0,56	–	–
5* ;1,3 ;..	1	0,36	3	1,33	0	0,23

5*,6;1,3,17 ;.. (+Gm28)	0	0,10	–	–	–	–
5*,6,15,24 ;1,17 ;..	–	–	0	0,13	–	–
5*,15;1,3,17 ;23 (+Gm28)	–	–	1	0,73	–	–
5*,15;1,3,17 ;.. (+Gm28)	–	–	1	0,50	–	–
10,11,13,15;1,17 ;.. (+Gm28)	–	–	0	0,05	–	–
5*,6,21;1,17 ;.. (+Gm28)	–	–	1	0,57	–	–
5*,15,21 ;1,17 ;.. (+Gm28)	–	–	1	0,03	–	–
5*,6,15,24;1,17 ;.. (+Gm28)	–	–	0	0,01	–	–
Equilibre HW (χ^2)	47.99		61.53		33.09	
Degré de liberté	32		30		25	
Significativité (p-value\leq0,05)	Ns		ns		Ns	

Tableau 2. Fréquence des haplotypes Gm et indices de diversité génétique dans les trois populations Malgaches étudiées

Haplotypes Gm	Antemoro		Northern Fihereña		Southern Fihereña (N=50)	
G3m; G1m;G2m	(N=85)		(N=82)			
5*;1,17;..	0,248	+/- 0,035	0,295	+/- 0,039	0,364	+/- 0,049
5*;1,17;.. (+Gm28)	0,141	+/- 0,029	0,063	+/- 0,02	0,126	+/- 0,035
5,6,11,24;1,17;..	0,168	+/- 0,029	0,126	+/- 0,027	0,1	+/- 0,03
5,6,10,11,14;1,17;..	0,032	+/- 0,014	–	–	0,13	+/- 0,034
10,11,13,15;1,17;..	0,041	+/- 0,015	–	–	0,02	+/- 0,014
5,6,11,24;1,17;.. (+Gm28)	0,008	+/- 0,009	0,008	+/- 0,009	–	–
10,11,13,15 ;1,17 ;.. (+Gm28)	–	–	0,024	+/- 0,012	–	–
5,6,10,11,14;1,17;.. (+Gm28)	0,009	+/- 0,009	–	–	–	–
5*,6 ;1,17 ;..	–	–	0,142	+/- 0,03	–	–
5*,15 ;1,17 ;..	–	–	0,007	+/- 0,007	–	–
5*;1,3;23	0,247	+/- 0,034	0,184	+/- 0,031	0,162	+/- 0,038
5*;1,3;..	0,065	+/- 0,021	0,128	+/- 0,027	0,068	+/- 0,027
21;1,17;.. (+Gm28)	0,041	+/- 0,015	0,024	+/- 0,012	0,03	+/- 0,017
Diversité Génétique (h)	0.8317	+/- 0.0181	0.8347	+/- 0.0200	0.8044	+/- 0.0367

Nous avons observé des haplotypes généralement fréquents en Asie (Gm21, 28; 1,17; .., Gm5*;1,3;23 Gm5*;1,3;..) et en Afrique (Gm5 *; 1,17,.. Gm5*; 1,17;..(+ Gm28) Gm5,6,11,24; 1,17; ...). Toutefois, nous n'avons pas détecté des haplotypes présents à hautes fréquences en Europe, en Afrique du Nord ou au Moyen-Orient (Gm5*; 3; 23 et Gm5*; 3; ..), bien que nous observons la présence de l'haplotype Gm21, 28; 1,17 ;..., commun dans presque toutes les populations du monde. Les haplotypes Gm 5,6,10,11,14; 1,17; .. et Gm10,11,13,15; 1,17;..., qui sont observés dans les

populations d'Afrique sub-Saharienne ont été retrouvés chez les Antemoro et la populations du sud de Fihereña. L'haplotype Gm5,6,11,24; 1,17; .. (+ Gm28), qui est fréquent en Afrique sub-saharienne, a été observé chez les Antemoro et le groupe du nord de Fihereña. De plus, dans cette dernière, il faut noter la présence d'un haplotype particulier Gm5*, 6; 1,17; .. à une fréquence relativement élevée (14,2%). Cet haplotype a été également décrit dans une population d'Afrique de l'Est (Dugoujon *et al.* 2004). On retrouve également l'haplotype Gm10,11,13,15;1,17;...(+ Gm28). Enfin, l'haplotype Gm5,6,10,11,14;1,17;..(+Gm28) n'est présent que chez les Antemoro. Les populations malgaches présentent un taux de diversité génétique intra-populationnelle similaire estimé entre 80 et 84% ($h = 0,8347$ dans le nord de Fihereña; $h = 0,8317$ chez les Antemoro; $h = 0,8044$ dans le sud de Fihereña; voir tableau 2). Au regard des valeurs F_{ST} , la population Antemoro n'est pas différenciée des populations du sud et du nord de Fihereña ($F_{ST} = 0,007$ et $F_{ST} = 0,013$ respectivement, et p-value non significative). Les comparaisons des groupes du sud et du nord de Fihereña font apparaitre un faible niveau de différenciation ($F_{ST} = 0,018$, p-value $<0,05$). Les trois populations Malgaches forment un groupe génétique homogène.

La population Antemoro est génétiquement peu différenciée de certaines populations de l'Océanie. Une population de langue austronésienne (Morobe Atsera $F_{ST} = 0,043$; p-value $\leq 0,01$) et deux populations non-austronésiennes de Nouvelle-Guinée (Province des l'île de l'est $F_{ST} = 0,043$ et Province de Morobe $F_{ST} = 0,054$; p-value $\leq 0,01$). Les Antemoro sont modérément différenciés de six autres populations de Nouvelle Guinée ($0,114 \leq F_{ST} \leq 0,145$; p-value $\leq 0,01$). Enfin les distances génétiques sont plus élevées quand on les compare avec le reste des populations de notre base de données sur l'Océanie et l'Asie du Sud-Est (la Nouvelle-Guinée, la Micronésie, la Mélanésie, la Malaisie, l'Indonésie et les Philippines) ($0,160 \leq F_{ST} \leq 0,590$). Les valeurs F_{ST} trouvées entre les Antemoro et les populations d'Afrique sub-Sahariennes sont modérées ($0,092 \leq F_{ST} \leq 0,280$), et elles sont élevées par rapport aux populations Indiennes ($0,169 \leq F_{ST} \leq 0,30$), d'Afrique du Nord ($0,184 \leq F_{ST} \leq 0,404$), du Moyen-Orient (Egypte exclue) ($0,239 \leq F_{ST} \leq 0,477$) et Européennes ($0,342 \leq F_{ST} \leq 0,602$), (Annexe 10). Une valeur modérée a également été trouvée entre les Antemoro et les populations des Comores ($F_{ST} = 0,091$, p $\leq 0,01$).

La MDS permet de visualiser ces résultats (Figure 23). Sept groupes sont mis en évidence: l'Afrique du Sud et de l'Ouest, l'Afrique du Nord, la Corne de l'Afrique, le Moyen-Orient, l'Inde, l'Europe et l'Asie du Sud-Est/Océanie. Les Antemoro apparaissent proches des deux autres populations du sud-ouest malgache.

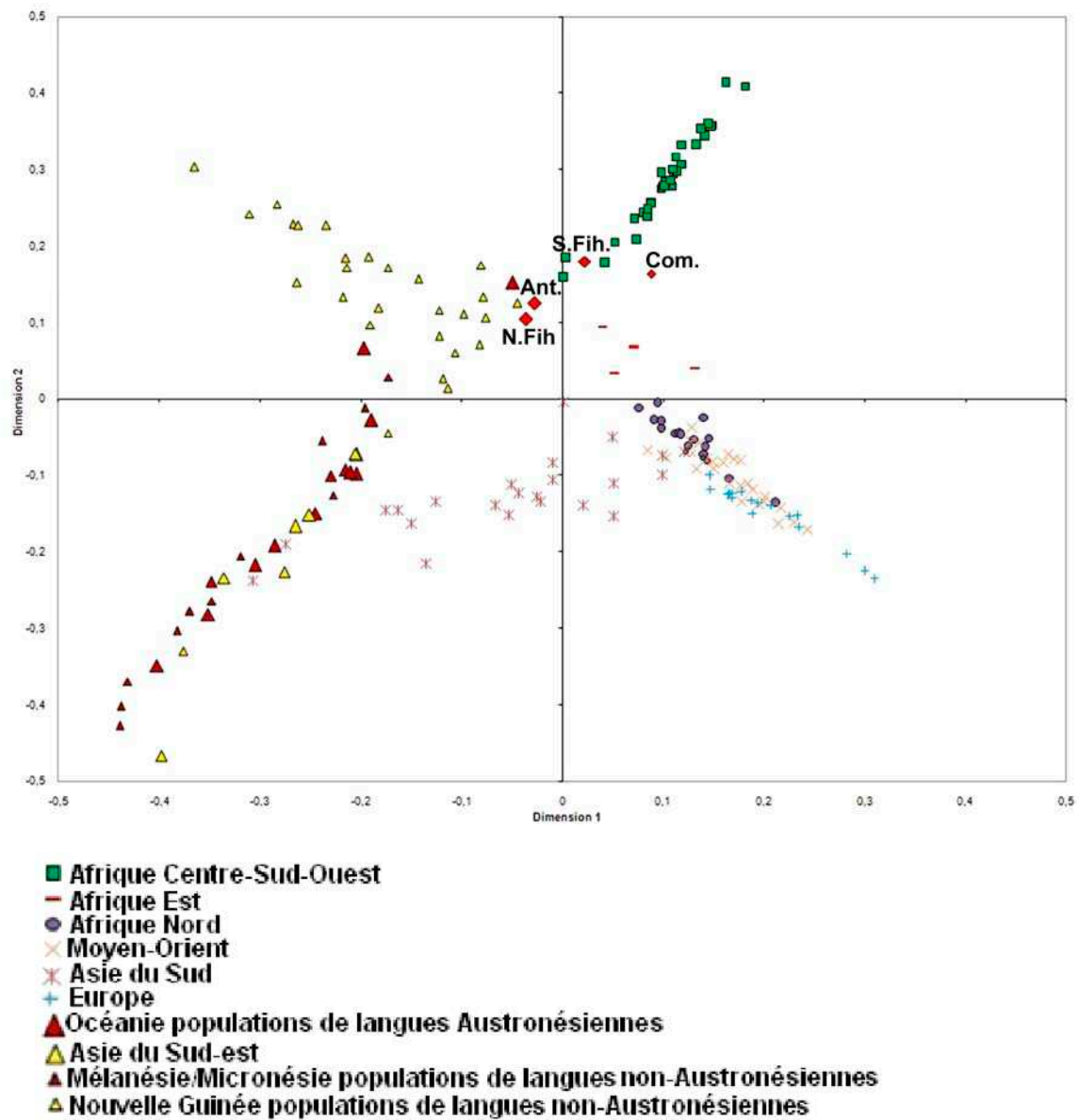


Figure 23. MDS (Multidimensional Scaling) calculée à partir des valeurs F_{ST} (stress de Kruskal = 0,178). Légende: Ant.: *Antemoro*; N.Fih.: *Nord Fihereña*; S.Fih.: *Sud Fihereña*; Com.: *Comores*.

La double contribution africaine et asiatique au pool génétique de la population Antemoro est attestée par les taux de métissage. Le test AMOVA effectué entre nos populations parentales sélectionnées valide la structuration géographique F_{SC} : 0,06633 et F_{CT} : 0,38264; p-value <0,0001). La contribution de l'Afrique Australe est relativement plus importante (mY: 0,596; BH: 0,646) que la contribution du Sud-Est asiatique (mY: 0,403; BH: 0,353).

3- Discussion

Les résultats de l'analyse du système Gm révèlent que la population Antemoro est génétiquement proche des populations de la côte sud-ouest de Madagascar. Les trois populations Malgaches présentent des contributions génétiques venant de l'Asie du Sud-Est / Océanie et d'Afrique et sans un apport significatif d'haplotypes propres à l'Europe, l'Afrique du Nord, le Moyen-Orient ou l'Inde. Cela confirme par ailleurs les résultats de l'analyse des marqueurs uniparentaux (Dubut *et al.* 2009, Hurlés *et al.* 2005, Razafindrazaka *et al.* 2009, Ricaut *et al.* 2009, Tofanelli *et al.* 2009). La composante asiatique à Madagascar est potentiellement liée aux migrations provenant d'Asie du Sud-Est de groupes de langue austronésienne qui ont eu lieu il y a 2000 ans (Beaujard 2003, Ricaut *et al.* 2009). Du point de vue culturel ceci est révélé par la langue malgache qui appartient à la famille linguistique Barito orientale (Dalh 1951, Adelaar 2009). La lecture de la composante africaine s'explique par les arrivées africaines, également à l'origine du peuplement de la Grande île (Beaujard 2003, Verin 1992). Globalement, les polymorphismes Gm révèlent une certaine homogénéité génétique à Madagascar.

Une signature génétique significative des migrations arabo-islamiques à Madagascar n'a pas été observée dans cette étude. La population étudiée est très différenciée de l'Afrique du Nord ($0,184 \leq F_{ST} \leq 0,404$), du Moyen-Orient ($0,239 \leq F_{ST} \leq 0,477$) et de l'Inde ($0,169 \leq F_{ST} \leq 0,300$). Les Antemoro sont génétiquement semblables aux autres Malgaches qui ne se réclament pas d'une origine dans la péninsule Arabique. S'il y a eu une contribution génétique arabe, celle-ci s'est probablement diluée dans le temps en raison des flux de gènes intensifs entre les Antemoro et le reste de la région. Néanmoins, seule une partie de la population Antemoro aurait une origine arabo-islamique. La société Antemoro est constituée en « pseudo-castes » et seuls les détenteurs des pouvoirs magiques et religieux et/ou les descendants des nobles auraient une origine rattachée à la Mecque. Il faut noter que ce dernier sous-groupe n'est que très faiblement représenté dans cet échantillonnage.

L'origine de la culture arabo-islamique à Madagascar doit encore être clarifiée. De même il faut noter qu'une hypothèse serait qu'ils soient originaires d'Afrique de l'Est. Au XIII^{ème} siècle, l'Islam était en expansion le long la côte d'Afrique orientale en raison de l'expansion de l'empire arabe. L'installation des populations islamisées sur les côtes africaines et leur mélange avec les Bantous a conduit à l'émergence de la civilisation swahilie (Verin 1967). Les valeurs F_{ST} entre les Antemoro et les populations de la Corne de l'Afrique sont modérées (0,11 à 0,14), mais seules trois populations (d'Ethiopie et de Djibouti) ont pu être comparées. Un meilleur échantillonnage dans cette région d'Afrique serait alors nécessaire pour conforter l'apport de la génétique.

Enfin la dernière hypothèse est que cette culture serait venue d'Asie du Sud-Est. Cela impliquerait qu'il y ait eu des contacts persistants entre Madagascar et ces régions de l'Asie au moins jusqu'à l'islamisation de cette dernière région (Beaujard 2003). L'Islam a atteint l'Asie du Sud-Est et Java entre le IX^{ème} et le XV^{ème} siècles et Bornéo entre le XI^{ème} et le XVII^{ème} siècles (Bencheikh & Miquel 1992). Pour tester cette hypothèse, un plus grand échantillonnage des régions d'Asie du Sud-Est est nécessaire.

B- Objectif de notre étude

Il résulte de cette étude préliminaire que la question de l'origine des islamisés du sud-est de Madagascar reste à préciser. Si il y avait eu une influence Arabe elle est soit inexistante aujourd'hui soit très diluée, soit propre à un sous groupe Antemoro. Un nouvel échantillonnage Antemoro, excluant les Antañala, groupe ethnique hétérogène, et les Onjasty issus d'une précédente migration serait nécessaire. A l'inverse, il faudrait inclure un plus grand nombre d'individus Anteony et Antalaotra. L'analyse des marqueurs génétiques uniparentaux (ADNmt et NRY) pourrait permettre de mieux appréhender la question de l'origine du peuplement et d'examiner la pertinence d'une parenté génétique arabe.

C'est à cette fin qu'une mission de terrain fut organisée. Elle fut financée en partie par le CNRS de Toulouse et par le laboratoire du CRLHOI. Au laboratoire, nous avons commencé par l'analyse du polymorphisme du chromosome Y (17-STRs et 57 UEPs). Celui-ci nous semblait plus informatif du fait que les migrants islamisés étaient en général décrits comme des hommes qui auraient pris femmes une fois sur la Grande Ile. Dans un deuxième temps les lignées féminines ont été étudiées par séquençage des régions hypervariables I et II de l'ADN mitochondrial et par génotypage de polymorphismes ponctuels de la région codante.

Les résultats obtenus seront discutés en relation avec les données historiques et ethnologiques. L'objectif de ce travail étant de tenter de valider l'hypothèse d'une origine biologique arabe du peuplement des Antemoro et d'une façon plus générale, d'avoir une meilleure connaissance de la diversité génétique de ces populations.

V- Les Antemoro : étude anthropobiologique

A-Mission de terrain

Le « pays Antemoro » s'étend sur près de 150km de long et s'enfonce jusqu'à 40 km dans les terres. Il est traversé par de nombreux fleuves : Namorona, Faraony, Mananano, Manakara, Matitanana. C'est le long des cours d'eau que l'on retrouve la majorité des villages.

1- Questions d'éthiques et choix du type de prélèvement

Afin de réaliser notre étude, une mission de terrain a été organisée entre novembre et décembre 2009. Celle-ci aurait dû se dérouler durant la première année de la thèse, mais les troubles politiques qui éclatèrent à cette période bloquèrent la mission. Un dossier pour le Comité d'Ethique du Ministère de la Santé à Madagascar fut constitué afin d'obtenir les autorisations nécessaires (Annexe 1). Le dossier fut défendu par le Professeur Louis-Paul Randriamarolaza de l'Université d'Antananarivo. Deux étudiantes en Anthropologie à l'Université d'Antananarivo, Mesdames Andriamihaja Rakotondrabe et Mamisoa Adelta Ratolojanahary m'accompagnèrent sur le terrain. Elles m'aiderent dans la réalisation des enquêtes généalogiques nécessaires afin d'exclure au maximum les possibles liens de parenté qui biaiseraient les analyses statistiques. La présence d'une étudiante, elle-même Antemoro – Ampanabaka, n'étant pas considérée comme étrangère (*Vazaha*), nous facilita le contact avec les groupes de la région.

Seuls des prélèvements salivaires, par kits Oragene DNA (OG-250 et OG-500) et des cytobrosses pour compléter furent effectués (Figures 24 et 25), la question du sang, sacré chez les malgaches, étant susceptible d'entraîner des refus. Par ailleurs, les conditions de conservation auraient été aussi plus contraignantes. Les kits OG-500 avec leur format en tube étaient plus facilement utilisés par les participants. Néanmoins, le format OG-250 permettait l'utilisation d'éponges fournies avec le kit pour les cas où les participants ne pouvaient pas cracher. Les kits Oragene DNA peuvent être conservés à température ambiante pendant plusieurs années. Les études en anthropologie biologique portent aussi bien sur l'ADN des populations modernes que sur l'ADN ancien. Pour notre problématique, une étude sur l'ADN moderne a été effectuée.



Figure 24. Kits de prélèvements salivaires Oragene (d'après DNA genotek)



Figure 25. Cytobrosse

L'étude de l'ADN ancien aurait nécessité l'accès aux sépultures, très délicat de par le caractère sacré de ces lieux dont l'accès est généralement interdit aux étrangers.

2- Sélection des villages

Seuls les trois groupes Antemoro principaux ont fait l'objet de cette étude, à savoir les Anteony, les Antalaotra et les Ampanabaka ceci essentiellement pour une question de temps mais aussi parce que la question des descendants d'esclaves était plus délicate à aborder ainsi que celle des Antevolo, parias de la société. Bien que l'occasion nous fût donnée, nous dûmes refuser. Le problème de ce dernier groupe étant que toute personne entrant en contact avec les parias devient à son tour paria aux yeux de la société Antemoro. Il nous aurait été impossible de poursuivre le terrain au sein des autres « pseudo-castes ».

Hormis les villages d'Ivato et Voasary, il apparaît que chaque village ne renferme qu'un seul groupe : Ampanabaka, Antalaotra ou Anteony. Les villages échantillonnés furent pour les Ampanabaka les villages d'Ambila à Manakara, et d'Ankarimbary vers Vohipeno (village d'origine d'une des étudiantes m'accompagnant), pour les Antalaotra les villages de Vohibolo, Ivato, Voasary, Savana, et Vatomasina, et pour les Anteony les villages d'Ivato, Voasary, Nato, deux villages de la commune d'Anoloka (Vohitsivalana, Vohimary), quatre villages de la commune de Vohitrindry (Andranovolo Est, Andranovolo Ouest, Tsarineso, Mangaika) (Figure 26).

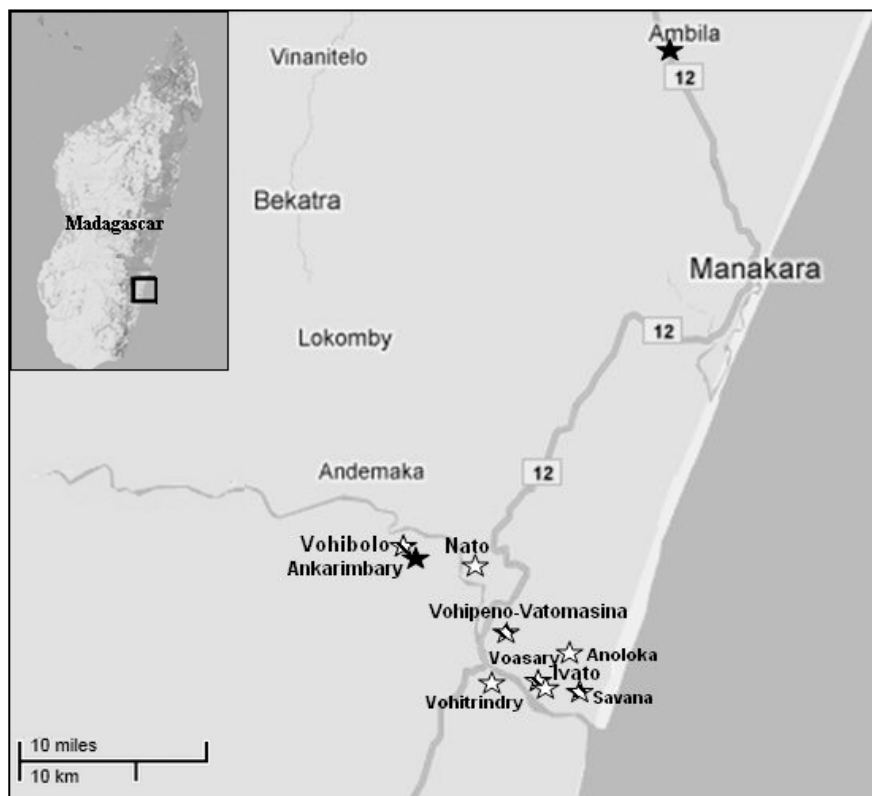


Figure 26. Localisation des villages enquêtés (étoiles noires = Ampanabaka ; étoiles hachurées = Antalaotra ; étoiles blanches = Anteony)

3- Sélection des individus et problèmes rencontrés

Dans chaque commune, contact a été pris avec le maire ou le chef de district afin de le sensibiliser à notre étude et de lui faire viser l'autorisation du Comité d'éthique ainsi que la lettre d'introduction réalisée par le Pr. Louis-Paul Randriamarolaza (Annexe 1). Une fois dans le village, nous prenions rendez-vous avec le chef, *Mpanjaka*. Une fois son accord obtenu, soit nous passions de maison en maison guidés par un villageois désigné par le *Mpanjaka* soit ce dernier réunissait les chefs de lignées dans le *trano-be*.

L'objectif de cette étude fut expliqué à chaque participant potentiel. Puis, nous lui avons demandé son groupe d'appartenance afin de le classer en tant qu'Ampanabaka, Antalaotra ou Anteony, ainsi que son clan. Par la suite, l'enquête généalogique débutait. Il faut noter qu'hélas, ces groupes ont une mauvaise connaissance de leur généalogie. Par ailleurs la généalogie « personnelle » était souvent confondue avec la généalogie les reliant aux ancêtres dont la révélation constitue un *fady* (tabou). La femme occupe une place à part dans ces groupes. Il fut très difficile d'obtenir des informations sur les lignées maternelles plus particulièrement dans les groupes Antalaotra et Anteony. Une difficulté supplémentaire est qu'à la première naissance, les parents sont appelés « père de... », « mère de... », l'aîné de la famille par son statut « Boto » et ainsi de suite. Ce système d'appellation ne facilita pas les enquêtes généalogiques, les noms individuels n'apparaissant pas. Chaque participant lu et signa un formulaire de consentement éclairé et une note d'information (rédigés en français et en malgache) et parfois quand cela était nécessaire, la signature fut faite par l'apposition d'une empreinte. Des prélèvements de salive et de cellules buccales par cytotrosse furent réalisés. Les participants ne devaient pas avoir mangé, bu de l'alcool ou fumé une demi-heure avant les prélèvements selon les instructions d'utilisation des kits Oragene. Les prélèvements ont été numérotés, et pour la suite de l'étude ils reçurent une nouvelle numérotation afin de garantir l'anonymat des participants dans le souci d'un respect de la liberté et de la vie privée de chacun.

B- Méthodes

1- Analyses en laboratoire

Les analyses ont été réalisées au laboratoire d'Anthropologie Moléculaire et d'Imagerie de Synthèse (AMIS) de Toulouse. L'ADN utilisé pour ce travail a été extrait des salives. Les cytotrosses ont été conservées à -80°C, et l'ADN qui fut extrait est aujourd'hui conservé à -25°C (banque biologique).

a- Extraction du matériel biologique

L'extraction de l'ADN contenu dans les échantillons salivaires a été réalisée suivant le protocole fourni avec les kits Oragene DNA (Oragene Genotek <http://www.dnagenotek.com>). Les prélèvements ont été faits sur les deux types de kit, la moitié avec l'OG-250 et l'autre avec l'OG-500.

Tout d'abord, les kits de prélèvements salivaires ont été mélangés par retournement afin d'homogénéiser le prélèvement. 500 microlitres ont été prélevés sur les 4 millilitres totaux, et mis une à deux heures au bain marie à 50°C. Ensuite, 20µl (soit 1/25^{ème} du volume) du réactif Oragene DNA ont été rajoutés dans le tube à microcentrifugeuse. Celui-ci est mélangé pendant quelques secondes jusqu'à l'obtention d'un échantillon trouble (signe de précipitation des impuretés et inhibiteurs). Le tube est alors mis à incuber dans de la glace pendant 10 min, puis à centrifuger à température ambiante pendant 5min à 13000 rpm (rotations par minute). Le surnageant clair est ensuite transféré à l'aide d'une pipette dans un autre tube à microcentrifugeuse. Le culot contenant les impuretés est jeté. 1 µl de glycogène a été ajouté afin de faciliter la visibilité du culot d'ADN par la suite.

On y ajoute 500 µl d'éthanol (volume/volume) à 96% pour laver le surnageant et le tout est mélangé par retournement du tube une dizaine de fois. L'échantillon est laissé à température ambiante pendant 10 min afin de laisser le temps à l'ADN de précipiter (Figure 27). Après un passage à la microcentrifugeuse pendant 2 à 3 min à 13000rpm le surnageant est retiré. Le culot d'ADN est lavé à l'éthanol à 70% par ajout de 250 µl de la solution. Au bout d'une minute, l'éthanol est éliminé par pipetage en prenant soin de ne pas toucher à l'ADN. Pour finir, l'ADN a été re-suspendu dans 50 µl de buffer TE-1X.



Figure 27. Méduse d'ADN (Banque nationale de photos en SVT; ac.Lyon)

b- Analyse du polymorphisme du chromosome Y

Tous les protocoles débutent par une étape d'amplification en chaîne de l'ADN. C'est la méthode de la PCR (Polymerase Chain Reaction). Elle consiste en une répétition de cycles constitués par une phase de dénaturation thermique qui va séparer les deux brins d'ADN par rupture des liaisons hydrogènes. Cette étape se fait habituellement à 95°C. Puis suit la phase d'hybridation des amorces. Ces amorces vont se fixer sur l'ADN simple brin et permettre de délimiter la région d'intérêt, celle que l'on souhaite amplifier. Le milieu réactionnel est alors à une température T_m (Température d'hybridation) propre au couple d'amorces. La réaction se termine avec la phase d'élongation à partir

des amorces grâce à l'ADN polymérase et aux nucléotides présents dans le milieu réactionnel. A la fin du premier cycle, deux amplicons sont obtenus et serviront de matrice au cycle suivant.

L'analyse des microsatellites du chromosome Y (STR-Y) a été effectuée en utilisant le kit commercial AmpF ℓ STR $\text{\textcircled{R}}$ Yfiler TM (Applied Biosystems) selon le protocole du fournisseur. Ainsi 17 loci ont été étudiés (DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS385a, DYS385b, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635 et GATA H4). Une estimation de l'haplogroupe attribué à chaque profil STR-Y a été réalisée à l'aide d'Haplogroup Predictor (<http://www.hprg.com/hapest5/>).

Une série d'analyses de polymorphisme bialléliques a également été réalisée pour confirmer l'assignation de l'haplogroupe attribué à chaque profil STR-Y. Dans un premier temps tous les individus ont été analysés pour le marqueur YAP (Hammer *et al.* 1997). Les individus YAP négatif (YAP-) ont été testés pour les SNPs : 92R7, M70, M22, Tat, P25, SRY1532, M173, M213, M9 (Brion *et al.* 2005). En fonction des résultats obtenus, ils ont par la suite été testés pour les SNP O-(M122, M134, M175, P31, M50, M101, M119, SRY465, 47Z, M88, M95, (Hurles *et al.* 2005, Razafindrazaka, non publié), SNPs GIJ-(12f2, M201, M26, M170, M172, M62) (Brion *et al.* 2005), J-(M304, M267, M365, M221, M410) (cette étude cf. Annexe 3), A, B, B2a-(M91, M60, M150) (Hurles *et al.* 2005 et cette étude cf. Annexe 3), R1 (M167, M153, M17, M18, M126, M37, M73, M65, M160) (Brion *et al.* 2005) ou T (M272) (Karafet *et al.* 2008 et cette étude cf. Annexe 3). Les individus Yap + quant à eux ont été testés pour les SNPs E-(M96, M34, M81, M35, M123, M33, M41, M44, M54, P2, M2, M75) (Brion *et al.* 2005, Hurles *et al.* 2005, Brucato 2010). Ces polymorphismes ont été étudiés par PCR multiplex afin d'obtenir des amplifications simultanées de plusieurs SNPs. Ils ont été typés par miniséquençage, en utilisant le kit commercial SNaPshot Multiplex TM (Applied Biosystem).

Dans le cas de ces PCR multiplex, les amorces doivent répondre à certains critères tels qu'avoir un Tm du même ordre de grandeur ; elles ne doivent pas être complémentaires entre elles tout particulièrement en extrémité 3' de l'ADN ; elles doivent être spécifiques de la région recherchée ; ne pas être trop riches en base G et C ; et avoir une taille entre 19 et 25 nucléotides ; ne pas posséder de séquences répétées pour éviter la formation de repliement. Les conditions expérimentales joueront un rôle dans l'hybridation moléculaire. Des conditions très stringentes (température élevée et concentration en Na $^+$ faible) rendent l'hybridation plus difficile mais permettent à celle-ci d'être plus spécifique. En revanche des conditions peu stringentes (température plus faible et concentration en Na $^+$ plus élevée) facilitent l'hybridation, mais la rendent moins spécifique.

Afin de concevoir les amorces nécessaires, dans un premier temps la séquence du NRY a été récupérée sous Genbank (www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/). La région contenant le SNP recherché est copié dans le logiciel Oligoexplorer, qui va rechercher les amorces possibles et nous permettre de choisir le couple d'amorces qui nous paraît le plus optimal. Puis ce couple est analysé par le logiciel Blast de NCBI afin de vérifier sa spécificité à la région que l'on cherche à amplifier. Enfin, à l'aide du logiciel Oligoanalyzer, on vérifie le multiplex, à savoir que les couples d'amorces ne s'hybrident pas entre eux. Dans un second temps, l'amorce SBE (Single Base Extension) est recherchée. C'est elle qui viendra se fixer sur l'amplicon précédemment formé et lire le SNP recherché.

Toutes les données ont été obtenues sur un séquenceur ABI PRISM 3730 à la Génopole de Toulouse Midi Pyrénées, et analysées avec GeneMapper v.4.0 (PE, Applied Biosystems). L'affectation finale des haplogroupes suit la phylogénie NRY la plus récemment mise à jour (Janvier 2011 ; <http://www.isogg.org>).

c- Analyse du polymorphisme de l'ADNmt

L'étude de l'ADN mitochondrial a été faite dans un premier temps par l'analyse des régions hypervariables 1 et 2 de la D-Loop. Pour les deux régions d'intérêt HVI et HVII, l'amplification se fait en une fois avec les amorces L15973 (5'-AACTCCACCATTAGCACCCA-3') et H296 (5'-TC TGTAGTATTGTTTTTAAAGG-3') en suivant le protocole mis au point au laboratoire AMIS (Coudray, 2009). Comme précédemment, l'analyse des séquences est réalisée sur le séquenceur automatique ABI 3730 de la Génopole de Toulouse. Les séquences sont vérifiées avec le logiciel Sequencing Analysis v5.3, puis alignées par rapport à la séquence de référence de Cambridge révisée (rCRS) (Anderson *et al.* 1981, Andrew *et al.* 1999) avec le logiciel BioEdit, afin d'identifier les polymorphismes. L'haplogroupe a été estimé par les logiciels en ligne Haplogrep (<http://haplogrep.uibk.ac.at/>) et Mtmanager (<http://mtmanager.yonsei.ac.kr/>).

Dans un second temps, des mutations diagnostiques de l'ADNmt ont été recherchées dans la région codante afin de confirmer l'assignation de l'haplogroupe à chaque séquence. Cette étape a été effectuée par la technique des RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism). Cette technique du polymorphisme de longueur des fragments de restriction permet de mettre en évidence une mutation par le fait que sa présence crée ou non un site de restriction pour une enzyme donnée. Après une première étape d'amplification, les produits sont digérés par une enzyme de restriction et la lecture des fragments se fait par migration du produit sur gel d'agarose par électrophorèse.

Tous les individus ont été testés pour les polymorphismes SNPs marqueurs des haplogroupes L3 (-10 871 MnlI), M (+10 397 AluI) et N (-10 397AluI). Puis en fonction des estimations précédemment obtenues sur les régions hypervariables, ont été testés les SNPs marqueurs des haplogroupes M7 (+9824 HinfI), M7c3 (+3606 Sau96I), E (-7598 HhaI), E1 (+ 10834 Mse I), F3 (+10 319 Tsp509I) et B4a1a (+6719 NlaIII). Les mutations A8360G, A8188G déterminant l'haplogroupe M23b ont été testées par séquençage de cette région. De plus, pour les individus estimés d'haplogroupe B, la confirmation s'est faite par la lecture d'une délétion de 9pb dans la région V sur gel électrophorèse. Trois individus ne possédaient pas la mutation sur la région HVI 16267 définissant l'haplogroupe B4a1a1a (motif polynésien : 16217C, 16247G et 16261T). Ils ont été testés par SNaPshot pour la mutation A14022G afin de confirmer leur appartenance à l'haplogroupe B4a1a1. Enfin ils furent testés par RFLP pour l'un des SNPs déterminant le motif malgache B4a1a1a (-1473 HhaI) (Razafindrazaka *et al.* 2009).

Concernant les haplogroupes africains, la confirmation de l'haplogroupe estimé à été faite par la technique du SNaPshot : L0/L0a3 (position 13276), L1 (13789), L4/L0f (13470), L2'6 (10810), L5 (12950), L3'4/L0a2c (9818), L6 (13710), L0a'k'f (9818), L2a (13803), L2a2 (15939), L2b (4158), L2d (4158), L2c (13958), L3b (10086), L3d (8618), L3e2 (14905), L3f (4218), L3e (2352), L3e3'4'5 (750) (Brucato 2010).

2- Méthodes d'analyses des données

a- Analyses des données NRY

Toutes les statistiques sur la variation des haplotypes du NRY, diversité génétique intra-populationnelle (Nei 1987), F_{ST} (Wright 1950), AMOVA ont été calculées en utilisant le logiciel ARLEQUIN 3,5.1.2 (Excoffier *et al.* 2005).

Pour l'étude des lignées paternelles, quatre bases de données ont été constituées. L'une à partir de données compilées sur les haplogroupes Y disponibles dans la littérature, dont les effectifs par population étaient relativement importants (supérieur à 50) en conservant certaines populations de régions d'intérêt, soient 131 populations (16892 individus) (Annexe 26). La seconde à partir de données STR-Y sur sept marqueurs (haplotypes minimum : DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393), soient 90 populations (13582 individus). Ces populations sont réparties en neuf régions : l'Afrique du Sud et de l'Ouest (incluant le Mozambique), l'Afrique de l'Est, l'Afrique du Nord (incluant l'Egypte), le Moyen-Orient (incluant l'Iran, la Turquie et Chypre), l'Europe, l'Asie du Sud, les régions d'Asie du Sud-Est, l'Océanie (Polynésie et Nouvelle Guinée), Les Comores et Madagascar (Annexe 27). Pour ces deux dernières régions, les analyses ont également été

faites à partir des données Y-STR sur 17 marqueurs. Les deux bases de données restantes ont été constituées à partir de données propres à deux haplogroupes retrouvés dans nos populations à savoir J1 et T, afin de réaliser des Network (Annexes 29 et 30). Dans l'objectif d'agrandir la base de données sur les haplogroupes J1 et T, les haplotypes minimum typés ont été estimés sous Haplogroup Predictor (www.hprg.com/hapest5/). Ils ont été retenus lorsque la probabilité d'appartenance à l'haplogroupe donné était supérieure à 90%. Peu de données sont présentes sur l'haplogroupe T. Sa définition est relativement récente (Karafet *et al.* 2008). Préalablement l'haplogroupe T(M70) était nommé K2 et se trouvait dans la branche de l'haplogroupe K*. Il n'était ainsi pas systématiquement testé.

Dans un premier temps, les indices F_{ST} par paire de populations ont été calculés afin de déterminer le niveau de différenciation génétique entre les populations (Holsinger & Weir 2009), en utilisant des profils à 17 marqueurs STR-Y, pour les populations de Madagascar et des Comores. Les résultats ont été visualisés sur une MDS réalisée avec XLstat.V7.5 afin de mieux estimer le degré de différenciation entre les différentes populations. Une seconde MDS a été faite à partir des fréquences des haplogroupes dans les populations des diverses régions géographiques ainsi qu'une ACP (Analyse en Composante Principale). Cette dernière fut réalisée avec XLstat.V10.6. Certains haplogroupes ont été regroupés phylogénétiquement par rapport à leur faible contribution aux deux premiers axes de l'ACP.

Une analyse du taux de métissage a été réalisée sous AdmixV2.0 (mY; Bertorelle & Excoffier 1998, Dupanloup & Bertorelle 2001) à partir des fréquences des haplogroupes dans les huit populations parentales hypothétiques (Afrique Sud et Ouest, Afrique de l'Est, Afrique du Nord, Moyen-Orient, Asie du Sud, Asie du Sud-Est, Océanie, Europe). La validité de cette structure a au préalable été testée par AMOVA. Un second calcul a permis d'estimer ce taux de métissage par le Maximum de vraisemblance (Mw), en utilisant le logiciel Leadmix (Wang 2003). Dans ce cas les populations parentales ont été sélectionnées à partir des résultats de l'analyse précédente mais sur la base de l'haplotype minimal à sept marqueurs STR-Y. Enfin les haplotypes partagés entre les Antemoro et les populations constituant la base de données ont été recherchés.

Quatre Networks Median-Joining ont été calculés avec le logiciel Networks V4.6 pour les haplotypes J1 et T1 dans notre population Antemoro à partir de 17 marqueurs STR-Y (Annexe 4), et à partir de l'haplotype minimum (DYS19, *DYS389i*, *DYS389ii*, *DYS390*, *DYS391*, *DYS392*, *DYS393*) pour relier les haplotypes Antemoro avec ceux des autres zones géographiques. *DYS389ii* a été obtenu après soustraction de *DYS389I* à *DYS389II*.

b- Analyses des données de l'ADNmt

Les analyses ont été aussi réalisées en utilisant le logiciel ARLEQUIN 3,5.1.2 (Excoffier *et al.* 2005). Concernant les lignées maternelles, la diversité génétique intrapopulationnelle a été calculée à partir des données HVI et HVII ainsi que la diversité nucléotidique π , θ_k et θ_S . Les indices de neutralité D de Tajima (1989) et le FS de Fu (1997) ont été calculés. Le test de Tajima se fait sur la base de la diversité nucléotidique. Il permet de visualiser si la population a connu une expansion démographique ou un goulot d'étranglement ou encore des pressions de sélection. Dans une population de taille constante, qui n'est pas soumise à de la sélection, D prendra une valeur de 0 : c'est l'hypothèse nulle. Le FS de Fu est un test de neutralité proche de celui de Tajima. Il repose néanmoins sur la structure haplotypique des populations. Il met en relation le nombre d'haplotypes observé avec le nombre de site polymorphes. L'interprétation de sa p-value est un peu particulière et non expliquée. Une statistique FS de Fu doit être considérée comme significative au seuil de 5% si sa p-value est comprise entre 0,02 et non 0,05 comme cela est habituellement le cas (Excoffier *et al.* 2005)

Les fréquences des haplogroupes ont été comparées à celles observées dans des populations des Comores et d'autres populations malgaches et représentées par une ACP. Les indices F_{ST} par paire de populations ont été calculés et représentés par MDS.

Enfin, les données obtenues sur la région hypervariable I (16065-16363) ont été comparées avec les données disponibles dans la littérature pour des populations malgaches, d'Afrique du Sud, Centre et Ouest, d'Afrique de l'Est, d'Afrique du Nord, du Moyen-Orient, d'Asie du Sud, des régions d'Asie du Sud-Est, d'Océanie et d'Europe. La base de données renferme ainsi 107 populations (13544 individus) (Annexe 28). Les indices F_{ST} ont été calculés et représentés par MDS. Une recherche des haplotypes partagés a été effectuée.

C- Résultats et discussion

Les profils STR-Y, SNP-Y, HVI, HVII et les SNP de la région codante de l'ADNmt sont présentés en Annexes 5-9. Sur les 167 échantillons prélevés, seuls 129 hommes ont été analysés par la suite pour les données NRY. En effet du fait que ces groupes ne possédaient pas une très bonne connaissance de leurs généalogies, afin de limiter les possibilités d'apparentement, ont été retenus uniquement les profils différents et les profils identiques provenant de groupes, sous-groupes et villages différents. Il en fut de même pour les lignées maternelles. Ainsi, 135 ADNmt ont été analysés.

1- Lignées paternelles

a- Diversité intrapopulationnelle

Les Ampanabaka ($h = 0,98 \pm 0,014$; 36 haplotypes à 17 STR-Y) et les Antalaotra ($h=0.98\pm0.009$; 35 haplotypes à 17 STR-Y) ont une diversité génétique intra-populationnelle du même ordre de grandeur que celles trouvées en général dans les populations du Sud de Madagascar ($0,95 \leq h \leq 0,99$). En revanche, les Anteony ($h = 0,91 \pm 0,028$; 21 haplotypes à 17 STR-Y) sont moins diversifiés (Razafindrazaka 2010) (Figure 28).

L'haplogroupe O1a2 (O-M50) est retrouvé à respectivement 16% et 19% chez les Ampanabaka et les Antalaotra. Il est absent dans le groupe des Anteony. L'haplogroupe O2a1 (O-M95) est quant à lui retrouvé à respectivement 26% et 5% chez les Antalaotra et les Anteony, et est absent dans le groupe Ampanabaka. Ces haplogroupes sont des marqueurs de la migration austronésienne. On retrouve O1a2 dans les populations d'Indonésie, les îles d'Asie du Sud-Est et en plus faible fréquence en Océanie (Kayser et al. 2008, Delfin *et al.* 2010, Karafet *et al.* 2010). Les haplogroupes O2 (O-P31) et O2a1 (O-M95) sont les plus courants dans les régions du Sud-Est asiatique (Kayser *et al.* 2006, Karafet *et al.* 2010). On le trouve également très présent en Inde (Sengupta *et al.* 2006).

L'haplogroupe E1b1a (E-M2) est le plus représenté dans les populations malgaches (Tofannelli *et al.* 2009, Razafindrazaka 2010). Il constitue 76% de la diversité des Ampanabaka, mais seulement 7% chez les Antalaotra et 12% chez les Anteony. Il est très présent dans les populations africaines avec les fréquences les plus élevées retrouvées en Afrique occidentale (Cruciani *et al.* 2002, Luis *et al.* 2004, Brucato *et al.* 2010). L'haplogroupe E1b1b (E-M35) est retrouvé chez deux individus Anteony et Ampanabaka. Cet haplogroupe est généralement attribué à l'Afrique orientale (Cruciani *et al.* 2002) bien que retrouvé à des fréquences modérées en Afrique du Nord et au Moyen-Orient. L'haplogroupe E2b (E-M54) est décrit chez un individu Ampanabaka et est présent à 7% chez les Antalaotra. Il est également attribué à l'Afrique (Wood *et al.* 2005). Il est cependant observé à une faible fréquence parmi les Arabes d'Oman et le Qatar (Luis *et al.* 2004, Cadenas *et al.* 2008). Enfin les haplogroupes B2 (B-M182) et B2a (B-M150), attribués à deux individus Ampanabaka, ont une origine Afrique sub-Saharienne (Luis *et al.* 2004, Karafet *et al.* 2008).

L'haplogroupe R1a1 (R-M17) a été trouvé chez un Antalaotra. R1 (R-M173) est largement réparti en Europe, avec les fortes fréquences en Europe de l'Est et en Inde, avec une introduction récente en Arabie liée aux routes commerciales historiques (Chiaroni *et al.* 2009 ; Underhill *et al.* 2009)

L'haplogroupe J2 (J-M172) est présent à une fréquence de 2% chez les Ampanabaka et de 7% chez les Antalaotra. Quant au clade J1 (xJ1a, xJ1b), il est absent chez les Ampanabaka. Cependant, il est présent chez les Antalaotra (16%) et les Anteony (25%). Analysé pour 17 marqueurs STR-Y il apparait peu diversifié ($h=0,51 \pm 0,140$). L'haplogroupe J* est le plus commun dans le Moyen-Orient (Chiaroni *et al.* 2009). J2 (J-M172) aurait diffusé plutôt vers le Nord en Europe et en Asie (Luis *et al.* 2004, Msaidie *et al.* 2011). J1 (J-M267) est un marqueur de l'expansion récente arabe dans la péninsule Arabique, le Nord et le Nord-est de l'Afrique (Msaidie *et al.* 2011). Il est décrit à très faible fréquence en Asie du Sud et Sud-Est (Sengupta *et al.* 2006, Karafet *et al.* 2010).

L'haplogroupe T1(T-M70) est absent du groupe Ampanabaka il se trouve en revanche chez les Antalaotra à 9% et les Anteony où il est très fréquent : 55%. Le clade T(T-M272) est rare, mais possède un très large spectre de répartition. T1 (M70) se retrouve principalement au Moyen-Orient (comme la Palestine, le Liban, Oman, la Turquie, dans le sud de l'Iran), en Afrique du Nord (Egypte, Maroc), en Afrique sub-Saharienne plus particulièrement en Afrique de l'Est (Ethiopie, Soudan, Tanzanie, Uganda) et en Europe (Semino *et al.* 2002, Luis *et al.* 2004, Regueiro *et al.* 2006, Karafet *et al.* 2008, Zalloua *et al.* 2008b, Coelho *et al.* 2009a, Gomes *et al.* 2009, Mendez *et al.* 2011). Il a été décrit en Inde et en Chine (Sengupta *et al.* 2006, Chiaroni *et al.* 2009, Zhong *et al.* 2011).

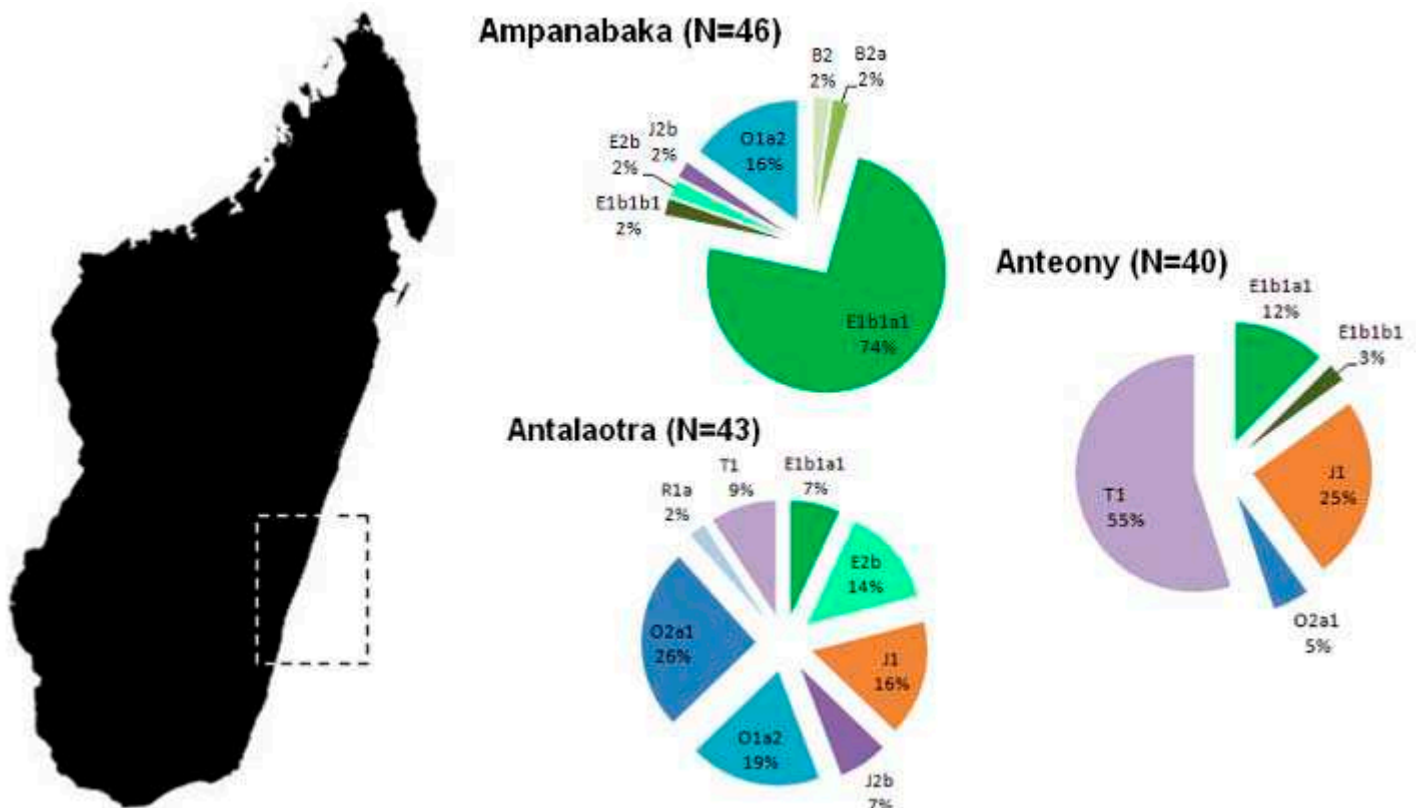
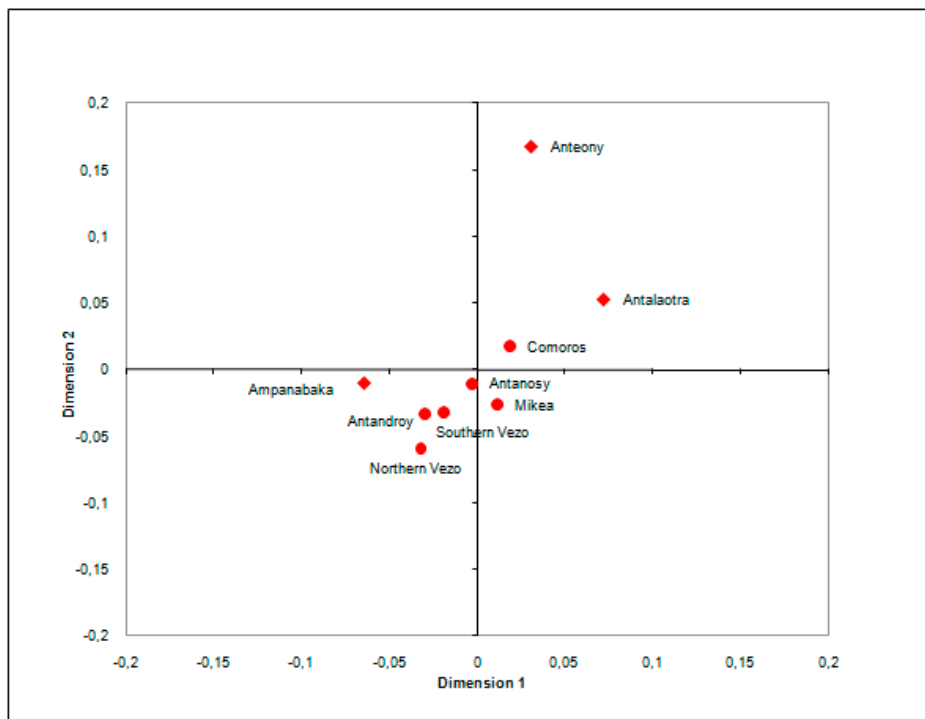


Figure 28. Pourcentages des haplogroupes Y retrouvés dans les trois groupes Antemoro étudiés

Le calcul des F_{ST} par paires de populations à partir de 17 marqueurs STR-Y, entre les trois groupes Antemoro a révélé que les Ampanabaka étaient fortement différenciés des Antalaotra ($F_{ST} = 0,158$, p-value $<0,01$, Tableau de la Figure 29) et des Anteony ($F_{ST} = 0,205$, p-value $<0,01$, Tableau de la Figure 29). La comparaison des Antalaotra et des Anteony montre aussi une différenciation génétique significative ($F_{ST} = 0,124$, p-value $<0,01$, Tableau de la Figure 29). Par ailleurs les Ampanabaka ne partagent aucun haplotype avec les deux autres groupes. En revanche les Anteony et les Antalaotra partagent trois haplotypes correspondant à des haplogroupes J1, T1 et E1b1a1.

b- Comparaison à l'échelle locale.

En comparaison avec d'autres groupes de Madagascar et des Comores, les Ampanabaka sont le seul groupe Antemoro présentant de faibles valeurs F_{ST} ($F_{ST} < 0,05$; p-value $<0,01$, Tableau de la Figure 29) avec les autres groupes malgaches non Antemoro. Ceci est observé avec les deux populations malgaches du sud (Antanosy et Vezo du Sud de la région de Tuléar). Au contraire, les Antalaotra et les Anteony ont un patrimoine génétique paternel plus divergent par rapport à tous les autres groupes analysés ($F_{ST} > 0,05$; p-value $<0,01$, Tableau de la Figure 29). Ces résultats peuvent être visualisés sur la MDS (Figure 29). Les Ampanabaka sont regroupés avec d'autres populations du sud de Madagascar, tandis les Antalaotra et les Anteony s'en éloignent.



	Ampanabaka	Anteony	Antalaotra	Antandroy	Antanosy	Comoros	Mikea	Vezo Nord	Vezo Sud
Ampanabaka	0.00000	+	+	+	+	+	+	+	+
Anteony	0.20530	0.00000	+	+	+	+	+	+	+
Antalaotra	0.15800	0.12494	0.00000	+	+	+	+	+	+
Antandroy	0.07332	0.20911	0.12777	0.00000	+	+	+	+	-
Antanosy	0.04980	0.13650	0.07099	0.02220	0.00000	+	+	+	-
Comoros	0.08777	0.13985	0.06589	0.08002	0.03017	0.00000	+	+	+
Mikea	0.06677	0.19053	0.09262	0.06218	0.01633	0.03961	0.00000	+	+
Vezo Nord	0.05228	0.26205	0.17919	0.03440	0.03511	0.08297	0.04192	0.00000	-
Vezo Sud	0.02510	0.20609	0.11817	0.01494	0.01370	0.06190	0.02717	0.01954	0.00000

Figure 29. MDS calculée à partir de la matrice des F_{ST} par paire de populations entre les populations malgaches et comoriennes sur les données sur 17 STR-Y.

F_{ST} en dessous la diagonale ; p-values au dessus de la diagonale. (+) pvalue significative à un seuil de 1% ; (-) pvalues non significatives. Stress de Kruskal = 0,136.

La recherche d'haplotypes partagés à 17 marqueurs montre que les Anteony et les Antalaotra ne partagent aucun profil avec ces populations. Les Ampanabaka partagent deux profils (E1b1a et E2b) respectivement avec les Antandroy et les Antanosy de la côte sud de la Grande Ile. Quatre populations malgaches n'ont pas été considérées pour les calculs statistiques pour cause de faibles effectifs ($N < 15$; chez les Merina, les Tsimahafotsy et les Antaisaka), ainsi que les Andriana car il s'agit d'une population très consanguine (Tofanelli *et al.* 2009, Razafindrazaka 2010). Néanmoins la recherche d'haplotypes partagés sur les 17 marqueurs STR-Y n'a révélée aucune lignée partagée avec nos trois groupes Antemoro (Annexes 12-14).

La MDS basée sur les fréquences des haplogroupes confirme ces regroupements (Figure 30). Les Antalaotra apparaissent faiblement différenciés des populations des Hautes Terres ($F_{ST}=0,041$, pvalue $<0,05$, Annexe 11). Certains groupes Antemoro semblent différer à première vue des autres populations malgaches du sud (Tofanelli *et al.* 2009), de la côte sud-ouest (Razafindrazaka 2010), et des Hautes Terres (Hurles *et al.* 2005) par la présence de ces deux derniers haplogroupes J1 et T1. Toutefois le J1(J-M267) n'a pas été testé dans les populations des Hautes Terres.

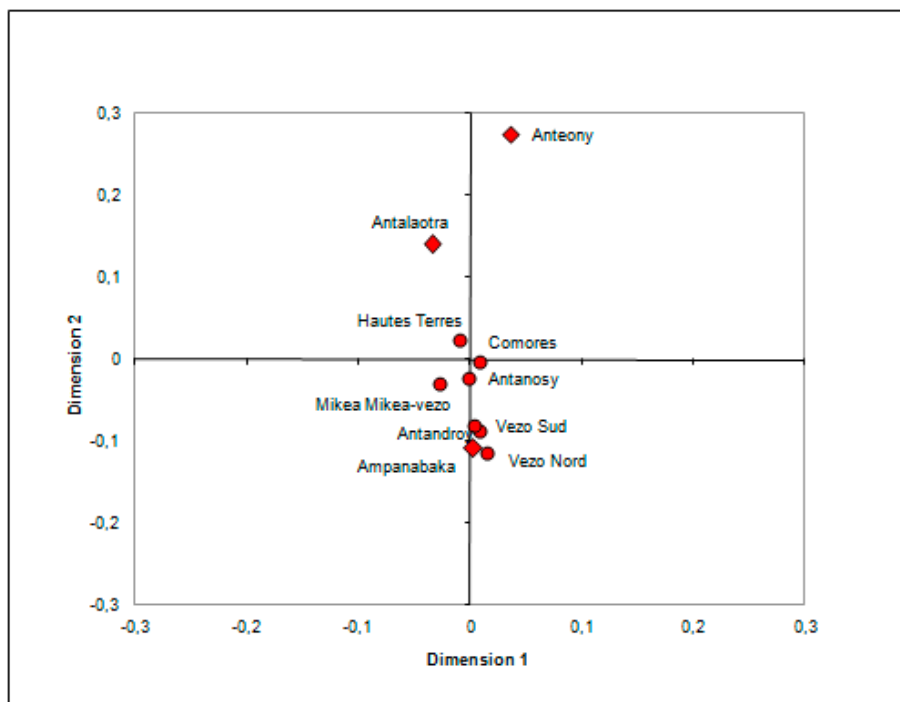


Figure 30. MDS calculée à partir des F_{ST} par paire de populations entre les populations malgaches et comoriennes sur les fréquences des haplogroupes du NRY (Stress de Kruskal : 0,172).

c- Comparaison à l'échelle continentale

La recherche des haplotypes partagés (Annexes 15-17) montre que les haplotypes correspondant aux haplogroupes E1b1a sont majoritairement rencontrés dans les populations d'Afrique du Sud, du Centre et de l'Ouest. Sur les deux haplotypes E1b1b, celui correspondant à un individu Ampanabaka est retrouvé dans une population d'Afrique de l'Est, deux populations en Afrique du Nord et cinq populations au Moyen-Orient. Il est également retrouvé dans deux populations d'Asie du Sud-Est mais ces haplotypes n'appartiennent pas à l'haplogroupe E. Ceci vient du fait que les comparaisons se font à partir de 7 marqueurs STR-Y ce qui n'est pas toujours discriminant pour les lignées proches. L'haplotype Anteony E1b1b est quand à lui retrouvé dans des populations d'Afrique, du Moyen-Orient et d'Europe. Les E2b sont partagés avec des populations d'Afrique et quelques populations du Moyen-Orient. L'haplogroupe B2, voit son origine africaine confirmée.

Les haplotypes correspondants aux haplogroupes O1a2 sont retrouvés majoritairement en Asie du Sud-Est. Les haplotypes O2a1 quant à eux sont partagés avec des populations d'Asie du Sud Est et d'Inde. On remarque qu'un haplotype est également retrouvé en Ouganda et un autre en Europe. Comme précédemment il peut s'agir d'un biais d'analyse.

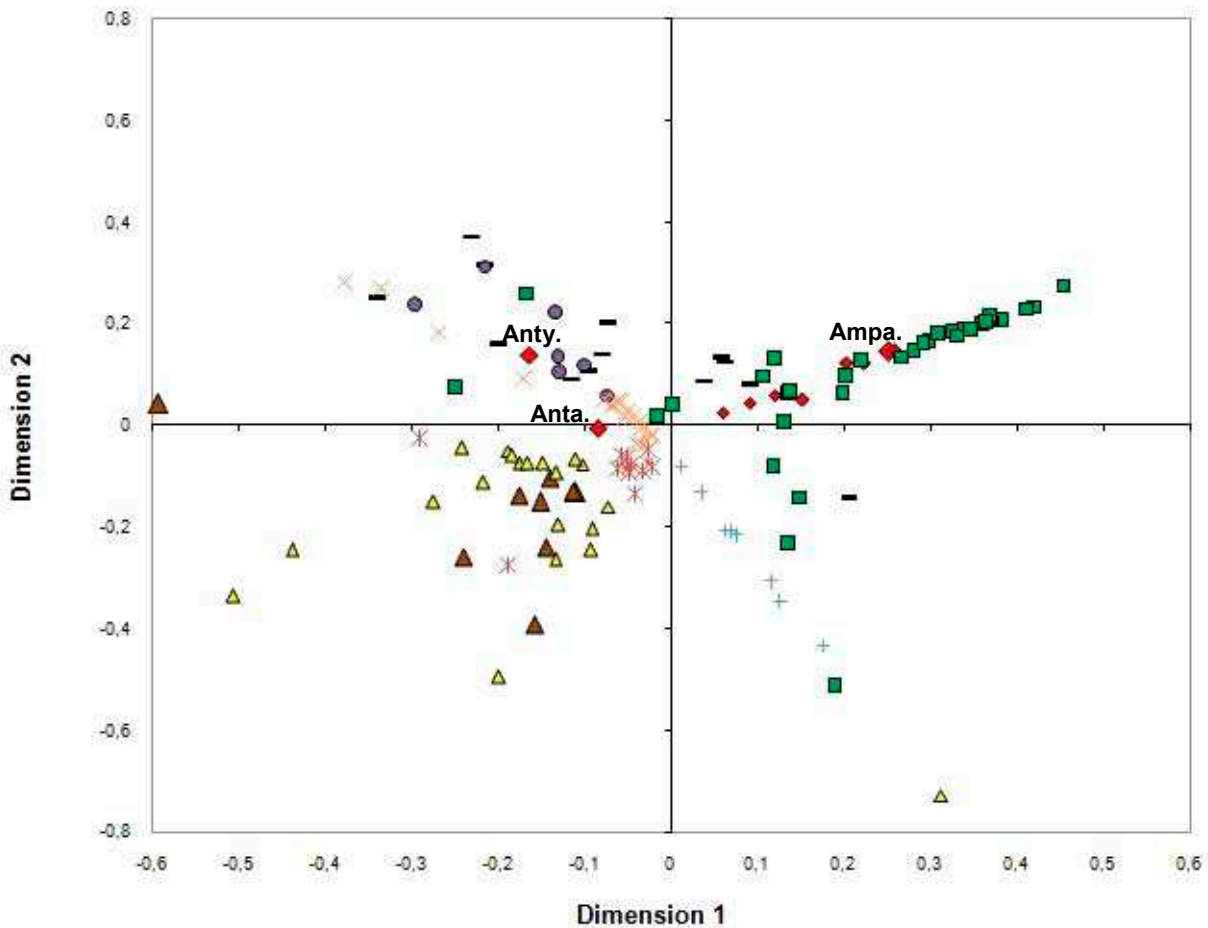
L'haplotype R1a1 est retrouvé dans une population d'Afrique du Nord, une population d'Asie du Sud-Est, quatre populations du Moyen-Orient et six populations indiennes. Son origine a de grande chance d'être liée aux mouvements accompagnant le commerce entre l'Arabie et l'Inde (Underhill *et al.* 2009).

Les haplotypes J2b sont retrouvés en Afrique de l'Est, au Moyen-Orient et en Inde. L'haplotype J1 est partagés avec diverses populations d'Afrique du Nord (2), du Moyen-Orient (6), d'Inde (3) et d'Europe (1).

Enfin les haplotypes T1 à sept marqueurs STR-Y sont partagés avec une population d'Afrique et diverses populations du Moyen-Orient (6) et d'Asie du Sud-Est (6) et d'Europe (1). Notons qu'aucun haplogroupe T n'est décrit dans notre base de données sur les fréquences d'haplogroupes en Asie du Sud-Est. Ceci peut correspondre à des lignées d'haplogroupes proches (S1- (M254); O2b1a (47z), M1a (P34) et M(P256)). Il en est de même pour l'haplotype retrouvé en Europe et qui correspond à un haplogroupe R1b.

Il résulte que l'analyse à partir de sept marqueurs STR-Y donne une idée générale de l'origine métissée Afro-asiatique des populations Antemoro. Malgré le fait qu'il existe certains biais liés à un phénomène d'homoplasie, l'analyse des haplotypes partagés reste le meilleur moyen d'identifier les origines géographiques d'un haplotype donné. Ainsi, quatre lignées (T1, J1, J2b et E1b1b) sont retrouvées majoritairement au Moyen-Orient.

Le calcul des F_{ST} par paire de populations sur la base des fréquences des haplogroupes du chromosome Y (Annexe 11), a révélé que les Ampanabaka sont faiblement à modérément différenciés de certaines populations d'Afrique de l'Ouest, du Centre et du Sud ($0,036 < F_{ST} < 0,152$). Les Antalaotra sont très hétérogènes. Ils sont proches de nombreuses populations de zones géographiques différentes bien qu'aucune valeur ne soit inférieure à 0,05. Nous notons que les valeurs les plus faibles sont retrouvées en comparaison avec certaines populations d'Asie du Sud-Est telles que Java et Sulawesi ($0,067 < F_{ST} < 0,072$). Les Anteony quant à eux, sont fortement différenciés de toutes les populations de la base de données. Les valeurs les plus faibles sont observées avec des populations d'Oman et des Emirats Arabes Unis ($0,142 < F_{ST} < 0,155$) bien qu'il faille noter à titre de comparaison que les populations des Hautes Terres et des Comores présentent des valeurs F_{ST} relativement similaires pour ces deux populations. Ces données F_{ST} sont représentées sur la MDS (Figure 31).



- ◆ Madagascar et Comores
- Afrique Centre-Sud-Ouest
- Afrique Est
- Afrique Nord
- ✕ Asie Sud
- ⊕ Europe
- ✕ Moyen-Orient
- ▲ Asie Sud-est
- ▲ Océanie

Figure 31. MDS sur les valeurs de F_{ST} calculées à partir des fréquences des haplogroupes Y entre les Antemoro et les populations de diverses régions géographiques (stress de Kruskal = 0,227).

Légende: Anty = Anteony; Anta = Antalaotra; Ampa = Ampanabaka.

Une ACP a été calculée à partir de ces fréquences d'haplogroupes (Figure 32). Le premier et le deuxième axe représentent 47,91% de la variabilité. L'haplogroupe E1b1a contribue à 89% de la variabilité de l'axe 1, tandis que tous les autres ont une contribution inférieure à 1%. Les haplogroupes E1b1b et CD contribuent respectivement à 53% et 10% de la variabilité représentée par l'axe 2. L'ACP fait apparaître le regroupement des Ampanabaka avec les Africains du Sud-Centre-Ouest et leur proximité avec d'autres populations malgaches, de par la forte présence de l'haplogroupe E1b1a. Les Antalaotra ont une diversité génétique proche de celle des régions du Sud-Est asiatique et d'Océanie (plus particulièrement des populations de langues austronésiennes) marquée par les haplogroupes O1a et O2. Les Anteony apparaissent à la croisée de toutes ces diversités génétiques et sont isolés de par la forte présence des haplogroupes J1 et T1 (J* et T sur l'ACP).

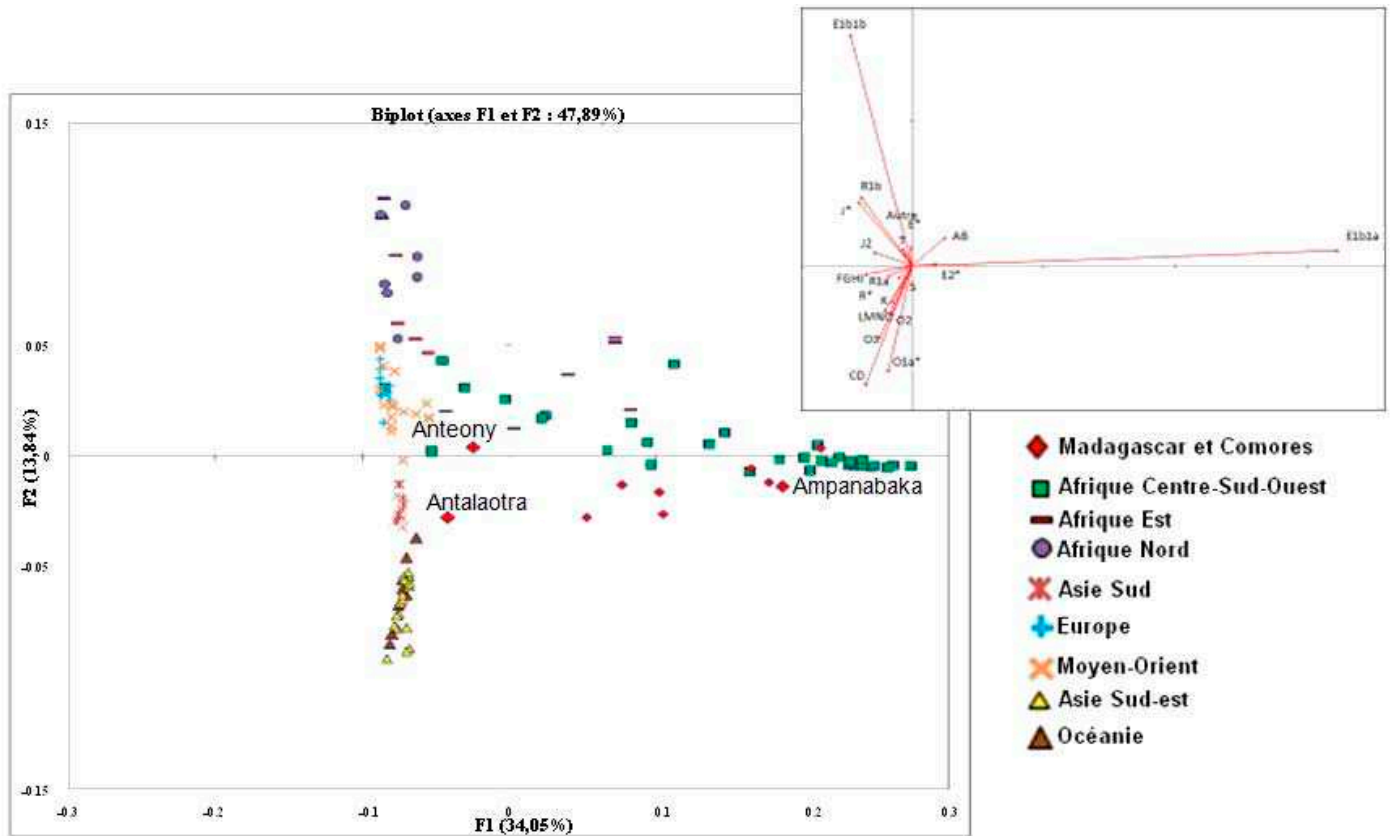


Figure 32. Analyse en Composante Principale calculée à partir de la fréquence des haplogroupes du NRY

d- Analyse du métissage

La présence d'haplogroupes dont l'origine rappelle le Moyen-Orient chez les Anteony et les Antalaotra, et qui ne sont pas retrouvés dans les autres populations malgaches utilisées pour nos comparaisons, nous laisse supposer la présence d'un « fond malgache » avec une trace Arabe. Une estimation du métissage a été réalisée à partir des fréquences des haplogroupes dans les trois groupes Antemoro en utilisant huit populations parentales, groupes géographiques qui ont pu directement ou indirectement avoir une influence sur la diversité génétique des Antemoro. La structuration de ces groupes a été validées par l'AMOVA ($F_{CT}= 0,238$; $F_{SC}=0,122$; $p\text{-value} < 0,001$).

On observe ainsi que deux groupes géographiques participent au pool génétique des Ampanabaka : l'Afrique de l'Ouest et du Sud (94,8%) et les régions d'Asie du Sud-Est (5,2%). En revanche il apparait que trois régions contribuent au pool génétique des Antalaotra et des Anteony. On retrouve des apports africains, plus particulièrement d'Afrique de l'Est (2,7%), du Sud-Est asiatiques (54,4%) et du Moyen-Orient (42,9%) chez les Antalaotra. Chez les Anteony ce sont les mêmes apports avec des proportions différentes (Afrique orientale: 10,6%, Sud-Est asiatique : 19,7% et Moyen-Orient : 69,7%) (Tableau 3).

Tableau 3. Estimation du taux de métissage dans les trois groupes Antemoro calculée à partir de huit hypothétiques populations parentales.

		Afrique Centre et Ouest	Sud	Afrique Est	Afrique Nord	Moyen-Orient	Asie du Sud	Asie du Est	Sud-	Europe	Océanie
Ampanabaka	mY(YSNP)	0.948± 0.075		0.000	0.000	0.000	0.000	0.052±0.075		0.000	0.000
	Mw(YSTR)	0.745		-	-	0.000	-	0.255		-	-
	+95%CI	0.745						-			
	-95%CI	0.676						-			
Antalaotra	mY(YSNP)	0.000		0.027±0.051	0.000	0.429±0.103	0.000	0.544±0.079		0.000	0.000
	Mw (YSTR)	-		0.253	-	0.250	-	0.497		-	-
	+95%CI			0.404		0.395		-			
	-95%CI			0.350		0.249		-			
Anteony	mY(YSNP)	0.000		0.106±0.072	0.000	0.697± 0.097	0.000	0.197± 0.052		0.000	0.000
	Mw (YSTR)	-		0.249	-	0.273	-	0.478		-	-
	+95%CI			0.430		0.501		-			
	-95%CI			0.001		0.260		-			

Les données STR-Y sur 7 marqueurs des méta-populations sortantes pour la première analyse ont été utilisées pour calculer le maximum de vraisemblance (Mw) à 95% CI sous Leadmix. Les résultats obtenus permettent d'avoir une estimation pondérée de l'admixture (voir tableau 3). D'une façon générale trois composantes ressortent chez les Antemoro, une africaine et une Sud-Est asiatique tandis qu'une composante moyen-orientale n'est détectée que chez les Antalaotra et les Anteony.

e- Network Median-Joining

Deux Networks Median-Joining ont été réalisés à partir de données sur l'haplotype minimum (DYS19, DYS389i, DYS389ii, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393) pour positionner les haplotypes Antemoro appartenant aux clades J1 et T par rapport à des haplotypes de ces mêmes clades mais de zones géographiques différentes (Figures 33 et 34).

En réduisant à l'haplotype minimum, seul un haplotype appartenant à l'haplogroupe J1 est obtenu dans notre population Antemoro. On observe que cette lignée ne se positionne pas en bout de branche (Figure 33). Cet haplotype est trouvé dans des populations du Moyen-Orient (Chypre, Turquie et Palestine). Sur le Network, les Antemoro sont reliés à des individus originaires de Turquie, de Chypre, de Palestine, des Comores, du Daghestan, d'Irak, d'Italie, du Portugal, du Qatar, du Koweït et du sud du Pakistan. Des individus de Syrie, d'Israël, du Liban, des arabophones, des Comores, d'Arabie Saoudite, d'Éthiopie, et des Portugais juifs sont également reliés aux groupes Antemoro.

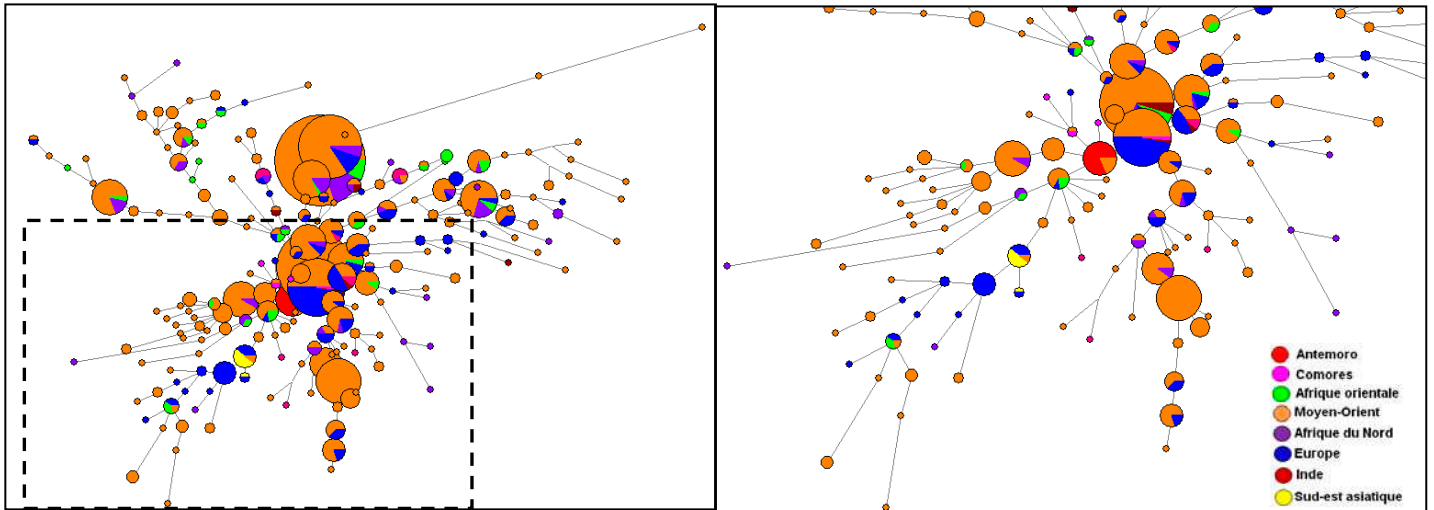


Figure 33. Network Median-Joining calculé à partir des haplotypes STR-Y minimum (DYS19, DYS389i, DYS389ii, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393) chez les Antemoro et les populations de diverses régions géographiques appartenant à l'haplogroupe J1.

Pour les haplotypes du clade T (Figure 34), il apparaît aussi que les Antemoro ne sont pas positionnés en extrémités de branches. Deux haplotypes à 7 marqueurs STR-Y Antemoro sont trouvés dans des populations du Moyen-Orient (Israël, Liban et Palestine). Un autre est similaire avec un individu d'Angola. Ces lignées sont rattachées à des individus d'Israël, d'Espagne et du Liban et sur les branches sortantes les lignées Antemoro sont reliées à des individus d'Europe, du Brésil, de la Zambie, d'Afrique du Nord et du Liban.

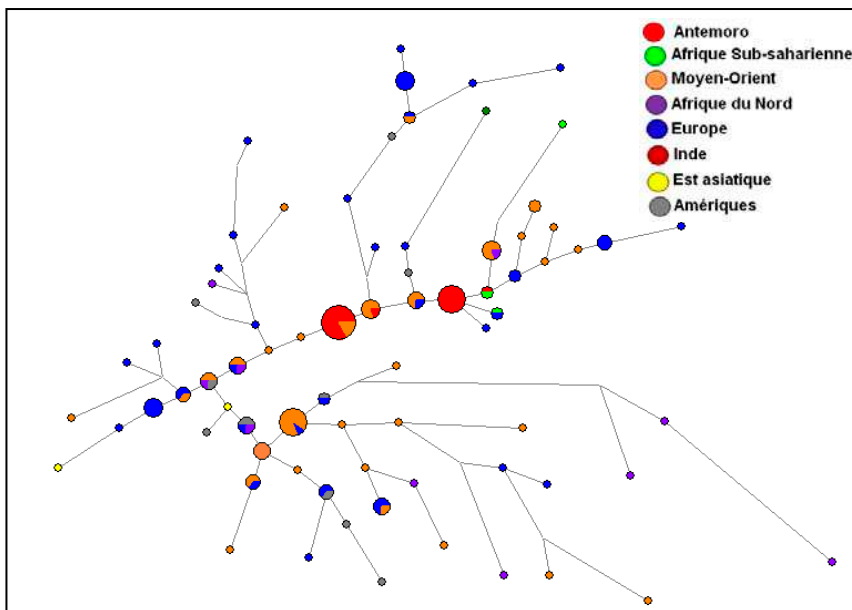


Figure 34. Network Median-Joining calculé à partir des haplotypes STR-Y minimum (DYS19, DYS389i, DYS389ii, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393) pour les Antemoro et les populations de diverses régions géographiques appartenant à l'haplogroupe T.

Les trois groupes Antemoro présentent une diversité génétique sur les lignées maternelles relativement élevée, variant de 0,9379 à 0,9741 (Figure 35). Dans les trois populations, l'indice de Tajima se révèle négatif mais les p-values sont non significatives. Les FS de Fu sont également négatifs (-2 à -6) et les p-values encore une fois non significatives. On ne peut donc pas conclure à une expansion démographique (Figure 35).

La distribution des haplogroupes mitochondriaux fait apparaître la présence des haplogroupes du Sud-Est asiatique que l'on retrouve habituellement à Madagascar.

On note la présence en forte proportion de l'haplogroupe B4a1a1a qui est associé au motif malgache, recherché dans notre échantillon par la présence de la transition C1473T (Razafindrazaka *et al.* 2009). Il est présent à 25% chez les Ampanabaka, 23% chez les Antalaotra et 11% chez les Anteony. Ce motif malgache est pour le moment retrouvé uniquement à Madagascar. Il s'agit d'une sous-division du motif polynésien, haplogroupe majeur décrit en Polynésie (Soodyall *et al.* 1995). On le retrouve également dans certaines îles d'Asie du Sud-Est.

L'haplogroupe E1a1a constitue 4% de la diversité en haplogroupe chez les Ampanabaka, 3% chez les Antalaotra et est absent du troisième groupe malgache. Son origine est également attribuée aux îles d'Asie du Sud-Est (Soares *et al.* 2008).

Le F3b, est présent à 6% chez les Ampanabaka et 13% dans les deux autres groupes. Il est originaire d'Asie du Sud-Est. Il est décrit essentiellement aux Philippines et à Bornéo (Hill *et al.* 2007).

Deux haplogroupes appartenant au clade M ont été mis en évidence. L'haplogroupe M7c3c, anciennement nommé M7c1c est un haplogroupe asiatique. On le retrouve à respectivement à 10%, 5% et 2% chez les Ampanabaka, les Antalaotra et les Anteony. Il serait avec le O1a (O-M50) pour les lignées masculines, le marqueur le plus probable de l'expansion « Out of Taiwan » datée du milieu de l'Holocène vers Bornéo (Hill *et al.* 2007). L'haplogroupe M32c anciennement dénommé M46 (Hill *et al.* 2007) est présent à 2% dans le groupe Ampanabaka, 8% chez les Antalaotra et 2% chez les Anteony.

Un autre haplogroupe appartenant au clade M est déduit à partir des régions de HVI et HVII comme étant de la branche Q1 (16129, 16241, 16144, 16148, 16265C, 16311, 16343, 89, 146). Il est retrouvé chez un individu Anteony. C'est un haplogroupe très fréquent en Mélanésie et en Nouvelle Guinée (Friedlaender *et al.* 2005).

Enfin, appartenant à la branche M, l'haplogroupe M23b (-10871Mn11 ; +10397Alu1 ; 152, 195, 16263, 16311, 8360G, 8188G) est retrouvé à une fréquence de 4% chez les Ampanabaka, de 13% dans le groupe Antalaotra et de 11% chez les Anteony. Cet haplogroupe a une origine encore non

clairement définie. Il est postulé qu'il s'agirait d'apport ouest eurasiatique. Les lignées M23 seraient assez anciennes et retrouvées à travers tout Madagascar (Ricaud *et al.* 2009).

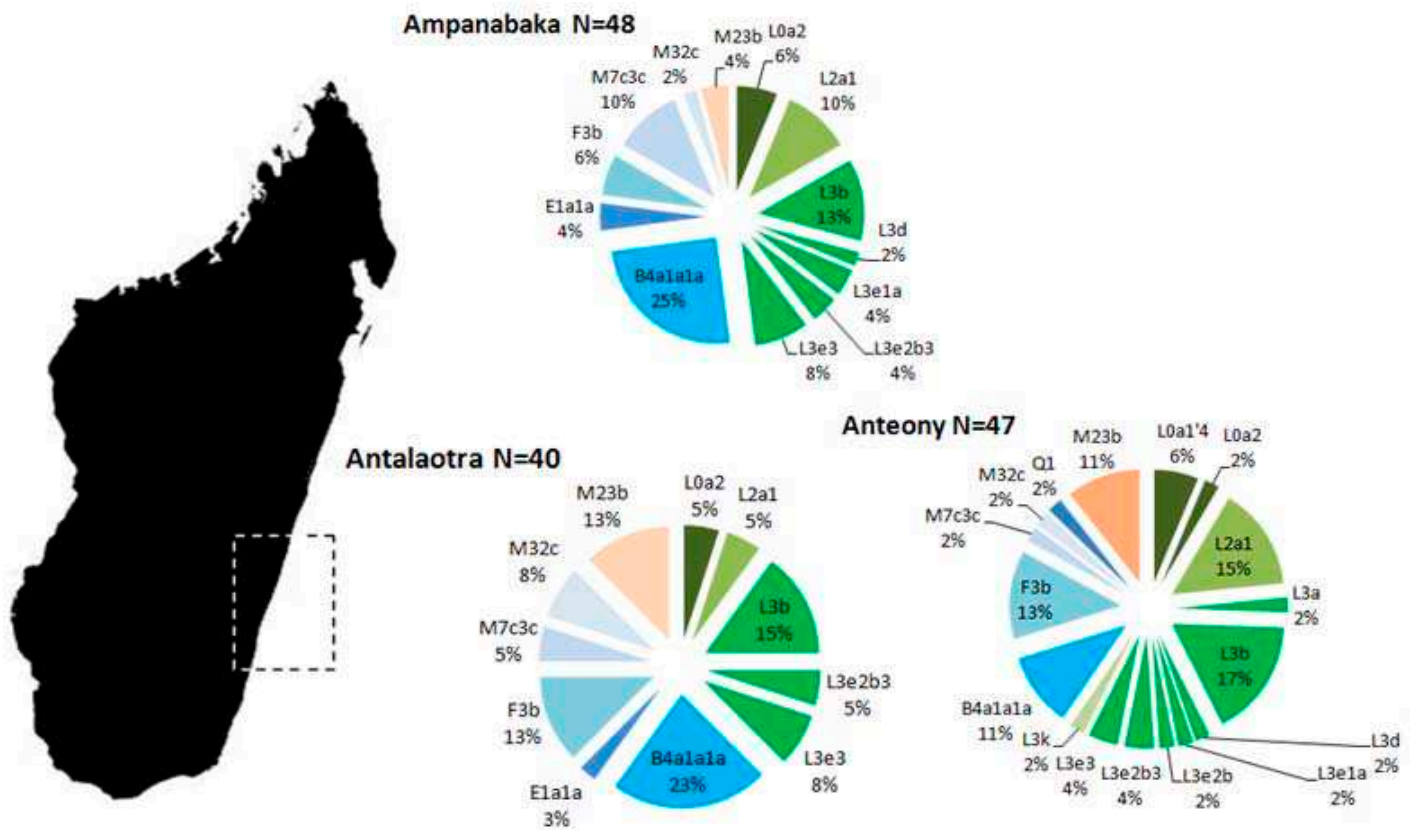
A cette composante asiatique est associée une importante composante africaine. Ont été mis en évidence des lignages appartenant aux clades L0, L2 et L3(xMN).

L0 était nommé L1a dans l'ancienne nomenclature (Salas *et al.* 2004, Behar *et al.* 2008). La sous-branche dont dérivent L0a1'4 est présente à 6% chez les Ampanabaka, 5% chez les Antalaotra et 8% chez les Anteony. Il est retrouvé à des fréquences variables sur tout le continent africain. Elle est majoritairement rencontrée en Afrique de l'Est et du Sud-Est, au Moyen-Orient et en péninsule Arabique. Sa fréquence diminue du sud en remontant vers le nord. La sous-division L0a est surtout rencontrée dans la partie sud, avec de fortes fréquences en Ethiopie (Salas *et al.* 2004, Harich *et al.* 2010). Elle a été décrite dans les populations côtières du Sud-Est de Madagascar (Tofanelli *et al.* 2009).

L'haplogroupe L2a1, constitue respectivement 10%, 5% et 15% de la diversité dans les groupes Ampanabaka, Antalaotra et Anteony. L2a est l'haplogroupe le plus fréquent sur le continent africain. Il est présent en Afrique Centre, Ouest et Sud-Est où il est probablement le résultat de l'expansion bantoue et en Afrique du Nord-Ouest lié à la traite trans-Saharienne (Harich *et al.* 2010). L2a1 est surtout rencontré en Afrique du Sud-Est (Pereira *et al.* 2001, Salas *et al.* 2002).

Enfin le clade L3 est celui qui est le plus représenté chez les malgaches : 31% chez les Ampanabaka, 28% chez les Antalaotra et 36% dans le groupe Anteony. Sur le continent les plus fortes fréquences sont retrouvées en Afrique du Nord et de l'Est mais il reste omniprésent sur le continent. On distingue la branche L3a présente chez un individu Anteony, définie par les positions 152 et 16316 sur la D-Loop. Il est retrouvé sur tout le continent africain avec de plus fortes fréquences en Afrique de l'Est (Salas *et al.* 2002). Les L3b (Ampanabaka 13%, Antalaotra 15% et Anteony 17%) et L3d (Ampanabaka 2%, Anteony 2%) sont principalement rencontrés en Afrique de l'Ouest et du Nord (Harich *et al.* 2010, Salas *et al.* 2002). L'haplogroupe L3e (Ampanabaka 16%, Antalaotra 13% et Anteony 12%), est le plus ancien clade L3 (Salas *et al.* 2002). Son origine serait Centre-Afrique et/ou Soudan (Bandelt *et al.* 2001). Enfin un individu Anteony est L3k. Cet haplogroupe ne se définit que par la mutation en 235 sur HVII. Il est par conséquent peu décrit et n'est pour le moment retrouvé que chez quelques individus d'Afrique du Nord (Harich *et al.* 2010).

Aucun des trois groupes Antemoro ne se différencie des autres ($-0.00918 < F_{ST} < 0.00659$; p-value non significative). Ils partagent six haplotypes mitochondriaux (D-Loop : 16024-236). Les Ampanabaka partagent six haplotypes avec les Anteony et deux avec les Antalaotra ; ces deux derniers groupes ne partagent que deux haplotypes.

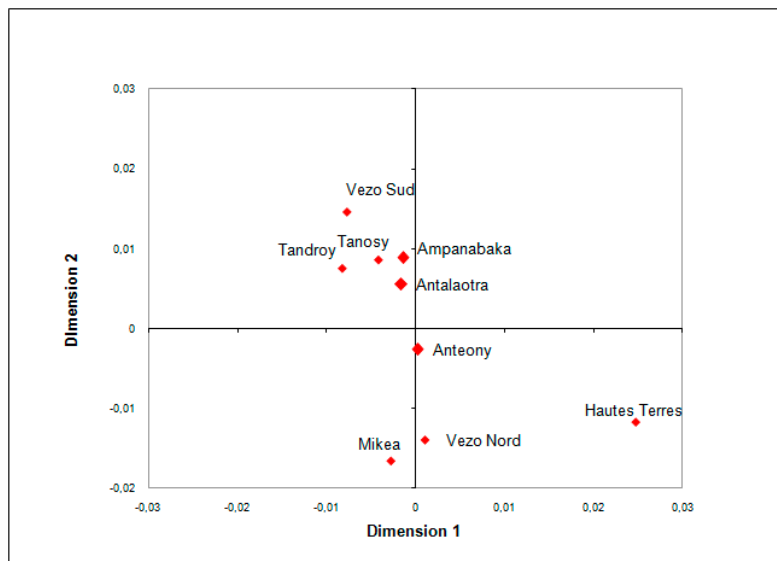


	N	k	h	Tajima (D)	FS de Fu	Θk	ΘS
Ampanabaka	48	22	0.9379 +/- 0.0213	-0.636 (0.260)	-2.376 (0.226)	12.618 (3.841)	17.71176 [9.461911, 29.334187]
Antalaotra	40	22	0.9513 +/- 0.0189	-0.271 (0.471)	-2.783 (0.190)	11.519 (3.659)	19.28756 [10.472271, 35.579532]
Anteony	47	29	0.9741 +/- 0.0095	-0.952 (0.187)	-6.128 (0.065)	16.528 (4.944)	31.292781 [17.695347, 55.857582]

Figure 35. Diversité génétique intrapopulationnelle HVI et II dans les trois groupes Antemoro. N : Nombre total d'individus ; k : Nombre d'haplotypes ; h : Diversité génétique ; Θ_k : nombre moyen d'haplotypes; Θ_S : nombre moyen de sites polymorphes.

c- Comparaison à l'échelle locale.

La comparaison de la diversité génétique sur HVI des Antemoro avec celle des autres groupes malgaches, pour lesquels ces données étaient disponibles, révèle que nos trois groupes sont très peu différenciés. Les p-values des F_{ST} sont non significatives à un seuil de 1% pour tous les groupes malgaches, hormis entre les Anteony et le groupe des Hautes Terres mais la différenciation reste très faible ($F_{ST}=0.003$; p-value<0,01). Ces valeurs ont été représentées par MDS (Figure 36). Il faut signaler que dans ce cas le groupe des Hautes Terres est un regroupement des données de Hurles (2005) (N=37), ainsi que des Merina (N=9) de l'étude de Tofanelli (2009) et des Tsimahafotsy (N=6) de Razafindrazaka (2010) afin d'obtenir un effectif suffisant.



	Ampanabaka	Anteony	Antalaotra	Hautes Terres	Tanosy	Tandro	Mikea	Vezo Nord	Vezo Sud
Ampanabaka	0.00000	-	-	-	-	-	-	-	-
Anteony	0.00308	0.00000	-	+	-	-	-	-	+
Antalaotra	-0.01249	-0.00327	0.00000	-	-	-	+	-	-
Hautes Terres	0.02868	0.03267	0.02209	0.00000	+	+	+	-	+
Tanosy	-0.01371	0.01076	-0.00457	0.03830	0.00000	-	+	+	-
Tandro	0.00390	0.01923	0.00963	0.03589	0.00541	0.00000	-	-	-
Mikea	0.02314	0.01603	0.02761	0.02829	0.02655	0.02194	0.00000	-	+
Vezo Nord	0.02224	0.00432	0.01967	0.02245	0.02856	0.01926	0.00244	0.00000	+
Vezo Sud	-0.00476	0.03348	0.01146	0.05003	-0.00411	0.00448	0.02987	0.03573	0.00000

Figure 36. MDS calculée à partir des F_{ST} du tableau par paire de populations au sein des groupes malgaches sur la base des données HVI.

Valeurs F_{ST} sous la diagonale ; p-values au dessus de la diagonale. (+) pvalue significative à un seuil de 1% ; (-) pvalues non significatives. Stress de Kruskal= 0,329.

Afin de comparer la diversité génétique des Antemoro avec celle des populations de Madagascar et des Comores, une ACP a été réalisée sur la base des fréquences d'haplogroupes (Figure 37). L'axe 1 représente 53,71% de la variabilité et l'axe 2, 23,87%. Les haplogroupes ont été

regroupés en sub-haplogroupes. Les haplogroupes L0, L3, E1a, B4a, F3b et M7c3c contribuent majoritairement à l'axe 1 ; les haplogroupes L1, L2, et M23 à l'axe 2. Les haplogroupes restant L*, L4, M*, R* et Q1 contribuent à moins de 1% de la variabilité des deux axes. Les Antemoro diffèrent des autres populations par la présence de l'haplogroupe L0 qui est uniquement retrouvé chez les Tanosy du Sud et les Comoriens et par l'absence de l'haplogroupe L1 retrouvé dans les populations du Nord de Tuléar, les Antandroy et les Comoriens. L'haplogroupe M23 est d'ailleurs un peu plus fréquent dans nos groupes Anteony et Antalaotra, fréquences plus proches de celles rencontrées dans les Hautes Terres. Les Anteony diffèrent par la fréquence de la branche F3b (13%) qui est plus importante que dans les autres groupes malgaches utilisés pour la comparaison (2-9%) et par la présence de l'individu appartenant à l'haplogroupe du Sud-Est asiatique Q1. Les Antalaotra font partie des groupes malgaches ayant les fréquences les plus élevées de l'haplogroupe M32c, et avec les Hautes Terres, ils possèdent les fréquences les plus faibles de l'haplogroupe L2. Néanmoins, ces différences sont faibles et peuvent être dues à un biais d'échantillonnage.

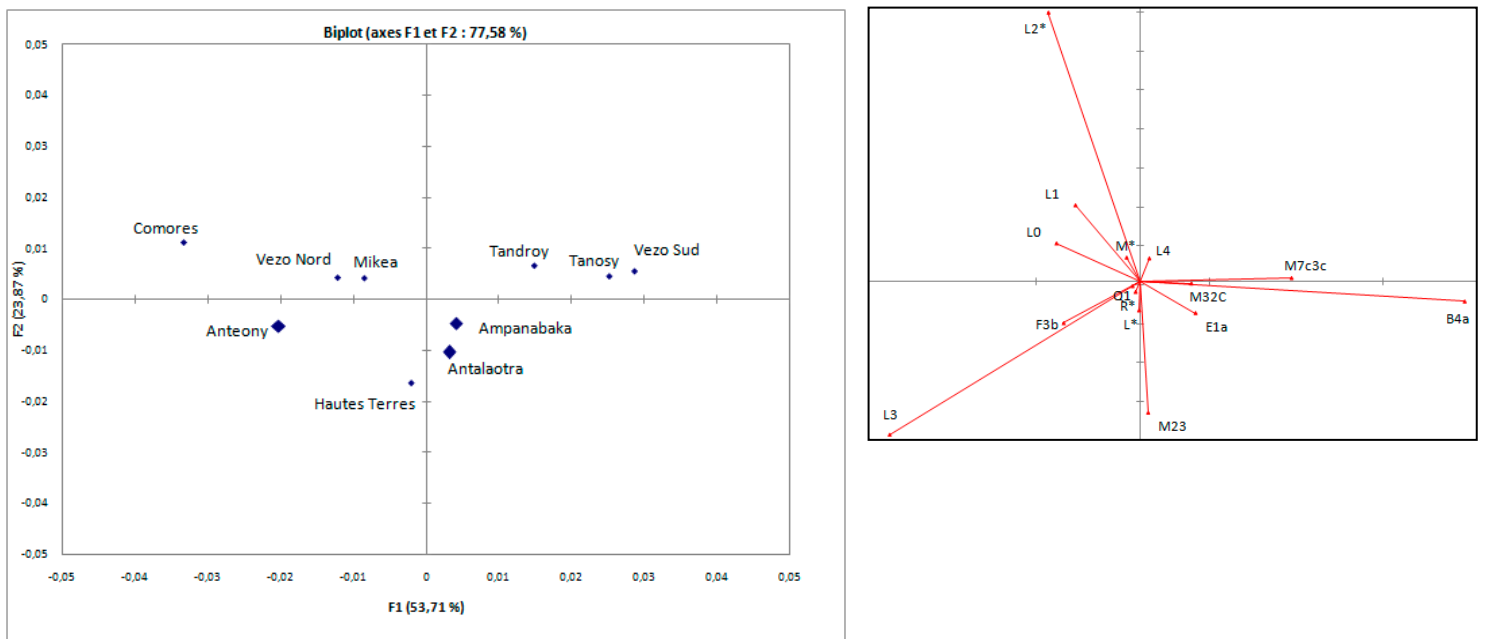


Figure 37. ACP calculée à partir de la fréquence des haplogroupes sur les lignées maternelles dans les populations malgaches et des Comores.

Les groupes malgaches des Antaisaka et des Andriana n'ont de nouveau pas été utilisés pour les analyses statistiques, du fait du faible effectif pour l'un et du caractère très consanguin de l'autre (Tofanelli *et al.* 2009, Razafindrazaka 2010). En revanche ils ont été utilisés pour la recherche des lignées partagées. On observe que plus de la moitié des haplotypes Antemoro basés sur HVI sont retrouvés dans les autres groupes malgaches. Ils possèdent 10 haplotypes communs avec le groupe des

Hautes Terres et les Merina Andriana, 18 avec les groupes côtiers du sud et 18 avec les groupes côtiers du sud-ouest (Annexes 19-21).

d- Comparaison à l'échelle continentale.

La recherche d'haplotypes partagés sur HVI (Annexes 22-24), révèle que les haplotypes appartenant aux haplogroupes B4a1a1 sont partagés avec les populations d'Asie du Sud-Est et d'Océanie. A noter un haplotype également retrouvé dans notre base de données, en Afrique de l'Ouest à Cabo-Verde, où l'auteur explique sa présence par le fait que la mère de l'individu concerné aurait une probable origine hawaïenne (Brehm *et al.* 2002).

Les haplotypes M7c3c sont également retrouvés dans des populations d'Asie du Sud-Est et d'Océanie. L'un de nos haplotypes M32c est retrouvé dans deux populations d'Asie du Sud-Est.

Les haplotypes correspondant à la branche E1a ne sont partagés par aucune des populations de notre base de données.

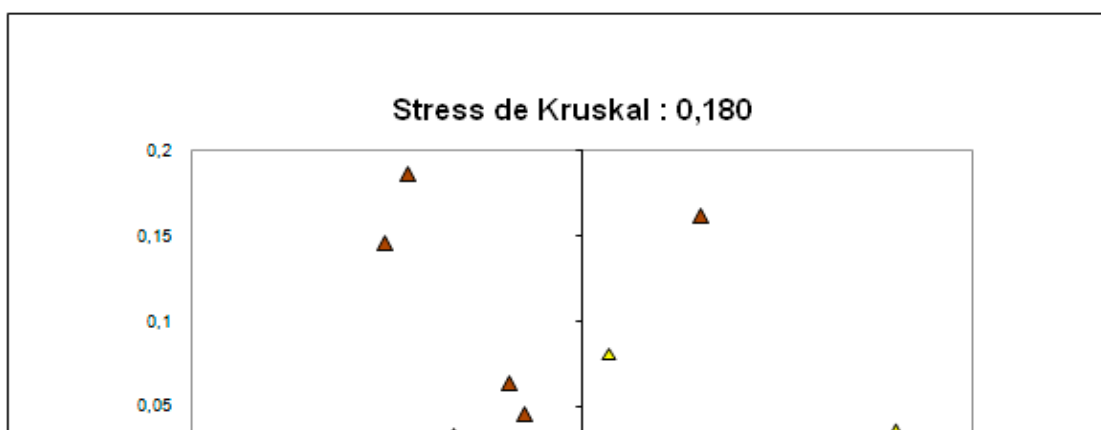
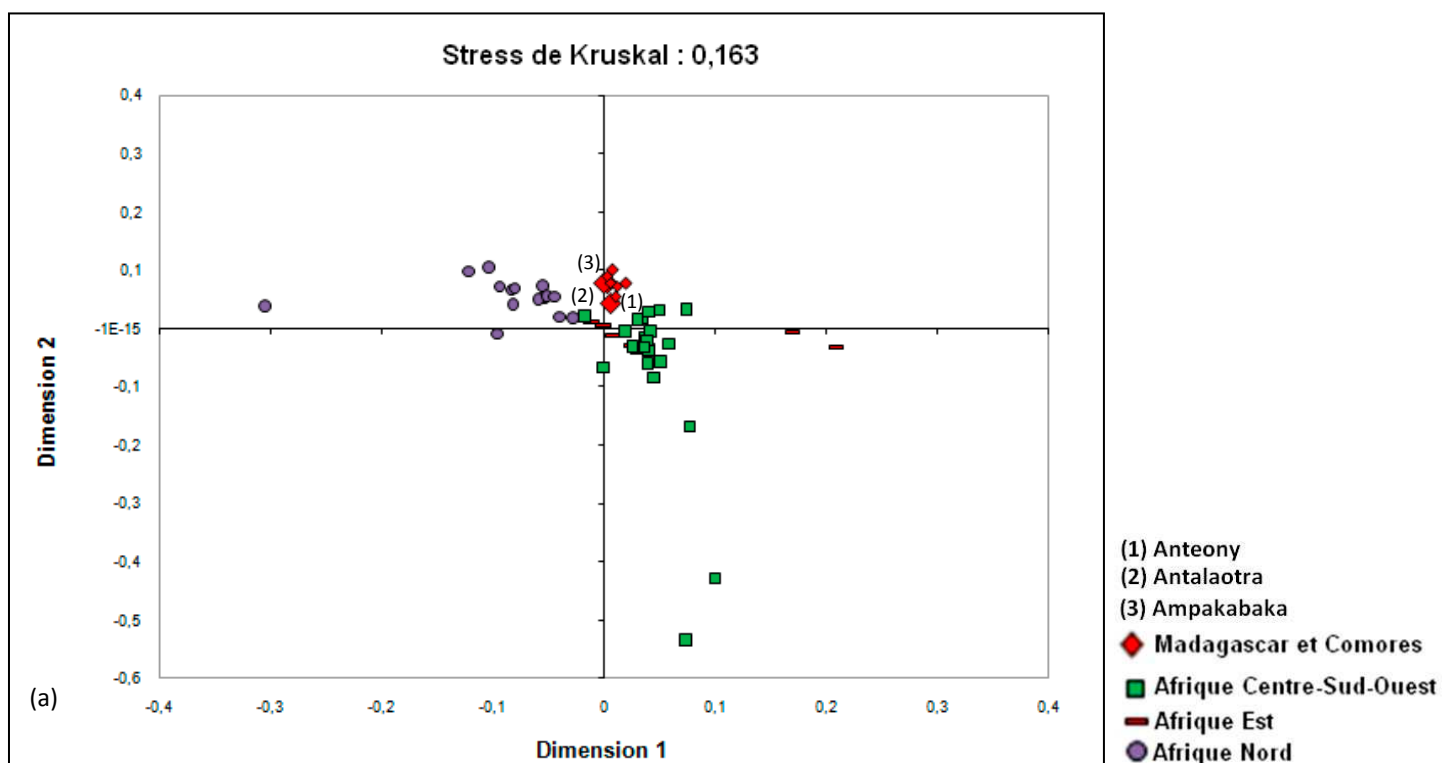
L'haplotype estimé Q1 ne partage aucun haplotype sur HVI avec les populations de notre base de données pour les régions d'Asie et d'Océanie où il est normalement retrouvé. En revanche il correspond parfaitement sur HVI/HVII à une séquence retrouvée en Arabie Saoudite elle-même estimée appartenant à l'haplogroupe Q1. En réalité la présence de cet haplogroupe en Arabie est probablement due à des arrivées récentes dans la première moitié du XX^{ème} siècle où de très nombreuses femmes indonésiennes étaient embauchées comme main d'œuvre (Abu Amero *et al.* 2007).

Concernant les haplotypes M23b, l'une des séquences correspond à celle d'un individu de Dubaï défini M*.

Pour le clade L, l'haplotype Ampanabaka L0a est retrouvé dans des populations d'Afrique Australe, de l'Est et dans la Péninsule arabique. Les haplotypes L2a1 sont retrouvés sur tout le continent Africain et un peu au Moyen-Orient. Parmi les haplotypes du clade L3, l'un des haplotypes L3b est retrouvé en Guinée-Bissau et en Arabie Saoudite, l'autre chez les berbères du Maroc et les Hadza de Tanzanie. L'haplotype L3d est partagé par sept populations d'Afrique Centre-Sud-Ouest, deux populations d'Afrique de l'Est et trois du Moyen-Orient. L3e1a et L3e1b sont retrouvés majoritairement en Afrique Centre-Sud-Ouest mais également dans quelques populations d'Afrique de l'Est et du Nord. L'un des haplotypes L3e3 est partagé avec des populations d'Afrique et du Moyen-Orient. Enfin l'haplotype L3k n'est pas retrouvé dans notre base de données.

L'indice F_{ST} a été calculé par paire de populations entre les Antemoro, les groupes malgaches et des populations de diverses autres régions géographiques (Afrique Centre-Ouest-Sud, Afrique de

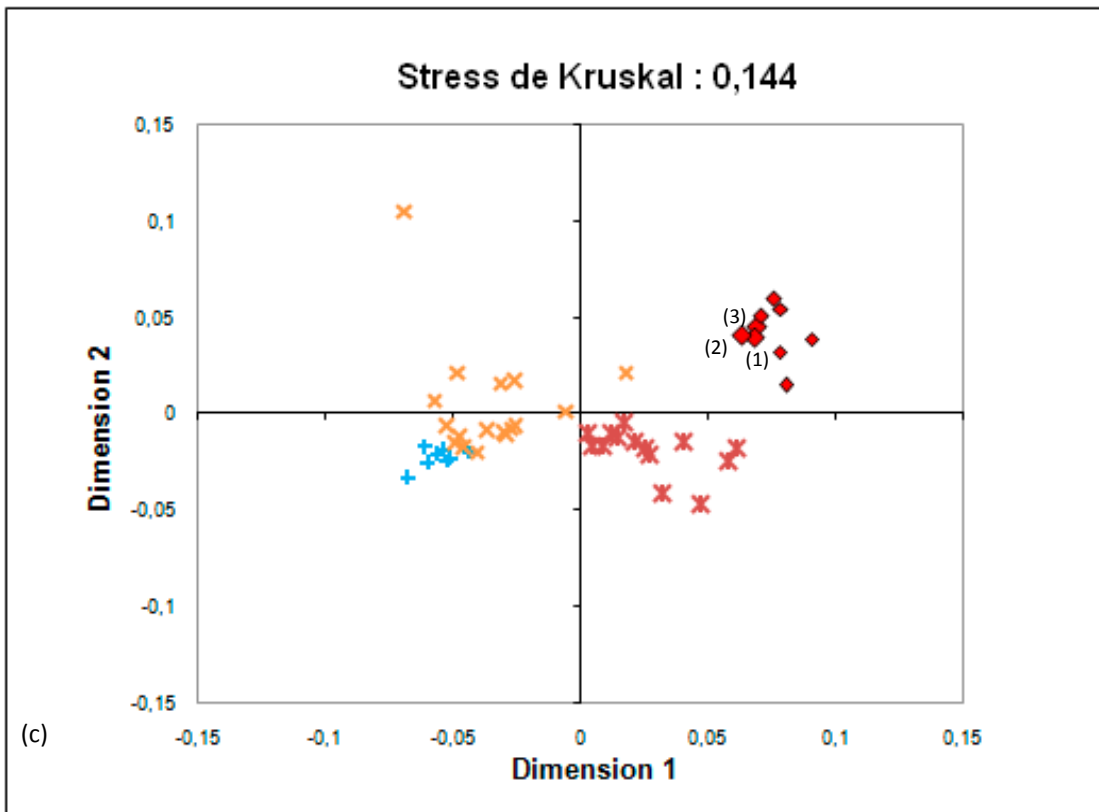
l'Est, Afrique du Nord, Moyen-Orient, Asie du Sud, Asie du Sud-Est, Océanie, Europe) (Annexe 18). Nous avons observé que les Antemoro sont faiblement différenciés des populations d'Asie du Sud-Est telles que des populations de Banjarmasin, des malais de Singapour et de Kuala-Lumpur, Sumatra et des Philippines ($0,025 < F_{ST} < 0,05$; $p\text{-value} < 0,05$). Les Ampanabaka et les Antalaotra sont également peu différenciés de populations africaines du Sénégal, du Kenya, d'Ethiopie ($0,04 < 0,057$; $p\text{-values} < 0,05$). Les Anteoony semblent avoir une plus grande diversité africaine. Ils sont peu différenciés ($0,028 < F_{ST} < 0,050$, $p\text{-value} < 0,05$) de populations d'Afrique de l'Est (Soudan, Ethiopie, Kenya), d'Afrique du Centre et Ouest (Sénégal, Guinée-Bissau, Bénin, Côte d'Ivoire) et d'Afrique du Nord (Maroc, Tunisie, Egypte). Enfin ces trois groupes possèdent des valeurs F_{ST} faibles lorsque comparés aux populations de Dubaï, du Yémen ($0,035 < F_{ST} < 0,055$) et d'Inde du Nord-Est (Tripura) ($0,056 < F_{ST} < 0,064$). Ces résultats sont visibles sur les trois MDS calculées pour chaque grande région géographique (Figure 38a : Afrique ; Figure 38b : Asie du Sud-Est et Océanie; Figure 38c : Europe et d'Eurasie occidentale). On observe dans tous les cas que les malgaches forment un sous-ensemble et qu'aucun groupe Antemoro ne s'en éloigne.



(1)
(2) (3)

- (1) Anteony
- (2) Antalaotra
- (3) Ampakabaka
- ◆ Madagascar et Comores
- ▲ Asie Sud-est
- ▲ Océanie

(b)



- (1) Anteony
- (2) Antalaotra
- (3) Ampakabaka
- ◆ Madagascar et Comores
- × Asie Sud
- + Europe
- × Moyen-Orient

Figure 38. MDS calculées à partir des valeurs F_{ST} sur la base des haplotypes HVI des populations de diverses régions géographiques. (a) Population du continent africain, (b) Asie du Sud-Est et Océanie ; (c) Europe et Eurasie de l'Ouest.

D- Discussion générale

1- Confrontation des résultats sur le NRY et les données historiques et sociales

L'analyse des lignées paternelles montre que les trois groupes Antemoro sont fortement différenciés les uns des autres ($F_{ST} > 0,1$, $p\text{-value} < 0,01$, Tableau de la Figure 29); et plus particulièrement les roturiers Ampanabaka sont génétiquement différents des descendants des anciennes castes nobles Anteony et des devins Antalaotra. Les Anteony ont une diversité génétique un peu plus faible ($h = 0,91$) que celle habituellement rencontrée dans les autres groupes malgaches ($0,95 < h < 0,99$). Une faible diversité génétique au sein d'une population en général suggère qu'elle a connu peu de migration, une importante dérive génétique ou des pressions de sélection. Dans notre cas ceci laisse présager une plus longue et importante conservation de la pratique de l'endogamie associée à une société patrilinéaire, ce qui est en accord avec le fait qu'il s'agisse des anciennes castes nobles. A l'inverse, les Antalaotra présentent la diversité génétique la plus importante, résultat possible de nombreuses migrations, d'une taille plus importante de population réduisant ainsi les phénomènes de dérive génétique et de sélection (Jobling *et al.* 2004). Les Antalaotra sont en réalité un groupe beaucoup plus hétérogène : Anakara, Antetsimeto et Zafimbolazy. On peut imaginer que ces trois sous-groupes ont des origines différentes. Rappelons que les Anakara se disent originaires d'Israël et d'Égypte, que les Antetsimeto sont parfois décrits comme déjà présents à l'arrivée de la migration « Antemoro » et que les Zafimbolazy pourraient, selon certains auteurs être un groupe déchu du pouvoir royal et ainsi être en réalité d'anciens Anteony. Par ailleurs ce sont ces détenteurs des sciences magico-religieuses qui ont très tôt parcouru Madagascar pour transmettre les Charmes et Connaissances (Beaujard 1991-1992). Si les Ampanabaka ne partagent aucun haplotype à 17 marqueurs STR-Y avec les deux autres groupes Antemoro, en revanche ces derniers partagent trois lignées réparties dans les haplogroupes E1b1a, J1 et T1. Ceci laisse entendre à des croisements entre ces deux pseudo-castes au cours du temps ou encore des origines identiques relativement récentes. La combinaison des haplogroupes J1, T1, E1b1b trouvée dans l'échantillon Anteony, et des haplogroupes J1, T1, J2b trouvée dans les Antalaotra, pourrait correspondre à la trace Arabe. Le calcul du métissage confirme bien que les Ampanabaka sont proches de la diversité génétique bantoue avec une contribution Sud-Est asiatique visible simplement par sa composition en haplogroupes. Les Antalaotra ont également ces deux composantes avec une plus forte proportion asiatique, une contribution d'Afrique de l'Est mais également une trace Moyen-orientale. Les Anteony enfin ont une importante part de leur diversité génétique attribuée au Moyen-Orient, et dans une moindre mesure, à l'Afrique de l'Est et au Sud-Est asiatique. L'haplogroupe O1a2 couramment retrouvé avec une fréquence élevée dans les populations malgaches est absent de notre population Anteony. Ceci peut être dû à un biais d'échantillonnage et avoir été limité par le critère d'endogamie.

Comparés aux autres populations malgaches, il résulte que les Ampanabaka se fondent dans la diversité « malgache » et sont plus faiblement différenciés des groupes Antanosy et Vezo du Sud. Il faut noter que les Antanosy d'après la tradition orale, seraient les descendants des islamisés de la migration précédente, celle des Zafiraminia. Par ailleurs, des contacts entre les groupes Sakalava du Menabe sur la côte ouest de Madagascar et les Antemoro ont été soulignés par certains auteurs tels que Lombard (1988). Les Ampanabaka partagent un haplotype (17 STR-Y) avec un individu Antanosy (E2b) et un Antandroy (E1b1a). Les Antalaotra sont peu différenciés des groupes des Hautes Terres. Néanmoins pour ces derniers les données sur les STR-Y ne sont pas disponibles et par conséquent aucune analyse d'haplotypes partagés n'a pu être faite. Nous pouvons noter uniquement que pour les quelques profils disponibles pour les Merina de cette région, aucun haplotype à 17 marqueurs n'est partagé. Les contacts entre les Hautes Terres et plus particulièrement les Merina sont attestés, entre autre vers 1800, des scribes Antemoro Anakara furent appelés en Imérina par Andriampoinimerina. Ils y reçurent des charges de conseillers (Deschamps 1972). Les Anteoony sont fortement différenciés de tous les groupes malgaches. La diversité des haplogroupes nous permet de constater le pourquoi de ces différences entre anciennes « caste » nobles Antemoro et les autres groupes malgaches. En effet, ils diffèrent par la présence des deux haplogroupes T1 et J1 (à noter encore une fois que le SNP déterminant l'haplogroupe J1 ne fut pas testé dans les Hautes Terres). Ceci est d'ailleurs visible sur l'ACP (Figure 32). Ces deux haplogroupes constituent la majorité de la diversité génétique des Anteoony. Les haplotypes associés à l'haplogroupe J1 sont peu nombreux. Cette forte fréquence est à l'évidence due à l'endogamie et un effet fondateur (le patrimoine génétique de la population fille ne représente qu'une fraction de celui de la population mère : son évolution de façon isolée entraîne l'augmentation de certains polymorphismes).

L'origine du J1(M267) est associée au Moyen-Orient et sa diffusion se serait faite depuis la Péninsule arabique. L'haplogroupe T, retrouvé à très faible fréquence à l'échelle mondiale aurait également une origine dans le Moyen-Orient. Il aurait diffusé par de nombreux processus démographiques comme la propagation de l'agriculture, les exils assyrien et babylonien, et la diaspora juive (Mendez *et al.* 2011). Sa présence en Asie de l'Est pourrait être due à des échanges via l'ancienne route de la soie (Zhong *et al.* 2011). Actuellement ils sont retrouvés majoritairement au Moyen-Orient mais également en Afrique orientale, en Afrique du Nord, et probablement dans d'autres régions qui auraient été en contact avec ces régions géographiques.

Toutefois, le Network Median-Joining sur l'haplotype minimal J1 montre que le J1 Antemoro correspond exactement à ceux retrouvés pour des individus de Chypre, de Turquie et de Palestine (Figure 33). Il est encadré entre autres en amont et en aval par des individus comoriens. L'étude sur les Comores de Msaidie (2010) montre la présence aux Comores des haplogroupes E-V22, E-M123, G2a, J1, J2, R1a1 et R2. L'auteur associe ce flux de gènes à l'Iran ce qui concorderait avec les données

historiques, attestant de la présence des commerçants Arabo-Shirazi aux Comores ainsi que des traditions orales comoriennes racontant que des princes Shirazi venus à bord de navires vinrent s'établir sur les îles. On peut ainsi supposer que même s'il ne s'agit pas de la même migration, ces haplotypes pourraient vraisemblablement avoir une même origine et leur arrivée s'être faite à des périodes plus ou moins proches. Le fait que les indices F_{ST} les plus faibles lors de la comparaison des Anteony avec les diverses populations de notre base de données soient avec des populations d'Oman ($F_{ST}=0,142$) et des Emirats Arabes Unis ($F_{ST}=0,155$) serait cohérent avec une origine en provenance du golfe Persique. Le Network Median-Joining sur le T1 rapproche nos haplotypes d'individus d'Israël, du Liban et de la Palestine. L'association des ces deux lignées tend à converger vers une origine dans le Golfe Persique ou dans le Proche-Orient.

La très forte proportion de lignées asiatiques dans le groupe Antalaotra peut correspondre à des métissages avec à la diversité « malgache » déjà présente dans la région à leur arrivée. Ou encore, il est possible d'imaginer que pour certains d'entre eux, l'origine soit rattachée à l'Asie du Sud-Est islamisée. La présence des haplogroupes J2b, E2b et J1 et T1 dont certains sont partagés avec les Anteony, traduirait néanmoins une origine du côté de l'Afrique de l'Est, du Nord et du Moyen-Orient. Par ailleurs certains des haplotypes (E1b1a, J1 et T1) sont partagés entre les Anteony et les Antalaotra soulignant des origines similaires pour une partie d'entre eux ainsi que des métissages plus ou moins récents.

Les Ampanabaka s'insèrent dans la diversité habituellement rencontrée à Madagascar avec une forte proportion de E1b1a associé à du O1a2. La majorité de l'échantillonnage provient de la région de Manakara à 40 kilomètres de Vohipeno. Il peut donc s'agir de groupes « malgaches » anciennement venus se placer sous l'autorité du Royaume Antemoro. Il faut noter que parmi eux un individu s'est dit Ampabanaka-Antefasy autre ethnie de la région, mettant ainsi en évidence les métissages possibles avec les autres groupes malgaches au cours du temps. L'association des haplogroupes J2b, E1b1b et E2b est absente de cette localité. Ils sont retrouvés dans les Ampanabaka de la région de Vohipeno (N=7). Par ailleurs l'haplotype J2b pourrait correspondre à une lignée d'origine Moyen-orientale. Ceci pourrait suggérer des influences ou une histoire de leurs origines différentes pour une partie d'entre eux. Néanmoins un échantillonnage plus important parmi différents groupes Ampanabaka de diverses régions serait nécessaire, pour permettre une interprétation.

2- Confrontation des résultats sur l'ADNmt et les données historiques et sociales

Les lignées maternelles font apparaître les haplogroupes couramment retrouvés à Madagascar. La grande majorité des haplotypes HVI est partagée avec au moins une population malgache du Sud et

des Hautes Terres. Ceci traduit l'existence de nombreux mouvements populationnels intra-Madagascar et de nombreux métissages. Cette diversité génétique est très homogène et importante traduisant des arrivées récentes. Est retrouvé entre autres le « motif polynésien » (et plus particulièrement le « motif malgache » (-1473 HhaI)), reflet de la migration des malais austronésiens. Ceci est confirmé par les F_{ST} qui montrent que nos Antemoro ont de plus fortes affinités génétiques avec des populations du Sud de Bornéo, des groupes de Malais et les populations de Sumatra ($0,024 < F_{ST} < 0,052$; Annexe 18). Rappelons qu'il en est de même pour les haplogroupes Y Antalaotra dont le calcul des F_{ST} rapproche la diversité génétique des populations de Java et de Sulawesi ($0,067 < F_{ST} < 0,072$; Annexe 11). Concernant les origines africaines des lignées maternelles à Madagascar, il apparaît que les indices F_{ST} sont faibles d'une façon générale lorsque les Antemoro sont comparés avec le Kenya et le Sénégal ($0,028 < F_{ST} < 0,050$; Annexe 18). Les Antemoro qui ont une diversité africaine plus importante se rapprochent de diverses autres populations des quatre coins d'Afrique. On retrouve chez les Antemoro et les malgaches d'une façon plus générale, des haplogroupes rencontrés plus fréquemment dans le sud-est, le centre mais également dans l'ouest du continent africain. Notons que l'étude sur l'anémie falciforme dans les groupes malgaches menée par Hewitt *et al* (1996), a mis en évidence la présence de l'allèle qu'il nomme β_s bantou, majoritaire à Madagascar mais également en plus faible fréquence d'autres variants de cet allèle d'origine d'Afrique du Sud, du Centre et du Sénégal.

Une hypothèse serait que la présence de ces haplogroupes soit liée à l'expansion bantoue qui s'est faite depuis l'Ouest de l'Afrique vers l'Est, et serait arrivée à Madagascar en traversant le canal du Mozambique par le biais de mouvements de populations ou en relation avec la traite effectuée par des razzias sur la côte sud-est et est de l'Afrique. La seconde hypothèse, qui n'exclut pas la première, est que le transit de ces groupes populationnels dans la partie nord du continent se soit fait depuis l'ouest de l'Afrique vers la côte orientale par la route trans-Saharienne (Harich *et al.* 2010).

L'analyse du pool génétique maternel révèle l'absence d'haplogroupes typiques du Moyen-Orient. Ce biais a été décrit pour les populations comoriennes (Msaidie *et al.* 2011). Ce résultat coïncide avec la plupart des traditions Antemoro voulant que les migrants soient des hommes qui auraient pris femme sur la Grande Ile. Par ailleurs à cette époque, les hommes dominaient les échanges commerciaux et les mouvements de conversions religieuses. Les patrimoines maternels des trois groupes Antemoro sont ainsi faiblement différenciés des autres populations malgaches ($-0,013 < F_{ST} < 0,033$, avec des p-values rarement significatives à un seuil de 5%). Les Antemoro ($h=0,974$) montrent un indice de diversité génétique intrapopulationnelle un peu plus élevé que les deux autres groupes Antemoro (Tableau en figure 35). Ce sont eux qui possèdent la plus grande proportion de lignées africaines. Du fait qu'il s'agit de descendants d'un groupe noble, les mariages avec les femmes de groupes malgaches présentes sur la côte étaient fréquents pour la constitution des alliances. C'est

dans les groupes Antalaotra, Anteony et des Hautes Terres que sont retrouvées actuellement les plus fortes fréquences en M23 (respectivement 10, 12 et 15%), haplogroupe à l'origine non clairement définie mais qui serait peut-être associé à une origine ouest-urasienne (Ricaud *et al.* 2009). Ces variations de fréquences restent faibles et peuvent être dues à un biais d'échantillonnage. Les haplogroupes de la branche L0a semblent pour le moment n'être retrouvés que dans les populations de la côte sud-est (Ampanabaka, Antalaotra, Anteony et Antanosy) et absents des Hautes Terres et des groupes du sud-ouest. L'haplogroupe Q1 retrouvé dans le groupe Anteony, dont les plus fortes fréquences sont décrites en Mélanésie et Nouvelle Guinée, n'est pas retrouvé dans les populations de ces régions constituant notre base de données. Cet haplotype est retrouvé en Arabie Saoudite, où il constitue probablement un arrivage récent du XX^{ème} siècle depuis l'Indonésie. Il peut s'agir d'un haplogroupe arrivé avec les vagues austronésiennes à l'origine du peuplement de l'île. Mais le fait qu'il n'ait pas encore été retrouvé dans les autres groupes malgaches pourrait signifier que cette lignée est issue de la migration Antemoro, ou tout au moins Zafiraminia/Onjatsy. Ceci impliquerait alors, soit une migration venue d'Asie du Sud-Est pour au moins une partie des Antemoro, soit que les groupes des migrations précédentes viennent de cette région d'Asie. Les Antemoro dès leur arrivée ont pris pour épouses des femmes Onjatsy permettant à ce groupe d'accéder à une place importante dans cette société. Cet haplogroupe asiatique est noyé dans la diversité asiatique propre au fond plus ancien des migrants austronésiens, M32c, M7c3c, F3b et le motif malgache du B.

VI- Conclusions et perspectives d'études

A- Conclusions principales

L'analyse des trois systèmes Gm, NRY et ADNmt donne des informations complémentaires. Il découlait de l'étude des allotypes du Gm que les Antemoro étaient inscrits dans la diversité malgache du Sud. Aucun lien avec les régions du Moyen-Orient n'avait été mis en évidence traduisant ainsi une origine des islamisés en Afrique ou en Asie du Sud-Est, où encore que la migration « arabe » était diluée dans la diversité « malgache ». Néanmoins ces résultats étaient biaisés par l'absence de prélèvement dans la pseudo-caste Anteony.

L'étude du polymorphisme STR-Y et SNP du NRY révèle, entre autre, que la diversité génétique des descendants des groupes nobles est constituée majoritairement de deux haplogroupes J1 et T1 et qui sont probablement rattachés à la migration des islamisés. Cette trace apparait bien diluée dans une diversité africaine et Sud-Est asiatique chez les Antalaotra ce qui rend sa lecture difficile. Le fait que la filiation Anteony soit patrilinéaire et qu'ils aient probablement conservés pendant longtemps la pratique d'une certaine endogamie facilite la lecture de cette trace mais en parallèle la diversité génétique de ce groupe s'en trouve réduite. L'association de ces deux haplogroupes et leur

correspondance avec des haplotypes sur 7 marqueurs STR-Y avec des individus du Proche-Orient, ainsi que la proximité des haplotypes J1 avec ceux d'individus des Comores, va dans le sens d'un arrivage direct depuis le Moyen-Orient de petits groupes de migrants.

Aucun haplogroupe mitochondrial typique du Moyen-Orient n'est retrouvé, ce qui permet de confirmer que les migrants n'étaient que des hommes. Les femmes auraient été choisies sur place, ou encore « transportées » depuis la côte est africaine. Les traditions relatent un passage par cabotage le long de cette côte. La présence de nombreuses lignées masculines et féminines africaines peut en partie provenir de cette expédition.

Bien qu'au vu de ces résultats il semble s'agir de l'hypothèse la plus probable, le fait que l'effectif des migrants devait être faible, le phénomène d'effet fondateur peut brouiller la lecture. De même ces conclusions reposent sur les données utilisées en comparaison. Les haplotypes J1 et T1 de nos Antemoro n'ont peut-être pour le moment pas encore été échantillonnés dans les autres régions géographiques.

Enfin l'hypothèse qui est de plus en plus admise est celle d'une arrivée depuis l'Asie du Sud-Est. Chez les Anteony, seul deux individus d'haplogroupes O2a1 sont clairement d'origine asiatique. Cet haplogroupe absent de notre échantillon Ampanabaka est en revanche très présent chez les Antalaotra. La faible composante Sud-Est asiatique pour les lignées paternelles Anteony peut venir d'un biais d'échantillonnage ainsi que du fort impact des lignées J1 et T1.

En revanche une forte proportion de ces lignées d'origine Asie du Sud-Est est retrouvée chez les Antalaotra. Soit cette diversité vient d'importants métissages avec les autres groupes malgaches (les Zafiraminia, par exemple, ont une origine indonésienne assez bien admise (Beaujard 2007)), soit il s'agit de la diversité génétique apportée par la migration Antemoro. Notons que si l'on considère les études ethnologiques, l'endogamie était très stricte jusqu'à il y a peu chez les Antalaotra (Deschamps & Vianes 1959). Si cela est bien le cas, la diversité génétique devrait être réduite par l'effet de dérive, ce qui n'est pas le cas. Il faut également rappeler que les Anteony et les Antalaotra partagent trois lignées paternelles, reflet du non respect de cette pratique tout au moins depuis des périodes récentes et l'absence de forts effets fondateurs chez les Antalaotra.

Les mêmes questions peuvent se poser pour l'haplogroupe Q1 retrouvé chez un Anteony pour les lignées maternelles. Le fait qu'il ne soit pas encore retrouvé à Madagascar laisse envisager que cette lignée soit arrivée avec la migration Antemoro.

Toutefois, si l'on postule que cette migration a débuté depuis les régions du Sud-Est asiatique il semble pour le moment plus probable qu'il ait eu des relais par le Moyen-Orient et la côte africaine.

Par ailleurs, le fait que seuls deux haplogroupes dont l'origine génétique est typiquement le Moyen-Orient, soient retrouvés peut mener à trois hypothèses. Soit il s'agit d'un biais d'échantillonnage et de plus amples prélèvements dans nos groupes malgaches permettraient d'obtenir d'autres haplogroupes représentatifs de cette région géographique. Soit dès le départ ces haplogroupes étaient dilués dans un fond Africain voire Sud-Est asiatique. Soit il s'agit d'un effet fondateur de quelques lignées masculines moyen-orientales, dont seules quelques-unes seraient actuellement encore présentes (J1, T1 et probablement aussi J2b et E1b1b). Des lors, si la génétique ne permet pas d'infirmer ou confirmer une théorie unique de l'arrivée des peuples Antemoro, cette étude a permis pour la première fois de mettre en évidence une trace biologique moyen-orientale.

La faible diversité rencontrée peut s'expliquer par les critères socioculturels déjà cités, mais également par des critères historiques. Ajoutés à une arrivée d'un faible nombre de migrants, il y a certainement eu des disparitions et remplacements de lignées du fait des nombreux conflits qu'ont connus ces groupes, conflits décrits entre autres dans les récits des campagnes de La Case. Et également plus récemment, en raison de la révolte Ampanabaka contre l'autorité Anteoony et à l'insurrection de 1947.

B- Perspectives

Ce travail a cherché à apporter sa contribution à la recherche des origines probablement diverses de l'ethnie Antemoro. Néanmoins l'influence Arabe sur le pool génétique semble moindre par rapport à l'impact culturel. Les Antemoro forment un groupe génétiquement isolé par rapport aux données actuellement disponibles sur les autres populations malgaches reflétant bien une histoire et des origines génétiques particulières.

D'un point de vue génétique, il serait intéressant de mieux définir les haplogroupes T1 afin de préciser l'origine des haplotypes correspondants. L'analyse d'autres marqueurs génétiques, sur les autosomes apporterait également des informations complémentaires.

Aucun haplogroupe typique du Moyen-Orient (entre autre le J1(M267)) n'est retrouvé dans notre base de données au Kenya et en Tanzanie. Il serait intéressant d'étudier la diversité génétique des archipels de Kilwa et Zanzibar, ce qui permettrait de donner plus de poids à l'hypothèse d'une arrivée directe ou après un passage par ces archipels, et ainsi associer cette migration à leur histoire. On sait par exemple, que le Royaume de Kilwa fut dirigé pendant une période (X^{ème} au XIII^{ème} siècle) par des princes Shirazi puis par la dynastie des Mahdalī, du sud-ouest du Yémen. Ce nouveau pouvoir était

alors lié aux Seldjoukides du golfe Persique et aux Indiens du delta de l'Indus et du Deccan. Ce Royaume connut des crises dynastiques et des guerres de succession vers la fin du XV^{ème} siècle (Pradines *et al.* 2002). De même, il faut noter l'absence de données sur les groupes d'Asie du Sud-Est qui auraient été directement en contact avec les commerçants arabes et les premières populations islamisées et qui nous empêche de réfuter totalement cette origine, même peu probable.

A une échelle locale, obtenir des données génétiques sur les populations du nord de Madagascar, populations qui furent en contacts avec les comptoirs arabo-islamiques, se révèle crucial. De même, à titre de comparaison, l'étude des groupes Antambahoaka et Onjatsy issus des deux migrations d'islamisés précédentes, permettrait de mieux définir leur contribution au pool génétique Antemoro.

Il serait par ailleurs intéressant d'obtenir un échantillonnage plus important de chacun des sous-groupes constituant les pseudo-castes. Suite à ce travail, il semble à première vue que les Anakara, les Zafimbolazy et les Antetsimeto du groupe Antalaotra, n'ont pas la même diversité génétique. Ceci peut être dû à un effet fondateur et de dérives génétiques propres à chaque village, ou à des origines différentes. De même des prélèvements biologiques dans des groupes Ampanabaka de la région de Vohipeno pourraient permettre de mieux appréhender leur histoire et de rechercher une possible trace arabe dans ces groupes. L'échantillonnage d'autres villages Anteony plus éloignés d'Ivato permettrait d'avoir une approche plus exhaustive de la diversité génétique de ce groupe, et de peut-être préciser l'origine des lignées J1 et T1. Enfin, un groupe Antemoro que nous avons cité mais qui ne fit pas l'objet de ce travail est le groupe des parias Antevolo. Ce groupe semble très composite, il pourrait s'agir pour certains auteurs, d'anciens nobles destitués de leur pouvoir. Ils pourraient être aussi bien Antemoro que descendants de groupes Zafiraminia, que des « premiers » occupants de cette région de Madagascar, n'ayant pas voulu se soumettre à la nouvelle autorité (Beaujard & Tsaboto 1996, Rolland 1997, 2007). L'étude de ce groupe serait particulièrement délicate. La prise de contact et plus encore le recueil de prélèvements qu'ils soient sanguins ou salivaires, ferait de l'opérateur un paria aux yeux de la société Antemoro.

Ce travail constitue un premier pas dans la recherche de l'origine génétique des groupes islamisés du sud-est de Madagascar et de la Grande Ile d'une façon plus générale. Il met en évidence la présence évidente d'une origine biologique rattachée directement ou indirectement au Moyen-Orient pour certains groupes Antemoro. Celle-ci est probablement liée à l'histoire des migrations d'islamisés arabo-persans du XV^{ème} siècle.

VII- Références

Références en biologie moléculaire :

- Abu-Amero K.K., Gonzalez A.M., Larruga J.M., Bosley T.M. and Cabrera V.M. (2007). Eurasian and African mitochondrial DNA influences in the Saudi Arabian population. *BMC Evol Biol* 7, 32.
- Abu-Amero K.K., Hellani A, Gonzalez AM, Larruga JM, Cabrera VM and Underhill PA (2009). Saudi Arabian Y-Chromosome diversity and its relationship with nearby regions. *BMC Genet* 10, 59.
- Adams S.M, Bosch E, Balaesque PL, Ballereau SJ, Lee AC, Arroyo E, Lopez-Parra AM, Aler M, Grifo MS, Brion M, Carracedo A, Lavinha J, Martinez-Jarreta B, Quintana-Murci L, Picornell A, Ramon M, Skorecki K, Behar DM, Calafell F and Jobling MA (2008). The genetic legacy of religious diversity and intolerance: paternal lineages of Christians, Jews, and Muslims in the Iberian Peninsula. *Am J Hum Genet* 83, 725-736.
- Alakoc Y.D., Gokcumen O., Tug A., Gultekin T., Gulec E. and Schurr T.G. (2010). Y-chromosome and autosomal STR diversity in four proximate settlements in Central Anatolia. *Forensic Sci Int Genet* 4, e135-7.
- Alshamali F., Pereira L., Budowle B., Poloni E.S. and Currat M. (2009). Local population structure in Arabian Peninsula revealed by Y-STR diversity. *Hum Hered* 68, 45-54.
- Al-Zahery N., Semino O., Benuzzi G., Magri C., Passarino G., Torroni A. and Santachiara-Benerecetti A.S. (2003). Y-chromosome and mtDNA polymorphisms in Iraq, a crossroad of the early human dispersal and of post-Neolithic migrations. *Mol Phylogenet Evol* 28, 458-72.
- Anderson S, Bankier A.T, Barrell B.G, de Bruijn M.H, Coulson A.R, Drouin J, Eperon I.C, Nierlich D.P, Roe B.A, Sanger F, Schreier P.H, Smith A.J, Staden R and Young I.G (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature* 290, 457-465.
- Andrews R.M., Kubacka I., Chinnery P.F., Lightowlers R.N., Turnbull D.M. and Howell N. (1999). Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nat Genet* 23, 147.
- Arredi B, Poloni E.S, Paracchini S, Zerjal T, Fathallah D.M, Makrelouf M, Pascali V.L, Novelletto A and Tyler-Smith C. (2004). A predominantly neolithic origin for Y-chromosomal DNA variation in North Africa. *Am J Hum Genet* 75, 338-345.
- Arroyo-Pardo E, Gusmao L, Lopez-Parra A.M, Baeza C, Mesa M.S and Amorim A (2005). Genetic variability of 16 Y-chromosome STRs in a sample from Equatorial Guinea (Central Africa). *Forensic Sci Int* 149, 109-113.
- Ayadi I., Ammar-Keskes L. and Rebai A. (2006). Haplotypes for 13 Y-chromosomal STR loci in South Tunisian population (Sfax region). *Forensic Sci Int* 164, 249-53.
- Baig M.M., Khan A.A. and Kulkarni K.M. (2004). Mitochondrial DNA diversity in tribal and caste groups of Maharashtra (India). and its implication on their genetic origins. *Ann Hum Genet* 68, 453-60.
- Balamurugan K., Suhasini G., Vijaya M., Kanthimathi S., Mullins N., Tracey M. and Duncan G. (2010). Y chromosome STR allelic and haplotype diversity in five ethnic Tamil populations from Tamil Nadu, India. *Leg Med (Tokyo)*. 12, 265-9.
- Bamshad M.J., Watkins W.S., Dixon M.E., Jorde L.B., Rao B.B., Naidu J.M., Prasad B.V., Rasanayagam A. and Hammer M.F. (1998). Female gene flow stratifies Hindu castes. *Nature* 395, 651-2.
- Bandelt H.J, Lahermo P, Richards M, Macaulay V. 2001. Detecting errors in mtDNA data by phylogenetic analysis. *Int J Legal Med* 115, 64-9.
- Basu A., Mukherjee N., Roy S., Sengupta S., Banerjee S., Chakraborty M., Dey B., Roy M., Roy B., Bhattacharyya N.P., Roychoudhury S. and Majumder P.P. (2003). Ethnic India: a genomic view, with special reference to peopling and structure. *Genome Res* 13, 2277-90.

- Behar D.M., Villems R., Soodyall H., Blue-Smith J., Pereira L., Metspalu E., Scozzari R., Makkan H., Tzur S., Comas D., Bertranpetit J., Quintana-Murci L., Tyler-Smith C., Wells R.S. and Rosset S. (2008). The dawn of human matrilineal diversity. *Am J Hum Genet* 82, 1130-40.
- Beleza S, Gusmao L, Amorim A, Carracedo A. and Salas A. (2005). The genetic legacy of western Bantu migrations. *Hum Genet* 117, 366-375.
- Berniell-Lee G., Calafell F., Bosch E., Heyer E., Sica L., Mouguiama-Daouda P., van der Veen L., Hombert J.M., Quintana-Murci L. and Comas D. (2009). Genetic and demographic implications of the Bantu expansion: insights from human paternal lineages. *Mol Biol Evol* 26, 1581-9.
- Bertorelle G. and Excoffier L. (1998). Inferring admixture proportions from molecular data. *Mol Biol Evol* 15, 1298-1311.
- Blanc M. and Bréguet G. (1985). Immunoglobulin allotypes in Indonesians. *In International Meeting on Genetic Diversity and its Maintenance in Tropical Populations.*, Fracastie-Rome, Italy.
- Blanc M. and Ducos J. (1986). Les allotypes des systemes Gm et Km dans les provinces francaises. *In Colloque INSERM (Ohayon E and Cambon-Thomsen A eds.)*, Paris, pp. 207–226.
- Blanc M., Sanchez-Mazas A., Van Blyenburgh N.H., Sevin A., Pison G. and Langaney A. (1990). Interethnic genetic differentiation: Gm polymorphism in eastern Senegal. *Am J Hum Genet* 46, 383-392.
- Blanco-Verea A., Jaime J.C., Brion M. and Carracedo A. (2009). Y-chromosome lineages in native South American population. *Forensic Sci Int Genet* 4, 187-93.
- Blench M.R. (2007). New palaeo-zoogeographical evidence for the settlement of Madagascar. *Azania XLII: Journal of the British Institute in Eastern Africa* 42, 69-82.
- Borot N., Dugoujon J.M., Janicijevic B., Rudan P. and Chaventre A. (1991). Gm and Km immunoglobulin allotypes in populations on the island of Pag (Croatia). *Coll. Anthropol.*, 15: 247-255.
- Bosch E., Calafell F., Perez-Lezaun A., Comas D., Izaabel H., Akhayat O., Sefiani A., Hariti G., Dugoujon J.M. and Bertranpetit J. (2000). Y chromosome STR haplotypes in four populations from northwest Africa. *Int J Legal Med* 114, 36-40.
- Brakez Z., Bosch E., Izaabel H., Akhayat O., Comas D., Bertranpetit J. and Calafell F. (2001). Human mitochondrial DNA sequence variation in the Moroccan population of the Souss area. *Ann Hum Biol* 28, 295-307.
- Brandstatter A., Peterson C.T., Irwin J.A., Mpoke S., Koech D.K., Parson W. and Parsons T.J. (2004). Mitochondrial DNA control region sequences from Nairobi (Kenya). inferring phylogenetic parameters for the establishment of a forensic database. *Int J Legal Med* 118, 294-306.
- Brehm A., Pereira L., Bandelt H.J., Prata M.J. and Amorim A. (2002). Mitochondrial portrait of the Cabo Verde archipelago: the Senegambian outpost of Atlantic slave trade. *Ann Hum Genet* 66, 49-60.
- Brion M., Sobrino B., Blanco-Verea A., Lareu M.V. and Carracedo A. (2005). Hierarchical analysis of 30 Y-chromosome SNPs in European populations. *Int J Legal Med* 119, 10-15.
- Brucato N. (2010). Genetic diversity and dynamics of the Noir Marron settlement in French Guiana. Thèse de doctorat en Anthropologie génétique. Université de Toulouse. pp.162
- Brucato N., Cassar O., Tonasso L., Tortevoeye P., Migot-Nabias F., Plancoulaine S., Guitard E., Larrouy G., Gessain A. and Dugoujon J.M. (2010). The imprint of the Slave Trade in an African American population: mitochondrial DNA, Y chromosome and HTLV-1 analysis in the Noir Marron of French Guiana. *BMC Evol Biol* 10, 314.
- Cadenas A.M., Zhivotovsky L.A., Cavalli-Sforza L.L., Underhill P.A. and Herrera R.J. (2008). Y-chromosome diversity characterizes the Gulf of Oman. *Eur J Hum Genet* 16, 374-386.
- Calafell F., Underhill P., Tolun A., Angelicheva D. and Kalaydjieva L. (1996). From Asia to Europe: mitochondrial DNA sequence variability in Bulgarians and Turks. *Ann Hum Genet* 60, 35-49.
- Calderon R., Ambrosio B., Guitard E., Gonzalez-Martin A., Aresti U. and Dugoujon J.M. (2006). Genetic position of Andalusians from Huelva in relation to other European and North African populations: a study based on Gm and KM allotypes. *Hum Biol* 78, 663-679.

- Calderon R., Lodeiro R., Varela T.A., Farina J., Ambrosio B., Guitard E., Gonzalez-Martin A. and Dugoujon J.M. (2007). Gm and KM immunoglobulin allotypes in the Galician population: new insights into the peopling of the Iberian Peninsula. *BMC Genet* 8, 37.
- Calderon R., Vidales C., Pena J.A., Perez-Miranda A. and Dugoujon J.M. (1998). Immunoglobulin allotypes (Gm and KM). in Basques from Spain: approach to the origin of the Basque population. *Hum Biol* 70, 667-698.
- Castri L., Tofanelli S., Garagnani P., Bini C., Fosella X., Pelotti S., Paoli G., Pettener D. and Luiselli D. (2009). mtDNA variability in two Bantu-speaking populations (Shona and Hutu). from Eastern Africa: implications for peopling and migration patterns in sub-Saharan Africa. *Am J Phys Anthropol* 140, 302-11.
- Cavalli-Sforza L.L. and Bodmer W.F. (1971). *The genetics of human populations*. W. H. Freeman, San Francisco.
- Cavalli-Sforza L.L., Zonta L.A., Nuzzo F., Bernini L., de Jong W.W., Meera Khan P., Ray A.K., Went L.N., Siniscalco M., Nijenhuis L.E., van Loghem E. and Modiano G. (1969). Studies on African Pygmies. I. A pilot investigation of Babinga Pygmies in the Central African Republic (with an analysis of genetic distances). *Am J Hum Genet* 21, 252-274.
- Cerny V., Pereira L., Kujanova M., Vasikova A., Hajek M., Morris M. and Mulligan C.J. (2009). Out of Arabia the settlement of island Soqatra as revealed by mitochondrial and Y chromosome genetic diversity. *Am J Phys Anthropol* 138, 439-447.
- Cerutti N., Dugoujon J.M., Guitard E. and Rabino Massa E. (2004). Gm and Km immunoglobulin allotypes in Sicily. *Immunogenetics* 55, 674-681.
- Chaabani H., Helal A.N., van Loghem E., Langaney A., Benammar Elgaaied A., Rivat Peran L. and Lefranc G. (1984). Genetic study of Tunisian Berbers. I. Gm, Am and Km immunoglobulin allotypes and ABO blood groups. *J Immunogenet* 11, 107-113.
- Chaabani H., Sanchez-Mazas A. and Sallami S.F. (2000). Genetic differentiation of Yemeni people according to rhesus and Gm polymorphisms. *Ann Genet* 43, 155-162.
- Chang Y.M., Perumal R., Keat P.Y. and Kuehn D.L. (2007). Haplotype diversity of 16 Y-chromosomal STRs in three main ethnic populations (Malays, Chinese and Indians). in Malaysia. *Forensic Sci Int* 167, 70-6.
- Chen Y.S., Olckers A., Schurr T.G., Kogelnik A.M., Huoponen K. and Wallace D.C. (2000). mtDNA variation in the South African Kung and Khwe-and their genetic relationships to other African populations. *Am J Hum Genet* 66, 1362-83.
- Chiaroni J., Touinssi M., Frassati C., Degioanni A., Gibert M., Reviron D., Mercier P. and Boetsch G. (2004). Genetic characterization of the population of Grande Comore Island (Njazidja). according to major blood groups. *Hum Biol* 76, 527-541.
- Chiaroni J., Underhill P.A. and Cavalli-Sforza L.L. (2009). Y chromosome diversity, human expansion, drift, and cultural evolution. *Proc Natl Acad Sci U S A* 106, 20174-20179.
- Cinnioglu C., King R., Kivisild T., Kalfoglu E., Atasoy S., Cavalleri G.L., Lillie A.S., Roseman C.C., Lin A.A., Prince K., Oefner P.J., Shen P., Semino O., Cavalli-Sforza L.L. and Underhill P.A. (2004). Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. *Hum Genet* 114, 127-48.
- Coelho M., Sequeira F., Luiselli D., Beza S. and Rocha J. (2009). On the edge of Bantu expansions: mtDNA, Y chromosome and lactase persistence genetic variation in southwestern Angola. *BMC Evol Biol* 9, 80.
- Comas D., Calafell F., Bendukidze N., Fananas L. and Bertranpetit J. (2000). Georgian and kurd mtDNA sequence analysis shows a lack of correlation between languages and female genetic lineages. *Am J Phys Anthropol* 112, 5-16.
- Comas D., Plaza S., Wells R.S., Yuldaseva N., Lao O., Calafell F. and Bertranpetit J. (2004). Admixture, migrations, and dispersals in Central Asia: evidence from maternal DNA lineages. *Eur J Hum Genet* 12, 495-504.
- Cordaux R., Saha N., Bentley G.R., Aunger R., Sirajuddin S.M. and Stoneking M. (2003). Mitochondrial DNA analysis reveals diverse histories of tribal populations from India. *Eur J Hum Genet* 11, 253-64.

- Corte-Real H.B., Macaulay V.A., Richards M.B., Hariti G., Issad M.S., Cambon-Thomsen A., Papiha S., Bertranpetit J. and Sykes B.C. (1996). Genetic diversity in the Iberian Peninsula determined from mitochondrial sequence analysis. *Ann Hum Genet* 60, 331-50.
- Coudray C., Guitard E., Chennawi F. El. and Dugoujon J.M. (2008). Study of Gm immunoglobulin allotypes in Egyptian Berbers (Siwa Oasis). In *Egypt at its Origins 2*. (B. Midant-Reynes and Y. Tristant eds.), *Orientalia Lovaniensa Analecta*, pp. 172: 265 - 273.
- Coudray C., Guitard E., Kandil M., Harich N., Melhaoui M., Baali A., Sevin A., Moral P. and Dugoujon J.M. (2006). Study of Gm immunoglobulin allotypic system in Berbers and Arabs from Morocco. *Am J Hum Biol* 18, 23-34.
- Coudray C., Olivieri A., Achilli A., Pala M., Melhaoui M., Cherkaoui M., El-Chennawi F., Kossmann M., Torroni A. and Dugoujon J.M. (2009). The complex and diversified mitochondrial gene pool of Berber populations. *Ann Hum Genet* 73, 196-214.
- Cruciani F., Santolamazza P., Shen P., Macaulay V., Moral P., Olckers A., Modiano D., Holmes S., Destro-Bisol G., Coia V., Wallace D.C., Oefner P.J., Torroni A., Cavalli-Sforza L.L., Scozzari R. and Underhill P.A. (2002). A back migration from Asia to sub-Saharan Africa is supported by high-resolution analysis of human Y-chromosome haplotypes. *Am J Hum Genet* 70, 1197-1214.
- Dard P., Lefranc M.P., Osipova L. and Sanchez-Mazas A. (2001). DNA sequence variability of IGHG3 alleles associated to the main G3m haplotypes in human populations. *Eur J Hum Genet* 9, 765-772.
- de Filippo C., Barbieri C., Whitten M., Mpoloka S.W., Gunnarsdottir E.D., Bostoen K., Nyambe T., Beyer K., Schreiber H., de Knijff P., Luiselli D., Stoneking M. and Pakendorf B. (2011). Y-chromosomal variation in sub-Saharan Africa: insights into the history of Niger-Congo groups. *Mol Biol Evol* 28, 1255-1269.
- Delfin F., Salvador J.M., Calacal G.C., Perdigon H.B., Tabbada K.A., Villamor L.P., Halos S.C., Gunnarsdottir E., Myles S., Hughes D.A., Xu S., Jin L., Lao O., Kayser M., Hurles M.E., Stoneking M. and De Ungria M.C. (2010). The Y-chromosome landscape of the Philippines: extensive heterogeneity and varying genetic affinities of Negrito and non-Negrito groups. *Eur J Hum Genet* 19, 224-30.
- Derenko M.V., Malyarchuk B.A., Dambueva I.K., Shaikhaev G.O., Dorzhu C.M., Nimaev D.D. and Zakharov I.A. (2000). Mitochondrial DNA variation in two South Siberian Aboriginal populations: implications for the genetic history of North Asia. *Hum Biol* 72, 945-73.
- Dobashi Y., Kido A., Fujitani N., Susukida R., Hara M. and Oya M. (2005). Y-chromosome STR haplotypes in a Bangladeshi population. *Leg Med (Tokyo)*. 7, 122-6.
- Gommery D., Ramanivosoa B., Faure M., Guérin C., Kerloc'h P., Sénégas F. and Randrianantenaina H. (2011). Les plus anciennes traces d'activités anthropiques de Madagascar sur des ossements d'hippopotames subfossiles d'Anjohibe (Province de Mahajanga). *C. R. Palevol* 10, 271-278.
- Dubut V., Cartault F., Payet C., Thionville M.D. and Murail P. (2009). Complete mitochondrial sequences for haplogroups M23 and M46: insights into the Asian ancestry of the Malagasy population. *Hum Biol* 81, 495-500.
- Dubut V., Chollet L., Murail P., Cartault F., Beraud-Colomb E., Serre M. and Mogentale-Profizi N. (2004). mtDNA polymorphisms in five French groups: importance of regional sampling. *Eur J Hum Genet* 12, 293-300.
- Dugoujon J.M., Hazout S., Loirat F., Mourrieras B., Crouau-Roy B. and Sanchez-Mazas A. (2004). Gm haplotype diversity of 82 populations over the world suggests a centrifugal model of human migrations. *Am J Phys Anthropol* 125, 175-192.
- Dugoujon J.M., Lange G., Blancher A., Alie-Daran S. and Marty Y. (1989). Characterization of an IgG2 G2m(23). anti-Rh-D antibody. *Vox Sanguinis*, 57, 133-136.
- Dugoujon J.M., Lemaire O., Guitard E., Sevin A., Larrouy G., Moral P., Sabir B., Baali A. and Cherkaoui M. (2005). Diversité des allotypes des immunoglobulines (systèmes Gm et Km). d'une population berbère de la vallée du Tacchedirt (Haut Atlas, Maroc). Comparaison a d'autres populations africaines et européennes et histoire du peuplement de l'Afrique du Nord. *Bull Soc Anthropol Paris*, 17:57-72.

- Dupanloup I. and Bertorelle G. (2001). Inferring admixture proportions from molecular data: extension to any number of parental populations. *Mol Biol Evol* 18, 672-675.
- Eaaswarkhanth M., Haque I., Ravesh Z., Romero I.G., Meganathan P.R., Dubey B., Khan F.A., Chaubey G., Kivisild T., Tyler-Smith C., Singh L. and Thangaraj K. (2009). Traces of sub-Saharan and Middle Eastern lineages in Indian Muslim populations. *Eur J Hum Genet* 18, 354-363.
- El-Sibai M., Platt D.E., Haber M., Xue Y., Youhanna S.C., Wells R.S., Izaabel H., Sanyoura M.F., Harmanani H., Bonab M.A., Behbehani J., Hashwa F., Tyler-Smith C. and Zalloua P.A. (2009). Geographical structure of the Y-chromosomal genetic landscape of the Levant: a coastal-inland contrast. *Ann Hum Genet* 73, 568-81.
- Ely B., Wilson J.L., Jackson F. and Jackson B.A. (2006). African-American mitochondrial DNAs often match mtDNAs found in multiple African ethnic groups. *BMC Biol* 4, 34.
- Esteban E., Dugoujon J.M., Guitard E., Senegas M.T., Manzano C., de la Rúa C., Valveny N. and Moral P. (1998). Genetic diversity in northern Spain (Basque Country and Cantabria). Gm and KM variation related to demographic histories. *Eur J Hum Genet* 6, 315-324.
- Excoffier L., Laval G. and Schneider S. (2005). Arlequin (version 3.0). An integrated software package for population genetics data analysis. *Evol Bioinform Online* 1, 47-50.
- Fadhlaoui-Zid K., Dugoujon J.M., Elgaaied A., Amor M.B., Yacoubi B., Elkhil H.K. and Sanchez-Mazas A. (2004). Genetic diversity in Tunisia: a study based on the Gm polymorphism of human immunoglobulins. *Hum Biol* 76, 559-567.
- Falchi A., Giovannoni L., Calo C.M., Piras I.S., Moral P., Paoli G., Vona G. and Varesi L. (2006). Genetic history of some western Mediterranean human isolates through mtDNA HVR1 polymorphisms. *J Hum Genet* 51, 9-14.
- Flanagan J.G. and Rabbitts T.H. (1982). Arrangement of human immunoglobulin heavy chain constant region genes implies evolutionary duplication of a segment containing gamma, epsilon and alpha genes. *Nature* 300, 709-713.
- Flores C., Maca-Meyer N., Larruga J.M., Cabrera V.M., Karadsheh N. and Gonzalez A.M. (2005). Isolates in a corridor of migrations: a high-resolution analysis of Y-chromosome variation in Jordan. *J Hum Genet* 50, 435-441.
- Fornarino S., Pala M., Battaglia V., Maranta R., Achilli A., Modiano G., Torroni A., Semino O. and Santachiara-Benerecetti S.A. (2009). Mitochondrial and Y-chromosome diversity of the Tharus (Nepal). a reservoir of genetic variation. *BMC Evol Biol* 9, 154.
- Forster P., Cali F., Rohl A., Metspalu E., D'Anna R., Mirisola M., De Leo G., Flugy A., Salerno A., Ayala G., Kouvatsi A., Villems R. and Romano V. (2002). Continental and subcontinental distributions of mtDNA control region types. *Int J Legal Med* 116, 99-108.
- Fu Y.X. (1997). Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics* 147, 915-25.
- Fujihara J., Yuasa I., Muro T., Iida R., Tsubota E., Nakamura H., Imamura S., Yasuda T. and Takeshita H. (2009). Allele frequencies and haplotypes for 28 Y-STRs in Ovambo population. *Leg Med (Tokyo)*. 11, 205-8.
- Gan R.J., Pan S.L., Mustavich L.F., Qin Z.D., Cai X.Y., Qian J., Liu C.W., Peng J.H., Li S.L., Xu J.S., Jin L. and Li H. (2008). Pinghua population as an exception of Han Chinese's coherent genetic structure. *J Hum Genet* 53, 303-13.
- Giraldo M.P., Vallet M., Guitard E., Senegas M.T., Sevin A., Nogues R.M., Aluja M.P. and Dugoujon J.M. (1998). Gm and KM immunoglobulin allotypes in a Spanish Pyrenean population: Val d'Aran. *Ann Hum Biol* 25, 453-465.
- Gomes V., Alves C., Amorim A., Carracedo A., Sanchez-Diz P. and Gusmao L. (2009). Nilotes from Karamoja, Uganda: haplotype data defined by 17 Y-chromosome STRs. *Forensic Sci Int Genet* 4, e83-86.
- Goncalves R., Rosa A., Freitas A., Fernandes A., Kivisild T., Villems R. and Brehm A. (2003). Y-chromosome lineages in Cabo Verde Islands witness the diverse geographic origin of its first male settlers. *Hum Genet* 113, 467-472.

- Goncalves R., Freitas A., Branco M., Rosa A., Fernandes A. T., Zhivotovsky L. A., Underhill P. A., Kivisild T., and Brehm A. (2005). Y-chromosome lineages from Portugal, Madeira and Acores record elements of Sephardim and Berber ancestry. *Ann Hum Genet* 69, 443-454.
- Gonzalez A.M., Karadsheh N., Maca-Meyer N., Flores C., Cabrera V.M. and Larruga J.M. (2008). Mitochondrial DNA variation in Jordanians and their genetic relationship to other Middle East populations. *Ann Hum Biol* 35, 212-31.
- Graven L., Passarino G., Semino O., Boursot P., Santachiara-Benerecetti S., Langaney A. and Excoffier L. (1995). Evolutionary correlation between control region sequence and restriction polymorphisms in the mitochondrial genome of a large Senegalese Mandenka sample. *Mol Biol Evol* 12, 334-45.
- Haber M., Platt D.E., Badro D.A., Xue Y., El-Sibai M., Bonab M.A., Youhanna S.C., Saade S., Soria-Hernanz D.F., Royyuru A., Wells R.S., Tyler-Smith C. and Zalloua P.A. (2011). Influences of history, geography, and religion on genetic structure: the Maronites in Lebanon. *Eur J Hum Genet* 19, 334-40.
- Hagelberg E., Goldman N., Lio P., Whelan S., Schiefenhover W., Clegg J.B. and Bowden D.K. (1999). Evidence for mitochondrial DNA recombination in a human population of island Melanesia. *Proc Biol Sci* 266, 485-92.
- Hallenberg C., Simonsen B., Sanchez J., Morling N. (2005). Y-chromosome STR haplotypes in Somalis. *Forensic Sci Int* 16, 317-21.
- Hammer M. F., Spurdle A. B., Karafet T., Bonner M. R., Wood E. T., Novelletto A., Malaspina P., Mitchell R. J., Horai S., Jenkins T., and Zegura S. L. (1997). The geographic distribution of human Y chromosome variation. *Genetics* 145, 787-805.
- Harich N., Costa M.D., Fernandes V., Kandil M., Pereira J.B., Silva N.M. and Pereira L. (2010). The trans-Saharan slave trade - clues from interpolation analyses and high-resolution characterization of mitochondrial DNA lineages. *BMC Evol Biol* 10, 138.
- Hazout S., Dugoujon J.M., Loirat F. and Constans J. (1991). Genetic similarity maps and immunoglobulin allotypes of eleven populations from the Pyrenees (France). *Ann Hum Genet* 55, 161-174.
- Helal A.N., Rivat-Peran L., van Loghem E., de Lange G., Langaney A. and Lefranc G. (1988). Further contribution of common Gm*-Am* haplotypes and Km* alleles in the characterization of the Tunisian population. *Exp Clin Immunogenet* 5, 1-14.
- Hewitt R., Krause A., Goldman A., Campbell G., Jenkins T. (1996). Beta-globin haplotypes analysis suggest that a major source of Malagasy ancestry is derived from Bantu-speaking Negroids. *Am J Hum Genet* 58, 1303-8.
- Hill C., Soares P., Mormina M., Macaulay V., Clarke D., Blumbach P.B., Vizuete-Forster M., Forster P., Bulbeck D., Oppenheimer S. and Richards M. (2007). A mitochondrial stratigraphy for island southeast Asia. *Am J Hum Genet* 80, 29-43.
- Holsinger K.E. and Weir B.S. (2009). Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F(ST). *Nat Rev Genet* 10, 639-650.
- Hurles M.E., Sykes B.C., Jobling M.A. and Forster P. (2005). The dual origin of the Malagasy in Island Southeast Asia and East Africa: evidence from maternal and paternal lineages. *Am J Hum Genet* 76, 894-901.
- Illeperuma R.J., Markalanda D., Mountain J.L., Ratnasooriya W.D., Fernandopulle N.D. and Bamshad M.J. (2009). Haplotype data for 12 Y-chromosome STR loci of Sri Lankans. *Forensic Sci Int Genet* 4, e119-20.
- Immel A.D., Erhuma M., Mustafa T., Kleiber M. and Klintshar M. (2006). Y-chromosomal STR haplotypes in an Arab population from Lybia. *International Congress Series* 1288, 156-158.
- Irwin J., Saunier J., Strauss K., Paintner C., Diegoli T., Sturk K., Kovatsi L., Brandstatter A., Cariolou M.A., Parson W. and Parsons T.J. (2008). Mitochondrial control region sequences from northern Greece and Greek Cypriots. *Int J Legal Med* 122, 87-9.
- Jenkins T., Zoutendyk A. and Steinberg A.G. (1970). Gammaglobulin groups (Gm and Inv). of various Southern African populations. *Am J Phys Anthropol* 32, 197-218.
- Jin H.J., Tyler-Smith C. and Kim W. (2009). The peopling of Korea revealed by analyses of mitochondrial DNA and Y-chromosomal markers. *PLoS One* 4, e4210.

- Jobling M.A., Hurles M.E., Tyler-Smith C. (2004). *Human Evolutionary Genetics: origins, peoples and disease*. London / New York: Garland Science Publishing. pp.523.
- Karafet T.M., Hallmark B., Cox M.P., Sudoyo H., Downey S., Lansing J.S. and Hammer M.F. (2010). Major east-west division underlies Y chromosome stratification across Indonesia. *Mol Biol Evol* 27, 1833-1844.
- Karafet T.M., Mendez F.L., Meilerman M.B., Underhill P.A., Zegura S.L. and Hammer M.F. (2008). New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. *Genome Res* 18, 830-838.
- Kaur I., Roy S., Chakrabarti S., Sarhadi V.K., Majumder P.P., Bhanwer A.J. and Singh J.R. (2002). Genomic diversities and affinities among four endogamous groups of Punjab (India). based on autosomal and mitochondrial DNA polymorphisms. *Hum Biol* 74, 819-36.
- Kayser M., Brauer S., Cordaux R., Casto A., Lao O., Zhivotovsky L.A., Moyse-Faurie C., Rutledge R.B., Schiefenhoevel W., Gil D., Lin A.A., Underhill P.A., Oefner P.J., Trent R.J. and Stoneking M. (2006). Melanesian and Asian origins of Polynesians: mtDNA and Y chromosome gradients across the Pacific. *Mol Biol Evol* 23, 2234-2244.
- Kelly K.M. (1990). Gm Polymorphisms, Linguistic Affinities, and Natural Selection in Melanesia. In *Current Anthropologist*, pp. 201-219 .
- King T.E., Bowden G.R., Balaesque P.L., Adams S.M., Shanks M.E. and Jobling M.A. (2007). Thomas Jefferson's Y chromosome belongs to a rare European lineage. *Am J Phys Anthropol* 132, 584-9.
- Kivisild T., Reidla M., Metspalu E., Rosa A., Brehm A., Pennarun E., Parik J., Geberhiwot T., Usanga E. and Villems R. (2004). Ethiopian mitochondrial DNA heritage: tracking gene flow across and around the gate of tears. *Am J Hum Genet* 75, 752-70.
- Knight A., Underhill P.A., Mortensen H.M., Zhivotovsky L.A., Lin A.A., Henn B.M., Louis D., Ruhlen M. and Mountain J.L. (2003). African Y chromosome and mtDNA divergence provides insight into the history of click languages. *Curr Biol* 13, 464-473.
- Krings M., Salem A.E., Bauer K., Geisert H., Malek A.K., Chaix L., Simon C., Welsby D., Di Rienzo A., Utermann G., Sajantila A., Paabo S. and Stoneking M. (1999). mtDNA analysis of Nile River Valley populations: A genetic corridor or a barrier to migration? *Am J Hum Genet* 64, 1166-76.
- Kwak K.D., Jin H.J., Shin D.J., Kim J.M., Roewer L., Krawczak M., Tyler-Smith C. and Kim W. (2005). Y-chromosomal STR haplotypes and their applications to forensic and population studies in east Asia. *Int J Legal Med* 119, 195-201.
- Lecerf M., Filali M., Gresenguet G., Ndjoyi-Mbiguino A., Le Goff J., de Mazancourt P. and Belec L. (2007). Allele frequencies and haplotypes of eight Y-short tandem repeats in Bantu population living in Central Africa. *Forensic Sci Int* 171, 212-5.
- Lefevre-Witier P. (1982). *Structure et dynamique genetiques d'une communaute rurale du Sahara central (Ideles)*. Ph.D. dissertation. Toulouse, France: Universite Paul Sabatier.
- Lefranc G., de Lange G., Rivat L., Langaney A., Lefranc M.P., Ellouze F., Sfar G., Sfar M. and van Loghem E. (1979). Gm, Am and Km immunoglobulin allotypes of two populations in Tunisia. *Hum Genet* 50, 199-211.
- Lefranc G., Loiselet J., Rivat L. and Ropartz C. (1976). Gm, Km and ISf Allotypes in the Lebanese Population. *Acta Anthropogenetica* 1, 34-45.
- Lefranc G., Rivat L., Serre J.L., Lalouel J.M., Pison G., Loiselet J., Ropartz C., de Lange G. and van Loghem E. (1978). Common and uncommon immunoglobulin haplotypes among Lebanese communities. *Hum Genet* 41, 197-209.
- Lefranc M.P. and Lefranc G. (1990). Molecular genetics of immunoglobulin allotype expression. In *The human IgG subclasses: molecular analysis of structure, function and regulation* (Shakib F ed.). Pergamon Press, Oxford, pp. 43-78.
- Lefranc M.P., Lefranc G. and Rabbitts T.H. (1982). Inherited deletion of immunoglobulin heavy chain constant region genes in normal human individuals. *Nature* 300, 760-762.
- Li H., Cai X., Winograd-Cort E.R., Wen B., Cheng X., Qin Z., Liu W., Liu Y., Pan S., Qian J., Tan C.C. and Jin L. (2007). Mitochondrial DNA diversity and population differentiation in southern East Asia. *Am J Phys Anthropol* 134, 481-8.

- Lorini R., Orecchia G., Martinetti M., Dugoujon J.M. and Cuccia M. (1992). Autoimmunity in vitiligo: relationship with HLA, Gm and Km polymorphisms. *Autoimmunity* 11, 255-260.
- Loveslati B.Y., Sanchez-Mazas A., Ennafaa H., Marrakchi R., Dugoujon J.M., Lefranc J.M. and Elgaaied A.B. (2001). A study of Gm allotypes and immunoglobulin heavy gamma IGHG genes in Berbers, Arabs and sub-Saharan Africans from Jerba Island, Tunisia. *Eur J Immunogenet* 28, 531-538.
- Luis J.R., Rowold D.J., Regueiro M., Caeiro B., Cinnioglu C., Roseman C., Underhill P.A., Cavalli-Sforza L.L. and Herrera R.J. (2004). The Levant versus the Horn of Africa: evidence for bidirectional corridors of human migrations. *Am J Hum Genet* 74, 532-544.
- Maca-Meyer N., Arnay M., Rando J.C., Flores C., Gonzalez A.M., Cabrera V.M. and Larruga J.M. (2004). Ancient mtDNA analysis and the origin of the Guanches. *Eur J Hum Genet* 12, 155-62.
- Macaulay V., Hill C., Achilli A., Rengo C., Clarke D., Meehan W., Blackburn J., Semino O., Scozzari R., Cruciani F., Taha A., Shaari N.K., Raja J.M., Ismail P., Zainuddin Z., Goodwin W., Bulbeck D., Bandelt H.J., Oppenheimer S., Torroni A. and Richards M. (2005). Single, rapid coastal settlement of Asia revealed by analysis of complete mitochondrial genomes. *Science* 308, 1034-6.
- Macaulay V., Richards M., Hickey E., Vega E., Cruciani F., Guida V., Scozzari R., Bonne-Tamir B., Sykes B. and Torroni A. (1999). The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs. *Am J Hum Genet* 64, 232-49.
- Maruyama S., Nohira-Koike C., Minaguchi K. and Nambiar P. (2010). MtDNA control region sequence polymorphisms and phylogenetic analysis of Malay population living in or around Kuala Lumpur in Malaysia. *Int J Legal Med* 124, 165-70.
- Matsumoto H., Miyazaki T., Omoto K., Misawa S., Harada S., Hirai M., Sumpaico J.S., Medado P.M. and Ogonuki H. (1979). Population genetic studies of the Philippine Negritos. II. gm and km allotypes of three population groups. *Am J Hum Genet* 31, 70-76.
- Mirabal S., Varljen T., Gayden T., Regueiro M., Vujovic S., Popovic D., Djuric M., Stojkovic O. and Herrera R.J. (2010). Human Y-chromosome short tandem repeats: a tale of acculturation and migrations as mechanisms for the diffusion of agriculture in the Balkan Peninsula. *Am J Phys Anthropol* 142, 380-90.
- Mohammad T., Xue Y., Evison M. and Tyler-Smith C. (2009). Genetic structure of nomadic Bedouin from Kuwait. *Heredity* 103, 425-433.
- Mona S., Grunz K.E., Brauer S., Pakendorf B., Castri L., Sudoyo H., Marzuki S., Barnes R.H., Schmidtke J., Stoneking M. and Kayser M. (2009). Genetic admixture history of Eastern Indonesia as revealed by Y-chromosome and mitochondrial DNA analysis. *Mol Biol Evol* 26, 1865-77.
- Mountain J.L., Hebert J.M., Bhattacharyya S., Underhill P.A., Ottolenghi C., Gadgil M. and Cavalli-Sforza L.L. (1995). Demographic history of India and mtDNA-sequence diversity. *Am J Hum Genet* 56, 979-92.
- Msaidie S., Ducourneau A., Boetsch G., Longepied G., Papa K., Allibert C., Yahaya A.A., Chiaroni J. and Mitchell M.J. (2011). Genetic diversity on the Comoros Islands shows early seafaring as major determinant of human biocultural evolution in the Western Indian Ocean. *Eur J Hum Genet* 19, 89-94.
- Nagy M., Henke L., Henke J., Chatthopadhyay P.K., Volgyi A., Zalan A., Peterman O., Bernasovska J. and Pamjav H. (2007). Searching for the origin of Romanies: Slovakian Romani, Jats of Haryana and Jat Sikhs Y-STR data in comparison with different Romani populations. *Forensic Sci Int* 169, 19-26.
- Nasidze I., Quinque D., Dupanloup I., Cordaux R., Kokshunova L. and Stoneking M. (2005). Genetic evidence for the Mongolian ancestry of Kalmyks. *Am J Phys Anthropol* 128, 846-54.
- Nasidze I., Schadlich H. and Stoneking M. (2003). Haplotypes from the Caucasus, Turkey and Iran for nine Y-STR loci. *Forensic Sci Int* 137, 85-93.
- Nei M. (1987). *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, New York.
- Nogueiro I., Manco L., Gomes V., Amorim A. and Gusmao L. (2010). Phylogeographic analysis of paternal lineages in NE Portuguese Jewish communities. *Am J Phys Anthropol* 141, 373-381.

- Ohashi J., Naka I., Tokunaga K., Inaoka T., Ataka Y., Nakazawa M., Matsumura Y. and Ohtsuka R. (2006). Brief communication: mitochondrial DNA variation suggests extensive gene flow from Polynesian ancestors to indigenous Melanesians in the northwestern Bismarck Archipelago. *Am J Phys Anthropol* 130, 551-6.
- Omoto K., Misawa S., Harada S., Sumpaico J.S., Medado P.M. and Ogonuki H. (1978). Population genetic studies of the Philippine Negritos. I. A pilot survey of red cell enzyme and serum protein groups. *Am J Hum Genet* 30, 190-201.
- Oudin J. (1956). L'allotypie de certains antigenes proteiques du serum. *C R Hebd Seances Acad Sci* 242, 2606-2608.
- Pereira L., Macaulay V., Torroni A., Scozzari R., Prata M.J. and Amorim A. (2001). Prehistoric and historic traces in the mtDNA of Mozambique: insights into the Bantu expansions and the slave trade. *Ann Hum Genet* 65, 439-458.
- Piazza A., van Loghem E., de Lange G., Curtioni E.S., Ulizzi L. and Terrenato L. (1976). Immunoglobulin allotypes in Sardinia. *Am J Hum Genet* 28, 77-86.
- Piercy R., Sullivan K.M., Benson N. and Gill P. (1993). The application of mitochondrial DNA typing to the study of white Caucasian genetic identification. *Int J Legal Med* 106, 85-90.
- Plaza S., Calafell F., Helal A., Bouzerna N., Lefranc G., Bertranpetit J. and Comas D. (2003). Joining the pillars of Hercules: mtDNA sequences show multidirectional gene flow in the western Mediterranean. *Ann Hum Genet* 67, 312-28.
- Poloni E.S., Naciri Y., Bucho R., Niba R., Kervaire B., Excoffier L., Langaney A. and Sanchez-Mazas A. (2009). Genetic evidence for complexity in ethnic differentiation and history in East Africa. *Ann Hum Genet* 73, 582-600.
- Quintana-Murci L., Bigham A., Rouba H., Barakat A., McElreavey K. and Hammer M. (2004). Y-chromosomal STR haplotypes in Berber and Arabic-speaking populations from Morocco. *Forensic Sci Int* 140, 113-5.
- Quintana-Murci L., Quach H., Harmant C., Luca F., Massonnet B., Patin E., Sica L., Mouguiama-Daouda P., Comas D., Tzur S., Balanovsky O., Kidd K.K., Kidd J.R., van der Veen L., Hombert J.M., Gessain A., Verdu P., Froment A., Bahuchet S., Heyer E., Dausset J., Salas A. and Behar D.M. (2008). Maternal traces of deep common ancestry and asymmetric gene flow between Pygmy hunter-gatherers and Bantu-speaking farmers. *Proc Natl Acad Sci U S A* 105, 1596-601.
- Rando J.C., Pinto F., Gonzalez A.M., Hernandez M., Larruga J.M., Cabrera V.M. and Bandelt H.J. (1998). Mitochondrial DNA analysis of northwest African populations reveals genetic exchanges with European, near-eastern, and sub-Saharan populations. *Ann Hum Genet* 62, 531-50.
- Razafindrazaka H. (2010). Le peuplement humain de Madagascar : Anthropologie génétique de trois groupes traditionnels. Thèse en Biologie, Santé, Biotechnologies (BSB). soutenue à l'Université Toulouse III - Paul Sabatier, Toulouse, p. 399.
- Razafindrazaka H., Ricaut F.X., Cox M.P., Mormina M., Dugoujon J.M., Randriamarolaza L.P., Guitard E., Tonasso L., Ludes B. and Crubezy E. (2009). Complete mitochondrial DNA sequences provide new insights into the Polynesian motif and the peopling of Madagascar. *Eur J Hum Genet* 18, 575-581.
- Razafinrakoto J. (1997). La Valiha de Madagascar – Tradition et modernité en Imérina de 1820 à 1995 (étude organologique, acoustique et socio-historique). In UFR de Musicologie. Université de Paris IV/Sorbonne, pp. 463.
- Regueiro M., Cadenas A.M., Gayden T., Underhill P.A. and Herrera R.J. (2006). Iran: tricontinental nexus for Y-chromosome driven migration. *Hum Hered* 61, 132-143.
- Ricaut F.X., Thomas T., Arganini C., Staughton J., Leavesley M., Bellatti M., Foley R. and Mirazon Lahr M. (2008). Mitochondrial DNA variation in Karkar Islanders. *Ann Hum Genet* 72, 349-67.
- Ricaut F.X., Razafindrazaka H., Cox M.P., Dugoujon J.M., Guitard E., Sambo C., Mormina M., Mirazon-Lahr M., Ludes B. and Crubezy E. (2009). A new deep branch of eurasian mtDNA macrohaplogroup M reveals additional complexity regarding the settlement of Madagascar. *BMC Genomics* 10, 605.

- Robino C., Crobu F., Di Gaetano C., Bekada A., Benhamamouch S., Cerutti N., Piazza A., Inturri S. and Torre C. (2008). Analysis of Y-chromosomal SNP haplogroups and STR haplotypes in an Algerian population sample. *Int J Legal Med* 122, 251-255.
- Rosa A., Brehm A., Kivisild T., Metspalu E. and Villems R. (2004). MtDNA profile of West Africa Guineans: towards a better understanding of the Senegambia region. *Ann Hum Genet* 68, 340-52.
- Rosa A., Ornelas C., Brehm A. and Villems R. (2006). Population data on 11 Y-chromosome STRs from Guine-Bissau. *Forensic Sci Int* 157, 210-7.
- Rowold D.J., Luis J.R., Terreros M.C. and Herrera R.J. (2007). Mitochondrial DNA gene flow indicates preferred usage of the Levant Corridor over the Horn of Africa passageway. *J Hum Genet* 52, 436-47.
- Roychoudhury S., Roy S., Basu A., Banerjee R., Vishwanathan H., Usha Rani M.V., Sil S.K., Mitra M. and Majumder P.P. (2001). Genomic structures and population histories of linguistically distinct tribal groups of India. *Hum Genet* 109, 339-50.
- Sahoo S. and Kashyap V.K. (2006). Phylogeography of mitochondrial DNA and Y-chromosome haplogroups reveal asymmetric gene flow in populations of Eastern India. *Am J Phys Anthropol* 131, 84-97.
- Salas A., Comas D., Lareu M.V., Bertranpetit J. and Carracedo A. (1998). mtDNA analysis of the Galician population: a genetic edge of European variation. *Eur J Hum Genet* 6, 365-75.
- Salas A., Richards M., De la Fe T., Lareu M.V., Sobrino B., Sanchez-Diz P., Macaulay V. and Carracedo A. (2002). The making of the African mtDNA landscape. *Am J Hum Genet* 71, 1082-111.
- Salas A., Richards M., Lareu M.V., Scozzari R., Coppa A., Torroni A., Macaulay V. and Carracedo A. (2004). The African diaspora: mitochondrial DNA and the Atlantic slave trade. *Am J Hum Genet* 74, 454-65.
- Sampietro M.L., Caramelli D., Lao O., Calafell F., Comas D., Lari M., Agusti B., Bertranpetit J. and Lalueza-Fox C. (2005). The genetics of the pre-Roman Iberian Peninsula: a mtDNA study of ancient Iberians. *Ann Hum Genet* 69, 535-48.
- Sanchez J.J., Hallenberg C., Borsting C., Hernandez A. and Morling N. (2005). High frequencies of Y chromosome lineages characterized by E3b1, DYS19-11, DYS392-12 in Somali males. *Eur J Hum Genet* 13, 856-66.
- Sanchez-Mazas A. and Pellegrini B. (1990). Polymorphismes Rhesus, Gm et HLA et histoire de l'Homme moderne. *Bull Mem Soc Anthropol Paris* 57, 57-76.
- Sanchez-Mazas A., Fernandez-Vina M., Middleton D., Hollenbach J.A., Buhler S., Di D., Rajalingam R., Dugoujon J.M., Mack S.J. and Thorsby E. (2011). Immunogenetics as a tool in anthropological studies. *Immunology* 133, 143-164.
- Schanfield M.S. and Kirk R.L. (1981). Further studies on the immunoglobulin allotypes (Gm, Am and Km) in India. *Acta Anthropogenet* 5, 1-21.
- Schanfield M.S., Ferrell R.E., Hossaini A.A., Gerald Sandler S. and Stevenson J.C. (2008). Immunoglobulin allotypes in Southwest Asia: populations at the crossroads. *Am J Hum Biol* 20, 671-682.
- Semino O., Santachiara-Benerecetti A.S., Falaschi F., Cavalli-Sforza L.L. and Underhill P.A. (2002). Ethiopians and Khoisan share the deepest clades of the human Y-chromosome phylogeny. *Am J Hum Genet* 70, 265-268.
- Sengupta S., Zhivotovsky L.A., King R., Mehdi S.Q., Edmonds C.A., Chow C.E., Lin A.A., Mitra M., Sil S.K., Ramesh A., Usha Rani M.V., Thakur C.M., Cavalli-Sforza L.L., Majumder P.P. and Underhill P.A. (2006). 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. *Am J Hum Genet* 78, 202-221.
- Shakib F. and Barr D. (1980). The incidence of Gm allotypes in a group of Iraqi Arabs. *J Immunogenet* 7, 369-373.
- Sharma S., Saha A., Rai E., Bhat A. and Bamezai R. (2005). Human mtDNA hypervariable regions, HVR I and II, hint at deep common maternal founder and subsequent maternal gene flow in Indian population groups. *J Hum Genet* 50, 497-506.

- Shlush L.I., Behar D.M., Yudkovsky G., Templeton A., Hadid Y., Basis F., Hammer M., Itzkovitz S. and Skorecki K. (2008). The Druze: a population genetic refugium of the Near East. *PLoS One* 3, e2105.
- Simonson T.S., Xing J., Barrett R., Jerah E., Loa P., Zhang Y., Watkins W.S., Witherspoon D.J., Huff C.D., Woodward S., Mowry B. and Jorde L.B. (2011). Ancestry of the Iban is predominantly Southeast Asian: genetic evidence from autosomal, mitochondrial, and Y chromosomes. *PLoS One* 6, e16338.
- Soares P., Trejaut J.A., Loo J.H., Hill C., Mormina M., Lee C.L., Chen Y.M., Hudjashov G., Forster P., Macaulay V., Bulbeck D., Oppenheimer S., Lin M. and Richards M.B. (2008). Climate change and postglacial human dispersals in southeast Asia. *Mol Biol Evol* 25, 1209-18.
- Soloarivony F.X. (1985). Répartition des groupes sanguins dans certains groupes de populations Malgache. Thèse en sciences. Université Paul Sabatier. Toulouse. pp.253
- Soodyall H., Jenkins T. and Stoneking M. (1995). 'Polynesian' mtDNA in the Malagasy. *Nat Genet* 10, 377-378.
- Souto L., Gusmao L., Ferreira E., Amorim A., Corte-Real F. and Vieira D.N. (2006). Y-chromosome STR haplotypes in East Timor: forensic evaluation and population data. *Forensic Sci Int* 156, 261-5.
- Steinberg A.G. and Cook C.E. (1981). The distribution of the human immunoglobulin allotypes. Oxford University Press, Oxford.
- Steinberg A.G. and Eng L.I. (1972). Immunoglobulin G allotypes in Malayan aborigines. *Hum Hered* 22, 254-258.
- Steinberg A.G. and Morton N.E. (1973). Immunoglobulins in the Eastern Carolines. *Am J Phys Anthropol* 38, 699-702.
- Steinberg A.G. (1973). Gm and Inv allotypes of some Sidamo Ethiopians. *Am J Phys Anthropol* 39, 403-408.
- Steinberg A.G. (1980). Gm and Inv studies on eight Iranian populations with distance measures among the six from the Caspian Littoral. *Am J Phys Anthropol* 53, 375-382.
- Sykes B., Leifoff A., Low-Beer J., Tetzner S. and Richards M. (1995). The origins of the Polynesians: an interpretation from mitochondrial lineage analysis. *Am J Hum Genet* 57, 1463-75.
- Tajima A., Hayami M., Tokunaga K., Juji T., Matsuo M., Marzuki S., Omoto K., and Horai S. (2004). Genetic origins of the Ainu inferred from combined DNA analyses of maternal and paternal lineages. *J Hum Genet* 49:187-93.
- Tajima F. (1989). Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics* 123, 585-95.
- Thangaraj K., Naidu B.P., Crivellaro F., Tamang R., Upadhyay S., Sharma V.K., Reddy A.G., Walimbe S.R., Chaubey G., Kivisild T. and Singh L. (2010). The influence of natural barriers in shaping the genetic structure of Maharashtra populations. *PLoS One* 5, e15283.
- Thangaraj K., Singh L., Reddy A.G., Rao V.R., Sehgal S.C., Underhill P.A., Pierson M., Frame I.G. and Hagelberg E. (2003). Genetic affinities of the Andaman Islanders, a vanishing human population. *Curr Biol* 13, 86-93.
- Thanseem I., Thangaraj K., Chaubey G., Singh V.K., Bhaskar L.V., Reddy B.M., Reddy A.G. and Singh L. (2006). Genetic affinities among the lower castes and tribal groups of India: inference from Y chromosome and mitochondrial DNA. *BMC Genet* 7, 42.
- Tishkoff S.A., Reed F.A., Friedlaender F.R., Ehret C., Ranciaro A., Froment A., Hirbo J.B., Awomoyi A.A., Bodo J.M., Doumbo O., Ibrahim M., Juma A.T., Kotze M.J., Lema G., Moore J.H., Mortensen H., Nyambo T.B., Omar S.A., Powell K., Pretorius G.S., Smith M.W., Thera M.A., Wambebe C., Weber J.L. and Williams S.M. (2009). The genetic structure and history of Africans and African Americans. *Science* 324, 1035-44.
- Tofanelli S., Bertoni S., Castri L., Luiselli D., Calafell F., Donati G. and Paoli G. (2009). On the origins and admixture of Malagasy: new evidence from high-resolution analyses of paternal and maternal lineages. *Mol Biol Evol* 26, 2109-2124.
- Tommaseo-Ponzetta M., Attimonelli M., De Robertis M., Tanzariello F. and Saccone C. (2002). Mitochondrial DNA variability of West New Guinea populations. *Am J Phys Anthropol* 117, 49-67.

- Trovoada M.J., Pereira L., Gusmao L., Abade A., Amorim A. and Prata M.J. (2004). Pattern of mtDNA variation in three populations from Sao Tome e Principe. *Ann Hum Genet* 68, 40-54.
- Tsaboto J. (1994). Pouvoir traditionnel chez les Antemoro de la Matataña de 1937 à nos jours : l'exemple des Antemañasara. *Omaly sy Anio* 33-36, 309-329.
- Turchi C., Buscemi L., Giacchino E., Onofri V., Fendt L., Parson W. and Tagliabracci A. (2009). Polymorphisms of mtDNA control region in Tunisian and Moroccan populations: an enrichment of forensic mtDNA databases with Northern Africa data. *Forensic Sci Int Genet* 3, 166-72.
- Underhill PA, Myres NM, Rootsi S, Metspalu M, Zhivotovsky LA, King RJ, Lin AA, Chow CE, Semino O, Battaglia V, Kutuev I, Järve M, Chaubey G, Ayub Q, Mohyuddin A, Mehdi SQ, Sengupta S, Rogaev EI, Khusnutdinova EK, Pshenichnov A, Balanovsky O, Balanovska E, Jeran N, Augustin DH, Baldovic M, Herrera RJ, Thangaraj K, Singh V, Singh L, Majumder P, Rudan P, Primorac D, Villems R, Kivisild T. (2010). Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *Eur J Hum Genet*. 8,479-84.
- van Loghem E., de Lange G., Matsumoto H., Miyazaki T. and Ohkura K. (1977). Immunoglobulin haplotypes of two population groups in Iran. *J Immunogenet* 4, 385-390.
- van Oven M., Hammerle J.M., van Schoor M., Kushnick G., Pennekamp P., Zega I., Lao O., Brown L., Kennerknecht I. and Kayser M. (2010). Unexpected island effects at an extreme: reduced Y chromosome and mitochondrial DNA diversity in Nias. *Mol Biol Evol* 28, 1349-61.
- Varesi L., Memmi M., Cristofari M.C., Mameli G.E., Calo C.M. and Vona G. (2000). Mitochondrial control-region sequence variation in the Corsican population, France. *Am J Hum Biol* 12, 339-351.
- Vernesi C., Di Benedetto G., Caramelli D., Secchieri E., Simoni L., Katti E., Malaspina P., Novelletto A., Marin V.T. and Barbujani G. (2001). Genetic characterization of the body attributed to the evangelist Luke. *Proc Natl Acad Sci U S A* 98, 13460-3.
- Wetterstrom W. and Wright H.T. (1992). Une contribution à la paléoethnobotanique du plateau central de Madagascar. *Taloha* 11, 147-166.
- Wong H.Y., Tang J.S., Budowle B., Allard M.W., Syn C.K., Tan-Siew W.F. and Chow S.T. (2007). Sequence polymorphism of the mitochondrial DNA hypervariable regions I and II in 205 Singapore Malays. *Leg Med (Tokyo)*. 9, 33-7.
- Wood E.T., Stover D.A., Ehret C., Destro-Bisol G., Spedini G., McLeod H., Louie L., Bamshad M., Strassmann B.I., Soodyall H. and Hammer M.F. (2005). Contrasting patterns of Y chromosome and mtDNA variation in Africa: evidence for sex-biased demographic processes. *Eur J Hum Genet* 13, 867-876.
- evangelist Luke. *Proc Natl Acad Sci U S A* 98, 13460-3.
- Vernier E. and Millot J. (1971). Archéologie Malgache comptoirs musulmans. Catalogues du musée de l'homme. Série F Madagascar I. Muséum national d'histoire naturelles, pp.177.
- Walter H., Arndt-Hanser A., Raffa M.A. and Gumbel B. (1975). On the distribution of some genetic markers in libya. *Humangenetik* 27, 129-136.
- Walter H., Matsumoto H., Danker-Hopfe H., Malhotra K.C. and Mukherjee B.N. (1997). Gm and KM allotypes in eight tribal populations of Madyha Pradesh and Orissa, India. *Jpn J Hum Genet* 42, 193-203.
- Wang J. (2003). Maximum-likelihood estimation of admixture proportions from genetic data. *Genetics* 164, 747-765.
- Wright S. (1950). Genetical structure of populations. *Nature* 166, 247-249.
- Yadav B., Raina A. and Dogra T.D. (2010). Genetic polymorphisms for 17 Y-chromosomal STR haplotypes in Jammu and Kashmir Saraswat Brahmin population. *Leg Med (Tokyo)*. 12, 249-55.
- Yogore M.G. and Schanfield M.S. (1981). Immunoglobulin allotypes in Filipinos. I Lack of association between *Schistosoma japonica* infection and immunoglobulin allotypes. *J Immunogenet* 8, 419-423.
- Yong R.Y., Lee L.K. and Yap E.P. (2006). Y-chromosome STR haplotype diversity in three ethnic populations in Singapore. *Forensic Sci Int* 159, 244-57.

- Zalloua P.A., Platt D.E., El Sibai M., Khalife J., Makhoul N., Haber M., Xue Y., Izaabel H., Bosch E., Adams S.M., Arroyo E., Lopez-Parra A.M., Aler M., Picornell A., Ramon M., Jobling M.A., Comas D., Bertranpetit J., Wells R.S. and Tyler-Smith C. (2008a). Identifying genetic traces of historical expansions: Phoenician footprints in the Mediterranean. *Am J Hum Genet* 83, 633-642.
- Zalloua P.A., Xue Y., Khalife J., Makhoul N., Debiante L., Platt D.E., Royyuru A.K., Herrera R.J., Hernanz D.F., Blue-Smith J., Wells R.S., Comas D., Bertranpetit J. and Tyler-Smith C. (2008b). Y-chromosomal diversity in Lebanon is structured by recent historical events. *Am J Hum Genet* 82, 873-882.
- Zhong H., Shi H., Qi X.B., Duan Z.Y., Tan P.P., Jin L., Su B. and Ma R.Z. (2011). Extended Y chromosome investigation suggests postglacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route. *Mol Biol Evol* 28, 717-727.

Références en sciences humaines:


- Adelaar K.A. (1989). Malay influence on Malagasy; Historical and linguistic inferences. *Oceanic Linguistics*, 28, 1-46.
- Adelaar K.A. (1995). *Asian roots of the Malagasy: a linguistic perspective*. Leiden: Bijdragen tot de Taal-, Land- en Volkenkunde, 325-56.
- Adelaar K.A. (2009). Loanwords in Malagasy. *In Loanwords in the World's Languages. A Comparative Handbook*, Mouton de Gruyter edn, Berlin. pp. 717-746.
- Alexandre P. (1981). Les Africains, Initiation à une longue histoire et à de vieilles civilisations de l'aube de l'humanité au début de la colonisation. Ed Philippe Auzou. Lidis. Paris. pp.607.
- Allibert C. (1995). Les mouvements austronésiens vers l'océan Indien occidental – La tradition arabico-malgache revisitée. *In L'étranger intime – Mélange offert à Paul Ottino – Madagascar, Tahiti, Insulinde – Monde Swahili – Comores – Réunion*. INALCOS, Paris, pp. 61-76.
- Althabe G. (1984). Schéma pour une anthropologie de la Vallée Antemoro de la Mananano. *In Ny razana tsy mba maty*, édité par Domenichini J.P., Poirier J. et Raherisoanjato D. Antananarivo: Librairie de Madagascar. pp. 143-204.
- Battistini R. and Vérin P. (1967). Irodo et la tradition Vohémarienne. *In Arabes et Islamisés à Madagascar et dans l'Océan Indien*. Taloha numéro 2, XXII-XLVI.
- Beaujard P. (1988). Les manuscrits arabico-malgaches (sorabe) du pays Antemoro. *OMASALY SY ANIO N°28*, Antananarivo, pp.123-149.
- Beaujard P. (1991-1992). Islamisés et systèmes royaux dans le Sud-Est de Madagascar : les exemples antemoro et tañala. *Omary sy Anio, Hier et aujourd'hui (Pouvoirs et États dans l'histoire de Madagascar et du Sud-Ouest de l'océan Indien)*, Antananarivo, pp. 235-286.
- Beaujard P. (2003). Les arrivées austronésiennes à Madagascar : vagues ou continuum ? *In Études Océan Indien (Langues et cultures de l'océan Indien occidental)*, Paris, pp. 59-147.
- Beaujard P. (2007). Madagascar et l'Afrique entre identité insulaire et appartenance historique, Karthala, Paris, pp.485.
- Beaujard P. and Tsaboto J. (1996). Les parias antemoro : les Antevolo. Actes du Colloque international sur l'esclavage. Antananarivo. 23-28 septembre 1996. pp.383-399.
- Bencheikh J.E and Miquel A. (1992). D'Arabie et d'Islam. Oddile Jacob, Paris, pp.236.
- Campbell G. (1991). The State and Pre-colonial Demographic History: The Case of Nineteenth Century Madagascar. *Journal of African History* 32, 415-45.
- Chabeuf M. (1969). Les caractères physiques de sept populations malgaches. *Bulletins et Mémoires de la Société d'anthropologie de Paris*, 4 (4-2), pp. 181-208.
- Champion B. (2003). La Case, les Sorabe, l'Histoire. Communication au colloque Le Voyage à Madagascar, de la découverte à l'aventure intellectuelle. Université de Paris IV-Sorbonne et Université d'Antananarivo, Antananarivo-Tolagnaro.

- Champion B. (2004). La troisième pierre du foyer : des clans et des clones dans la vallée de la Manaïano. Communication au séminaire international Écrire dans l'Océan indien : silence, censures, oublis. Université de Maurice.
- Chamla M-C. (1958). Recherche anthropologiques sur l'origine des Malgaches. Mémoires du Museum, Paris, pp.205.
- Chittick N. (1967). L'archéologie de la côte africaine. *In Arabes et Islamisés à Madagascar et dans l'Océan Indien*. Taloha numéro 2, 21-38.
- Dahl C.O. (1951). Malgache et maanyan. Une comparaison linguistique. *Avhandlingar utgitt av Instituttet 3*, Oslo: Egede Ins.
- Dalh C.O. (1991). Loanwords from Malay in Malagasy. *In Migration from Kalimantan to Madagascar*. Norwegian University press. The institute for comparative research in human culture, pp. 14-48.
- Deschamps H. and Vianes S. (1959). Les peuples malgaches : les malgaches du Sud-Est. Presses universitaires de France. pp.118.
- Deschamps H. (1972). Histoire de Madagascar, Berger Levrault edn, Paris. pp.348
- Dewar. R. E. and Wright H. T. (1993). The Culture History of Madagascar. *Journal of World Prehistory 7*, 417-466.
- Dez J. (1967). De l'influence arabe à Madagascar à l'aide de faits linguistiques. Documents présentés par le service Général de l'Information de la République Malagasy (Revue de Madagascar n°34, 35, 36, 37) et le Centre d'Archéologie de la Faculté des Lettres et des Sciences Humaines de l'Université de Madagascar. Arabes et Islamisés à Madagascar et dans l'Océan Indien, 1-20.
- Domenichini J-P. Ramiaramanana D.B. (2002). Histoire de Madagascar. Le journal de l'île de La Réunion.
- Dorigny M. and Gainot B. (2006). Atlas des esclavages. Traites, sociétés coloniales, abolitions de l'Antiquité à nos jours. Autrement, pp.79.
- Ferrand G. (1891). Les musulmans à Madagascar et aux îles Comores. Ernest Leroux, Paris.
- Field L.L. and Dugoujon J.M. (1989). Immunoglobulin allotyping (Gm, Km). of GAW5 families. *Genet Epidemiol 6*, 31-33.
- Field L.L., Surje S. and Ray A.K. (1988). Immunoglobulin (Gm and KM). allotypes in the Sikh population of India. *Am J Phys Anthropol 75*, 31-35.
- Flacourt E. de. [1661]. (2007). Histoire de la Grande Isle Madagascar, éditée, annotée et présentée par Claude Allibert. Karthala. Paris, pp.712.
- Grandidier A. Souvenirs et voyages d'Alfred Grandidier : 1865-1870 : d'après son manuscrit inédit de 1916 / Alfred Grandidier ; présentation Pierre V. collab. et ill. Christian G. Mantaux. Tananarive : Association malgache d'archéologie. 1971. pp50.
- Griffin W.D. (2009). The Matitanana Archaeological Project: Culture History and Social Complexity in the Seven Rivers Region of Southeastern Madagascar. Doctor of Philosophy (Anthropology). University of Michigan. pp.588.
- Kent R.K. (1969). Madagascar and Africa III. The Antemoro: A Theocracy in Southeastern Madagascar. *The Journal of African History 10.1*, 45-65.
- Liszkowski H.D. (2000). Mayotte et les Comores – Escales sur la Route des Indes aux XVème et XVIIIème siècles. Collection Mémoires. ed. du Baobab, Mayotte. pp.415.
- Lombard J. (1988). Le royaume sakalava du Menabé : essai d'analyse d'un système politique à Madagascar 17è-20è Bondy : Ed. de l'ORSTOM. pp.151.
- Marikandia M.L. (2001). The Vezo of the Fiherena Coast, Southwest Madagascar: Yesterday and Today. *Ethnohistory. 48*,157-70.
- Munthe L. (1982). La tradition Arabico-Malgache vue à travers le manuscrit A6 d'Oslo et d'autres manuscrits disponibles. TPFLM. Fametrahana, pp.327.
- Ottino P. (1976). Le Moyen Age de l'Océan Indien et le peuplement de Madagascar. CERSOI. Annuaire des Pays de l'Océan Indien, Paris, pp.197-221.
- Ottino P. (1983). Les Andriambahoaka malgache et l'héritage indonésien. *In Les Souverains de Madagascar par Raison Jourde.F. Karthala. Paris, 71-96.*

- Ottino P. (1974). Madagascar, les Comores et le Sud-ouest de l'Océan Indien. Publications du Centre d'Anthropologie Culturelle en Sociale, Université de Madagascar, pp.102.
- Otoni C., Martinez-Labarga C., Loogvali E.L., Pennarun E., Achilli A., De Angelis F., Trucchi E., Contini I., Biondi G. and Rickards O. (2009). First genetic insight into Libyan Tuaregs: a maternal perspective. *Ann Hum Genet* 73, 438-48.
- Pannetier J. (1974). Archéologie des pays Antambahoaka et Antaimoro. *In* *Civilisation de l'Est et du Sud-Est*. Taloha numéro 6, 53-71.
- Poirier J. and Rajaona S. (1964). *Civilisation malgache I. Série Sciences Humaines N°1*. Faculté des lettres et des sciences humaines. Tananarive. pp.403.
- Pradines S., Le Guennec-Coppens F., Mery S. (2002). L'art de la guerre chez les Swahili : les premiers forts d'Afrique orientale. *In*: *Journal des africanistes*. tome 72 fascicule 2, 71-87.
- Rafidinarivo Rakotolahy C. (2000). Le référent de l'esclavage dans les représentations transactionnelles marchandes à Madagascar. *Journal des africanistes*. 70-1-2, 123-144.
- Raison-Jourde F. (1983). Introduction. *In* *Les Souverains de Madagascar par Raison Jourde*. F. Karthala. Paris, 7-68.
- Rajaonarimanana N. (1990)., Savoirs arabico-malgaches, la tradition manuscrite des devins Antemoro Anakara, Institut National des Langues et des Civilisations Orientales. pp.286.
- Ralaimihoatra E. (1965). *Histoire de Madagascar - Des origines à la fin du XIXe siècle*. , Tananarive.
- Randriamananoro Rabesahala C.L. (2006). Ambohimanga-Rova-Approche anthropologique de la civilisation méridionale (Madagascar). Texte remanié de Thèse de doctorat : *Civilisation, anthropologie culturelle* : Université de La Réunion : 2002. Le Publieur. Paris, pp.393.
- Reydellet D. (2000). *Le Royaume Hova et l'Histoire Malgache*. Ed. La Varangue. La Réunion. pp.93.
- Robineau C. (1967). L'Islam aux Comores. Une étude d'histoire culturelle de l'île d'Anjouan. *In* *Arabes et Islamisés à Madagascar et dans l'Océan indien*. Taloha numéro 2, 65-93.
- Rochon A. (1791). *Voyage à Madagascar et aux Indes orientales*. Prault. Paris, pp. 322.
- Rolland D. (2007). Glissement de terrain – Une ethnologue dans la vallée de la Matitanana, ELYTIS, Bordeaux, pp.224.
- Rolland D. (1973). Introduction à une anthropologie de la Basse-Matitanana. *In* *Civilisation de l'Est et du Sud-Est*. Taloha numéro 6, 39-52.
- Rolland D. (1997). Matatanes de Flacourt et Antemoro des Sorabes. *In* *Autour d'Etienne de Flacourt (Actes du colloques d'Orléans)*. Numéro 23/24. Etude de l'Océan Indien. INALCO, 149-156.
- Simon P. (2006) *La langue des ancêtres*. Ny Fitenin-drazana. Une périodisation du malgache des origines au XV^e siècle . L'Harmatta. Paris, pp.506.
- Verin P. (1962). Retrospective et Problemes de l'Archeologie. *Asian Perspectives*. University of Hawai'i Press (Honolulu), 6 (1-2): 198-218.
- Verin P. (1967). Les Arabes dans l'Océan Indien et à Madagascar. *In* *Arabes et Islamisés à Madagascar et dans L'Océan Indien*. Le Centre d'Archéologie de la Faculté des Lettres et des Sciences Humaines de l'Université de Madagascar., Antananarivo.
- Verin P. (1992). *Madagascar*, KARTHALA edn, Paris. pp. 256

VIII- Annexes

Annexe 1. Autorisation délivrée par le Comité d'éthique malgache et lettre d'introduction


REPUBLIKAN'I MADAGASIKARA
Famoronanana - Fahaonana - Fandresaka

MINISTRE DE LA SANTE
ET DU PLANNING FAMILIAL

COMITE D'ETHIQUE

N° 009 -CE/MINSAN-

AUTORISATION

Après consultation et avis favorable du Comité d'Ethique auprès du Ministère de la Santé, Mademoiselle CAPREDON, Doctorante en Anthropologie à l'Université de la Réunion est autorisée à effectuer la recherche intitulée : « Histoire et génétique d'une population du sud-est malgache : Ambila-Manakara ».

Fait à Antananarivo, le 1 SEP. 2009

Le Ministre de la Santé et du Planning Familial

Vu au fangaha à Antsile le 19/11/09
LE MAIRE
ANTOINETA ANANA Bertrand

Vu à Manakara, le 18/11/09
LE CHIEF DE DISTRICT
RIKOTOVAO Vincent Bernard
Adjoint d'Administration

Vu au passage à Ambila le 20/11/09
LE CHIEF DE DISTRICT
LAMPANA

Vu au passage à Vohimano le 23 Novembre
LE CHIEF DE DISTRICT
L'ADJOINT CHARGE AGI
Antoine

LE MAIRE

[Signature]

REGION HAUT-VOVANKY - FITON
DISTRICT DE VOHIBENNY
COMMUNE DE VOHIBENNY
ANDRIAMIHAFY Jean R. vs
Vohibeno, le 25/11/09
Le P.D.S



[Signature]

MARION PIERRE AUGUSTIN



Adjoint au Maire

[Signature]

FRANCOIS LAMINA BELLANT

Vu au passage à Savana le 26/11/2009



L'ADJOINT AU MAIRE

[Signature]

RAZAFITSIALA Carmel

Vu au passage à Vohibenny
le 30/11/09



LE MAIRE

[Signature]

ANDRIA Bernard



Adjoint Maire

[Signature]

TSIMALA



LE MAIRE

[Signature]

ANDRIA Bernard

LETTRE D'INTRODUCTION

Je soussigné Professeur Louis Paul BANDCIAMARAKAZA
Responsable de la Filière Anthropologie
Département de Langue et Lettres Malgaches, autorise :

Mme, Melle, Mr. Melanie CAPREDON
Etudiant (e) régulièrement inscrit (e) en Niveau F, Année, option Anthropologie
Année Universitaire 2008-2009, à entreprendre un stage sur les Antemoro
au lieu Manakara - Nohipeno

En conséquence, je prie les responsables de bien vouloir le (s) recevoir et de le(s) aider dans la mesure de leurs possibilités.

Le Chef du Département



Le responsable

[Signature]

Vu et autorisé à ouvrir une enquête sur l'Anthropologie à Antemoro, le

Vu, au passage de
le 19/11/09



Langue et Littérature Malgaches
Enregistré le **16 NOV 2009**
N° d'ordre **141**

URGENT pour passage à l'étranger pour le 28/11/09

LE CHEF DE DISTRICT
ADJOINT CHARGE APT

[Signature]
LE CHEF DE DISTRICT
ADJOINT CHARGE APT

Annexe 2. Deux pages extraites du travail d'un instituteur retraité Anakara, Mr Bernard.
Traduction d'un Sorabe en malgache.

ambinan' i Matatana, ka ~~Antony~~ sy
hamoro.
Tony nipehaka tany mahajonja
izy ireo dia atao hoe ~~Antony~~ na
ha tonga aty matatana izy (onja-
tsy).
Antony sy Antojomambo.
Ramatkararo sy Ralivoaziry zanany,
no razam-ben' ny Antony. Revo-
lahena sy Peto-tomany no am-ja-
nompony.
Izy ireo dia any any La Mecque,
nidraka tamin' ireo namany. Nefe-
draka ny lovan-tsafina dia olona
any. Tonie izy ireo.
Nitsaka ny ranomasina izy ireo,
nianantsimo dia tonga tao Matatany
Ambohaba (avaraki mahajomomba
an-dohan' i Mahajomora. Piara ni-
pehaka tamin' ireo Onjatsy izy
sy ireo Antsimeto Ragnaha.
Andriamboaziribe, tafara, magna-
rock' an-dRamatkararo, dia niara

... roa ambin' ny folo lahy.
 ... taranaki'i Ramarohala. - Iyao
 ... anaran' ny zanaki'i Ramarohala
 ... ambin' ny folo lahy, zafin'i
 Ramosamariy sy Rataudramasy (onjatsy
 vavay):

1. - Andriatomambi
2. - Andriandrasambo
3. - Andriamandialamba
4. - Andriampajango
5. - Andriankatibofotsy
6. - Andriankagomambo
7. - Andriankatibofotsy
8. - Andriamarozaha
9. - Andriantoman
10. - Andriambarizaty
11. - Ravelavarefy
12. - Andriantomambato

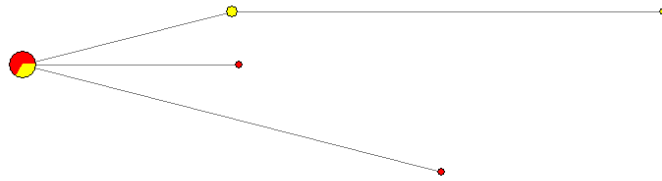
Ny Anakara. - Ellitavaty (Ra-
 midlitavaratrou), no razamben' ny
 Anakara. I Makajam sy i Fitosim-
 ny no ampianonpony. Ory any
 da meeqwe izy, ka nitody tao

Annexe 3. Liste des primers pour le SNaPshot Y

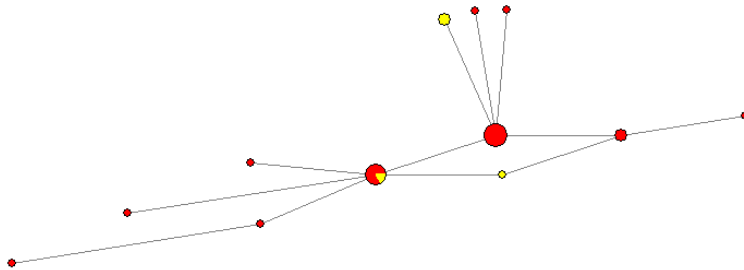
SNP	Sequence 5'-3'	Taille (pb)	Tm (C)	%GC	Taille amplicon (pb)
M304F	TGAACATAAACCACTTCCTAAT	22	51.8	32	216
M304R	CATCAGCTTTGTTATCCTT	19	48.7	38	
M267F	GTCCCTGTGTTTCCATTT	18	51.4	44	176
M267R	GGCATCAGCTAGATTGTG	18	50.7	50	
M365F	TTCATTTAGGCTGTAGCTGC	20	54.4	45	268
M365R	TCTTTAGTTGAGATGGGGT	19	50.5	42	
M221F	GTA CTGCTTAGGGCAAACC	19	53.5	53	241
M221R	CTGACAGAACTCACTGATTT	21	50.4	38	
M410F	TCATTGACCTTAAGTCTGAGTCCC	24	59.5	46	390
M410R	TGGATACCTTTCTAGGAAGAATTG	24	56.6	38	
M150F	GCAGTGGAGATGAAGTGAGAC	21	55	61	289
M150R	CCTACTTTCCCCTCTTCTG	20	54.6	59	

SNP	Sequence 5'-3'	Taille (pb)	base
M304sbe	R-gactgactgactC AAAAATATCACCAGTTGT	31	T/G
M267sbe	F-gaCGATGGAAGCATT TTTGTAAATA	25	T/G
M365sbe	F-ACCATCCTGGCTAACAC	17	A/G
M221sbe	R-gactgactgactgactgaTCTTGTGCATGAGCAAGCAT	38	C/T
M410sbe	F-gactgactgactgactgactgGGAGAAACATCTTGAGTTTCTG	43	A/G
M150sbe	F-gactGCCCACACACACAGATAGAAGT	26	C/T
M272sbe	F- T TACTCTTTGCTCTCCCGAA	20	A/G

Annexe 4. Networks Median-Joining des haplogroupes J1 et T1 Antemoro



Median Joining calculé à partir de 17 STR-Y (DYS19, DYS385a, DYS385b, DYS389i, DYS389ii, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS458, DYS456, DYS635, GATAH4) des haplotypes J1 dans les groupes Antemro (Anteony en rouge et Antalaotra en jaune).



Median Joining calculé à partir de 17 STR-Y (DYS19, DYS385a, DYS385b, DYS389i, DYS389ii, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS458, DYS456, DYS635, GATAH4) des haplotypes T1 dans les groupes Antemro (Anteony en rouge et Antalaotra en jaune).

Annexe 5. Tableau des profils STR-Y des Antemoro

Groupe	ID	DYS393	DYS390	DYS 19	DYS 391	DYS385ab	DYS 439	DYS 389I	DYS 392	DYS 389II	DYS 458	DYS 437	DYS 448	YGATAH4	DYS 456	DYS 438	DYS 635
Ampanabaka	MA301	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
	MA302	13	21	15	10	16,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
	MA303	13	21	15	10	16,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
	MA304	14	21	17	10	17,19	12	13	11	30	17	13	21	11	15	11	21
	MA305	14	21	17	10	17,19	12	13	11	30	17	13	21	11	15	11	21
	MA306	13	21	15	10	17,18	12	13	11	31	15	14	21	13	15	11	21
	MA307	13	23	15	10	13,14	11	12	14	28	17	14	16	11	15	10	22
	MA308	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
	MA309	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
	MA310	13	21	15	10	16,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
	MA311	13	21	15	11	16,18	11	13	11	30	16	14	21	12	16	11	21
	MA312	13	21	15	10	16,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
	MA313	13	21	15	10	17,17	13	13	11	31	16	14	21	13	15	11	22
	MA314	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
	MA315	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
	MA316	13	21	15	10	16,20	12	13	11	31	18	14	21	13	15	11	22
	MA319	13	22	15	10	16,17	12	14	12	33	17	14	21	10	15	11	21
	MA321	13	21	15	10	14,18	12	14	11	32	15	14	20	11	15	11	21
	MA322	13	21	15	11	16,17	11	13	11	31	16	14	21	12	15	11	21
	MA323	14	23	15	10	13,14	11	12	14	28	18	14	16	12	16	10	21
	MA324	13	21	15	11	16,17	11	13	11	31	16	14	21	12	15	11	21
	MA325	14	21	17	11	15,19	12	13	11	31	17	13	21	11	15	11	21
	MA326	14	21	15	11	15,20	13	13	11	30	16	14	21	11	15	11	23
	MA327	13	21	15	10	16,18	11	13	11	30	15	14	21	12	15	11	21
	MA328	13	23	16	10	14,15	11	12	14	29	19	14	16	12	15	10	22
	MA329	13	21	15	10	16,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21

MA330	13	23	16	10	13,14	11	12	14	28	18	14	16	12	15	10	21
<i>MA331</i>	13	21	15	10	17,18	12	13	11	31	15	14	21	13	15	11	21
MA332	13	21	15	11	16,17	11	13	11	31	16	14	21	12	15	11	22
MA333	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	22	12	15	11	21
MA334	14	21	15	10	16,18	12	13	11	31	17	14	21	12	16	11	21
MA335	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
<i>MA336</i>	14	21	17	11	15,19	12	13	11	31	17	13	21	11	15	11	21
MA337	13	23	16	10	14,15	11	13	13	29	21	14	16	11	15	10	22
MA338	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	22
MA339	13	23	15	10	13,14	11	12	14	28	17	14	16	11	15	10	22
<i>MA340</i>	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
<i>MA341</i>	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
MA342	13	24	15	10	11,11	11	14	11	33	17	14	22	12	13	10	17
MA343	14	21	15	11	15,20	13	13	11	30	16	14	21	12	15	11	23
MA344	14	21	16	10	17,19	12	13	11	30	16	13	19	11	15	11	21
MA345	13	22	15	10	13,15	12	12	14	28	18	14	16	11	15	10	22
MA346	15	21	15	11	16,16	13	13	11	30	17	14	21	11	15	11	22
MA347	13	21	15	10	17,17	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
MA348	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	14	12	21
<i>MA349</i>	13	21	15	10	16,20	12	13	11	31	18	14	21	13	15	11	22
MA350	13	21	15	10	18,18	11	13	11	30	15	14	21	12	15	11	21
MA351	13	24	14	11	14,18	11	12	11	28	17	14	19	11	15	11	25
MA352	13	24	15	11	13,17	12	12	11	29	16	15	18	11	13	9	21
<i>MA353</i>	13	24	15	11	13,17	12	12	11	29	16	15	18	11	13	9	21
MA354	14	21	14	11	16,16	12	13	11	30	18	14	21	11	16	11	21
MA355	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	12	15	11	21
MA356	13	21	15	10	16,16	12	14	11	32	16	14	21	12	15	11	22

	MA357	13	23	15	11	12,12	11	11	11	26	15	14	19	12	15	10	19
	MA358	13	24	13	10	16,18	12	14	11	31	16	14	20	12	17	10	21
Anteony	MA359	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA360	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
	MA361	12	23	15	10	13,18	13	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA362	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA363	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	<i>MA364</i>	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA365	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
	MA366	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
	<i>MA367</i>	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	<i>MA368</i>	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA369	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA370	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	<i>MA371</i>	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
	MA372	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA373	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
	MA374	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
	<i>MA375</i>	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
	MA376	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA377	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
	MA378	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	21
	MA379	13	23	15	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22
	MA380	13	23	15	10	15,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	23
	MA381	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	14	9	21
	MA382	14	21	17	10	15,16	12	13	11	30	16	14	21	11	17	11	23
	MA383	13	23	15	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22

MA384	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
MA385	14	21	17	10	15,17	12	13	11	30	16	14	21	11	16	11	23
<i>MA386</i>	14	21	17	10	15,17	12	13	11	30	16	14	21	11	16	11	23
MA387	13	23	15	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22
MA388	13	23	16	10	14,15	12	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22
<i>MA389</i>	13	23	15	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22
MA390	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
MA391	13	24	13	10	15,19	11	13	11	30	16	14	20	12	17	10	23
MA392	13	23	15	10	14,16	11	13	13	29	16	14	19	12	15	9	22
MA393	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
<i>MA394</i>	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
MA395	13	23	15	10	14,16	12	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
MA396	13	22	15	10	16,18	12	14	12	33	17	14	21	10	15	11	21
MA397	14	25	15	11	20,21	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	25
MA399	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
MA400	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	21
<i>MA401</i>	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
<i>MA402</i>	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
<i>MA403</i>	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	16	14	19	12	15	9	22
MA404	13	23	15	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22
MA405	13	24	15	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22
MA406	13	23	15	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22
MA407	13	21	15	10	17,18	11	13	11	31	15	14	21	11	15	11	21
MA408	14	25	15	11	15,20	12	13	13	29	15	14	18	11	14	10	22
MA409	13	23	16	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22
<i>MA410</i>	13	23	15	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22
MA411	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	21

	MA412	13	21	15	11	16,17	11	13	11	31	18	14	21	11	15	11	21
	<i>MA413</i>	13	21	15	11	16,17	11	13	11	31	18	14	21	11	15	11	21
	<i>MA414</i>	13	21	15	11	16,17	11	13	11	31	18	14	21	11	15	11	21
	<i>MA415</i>	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	21
Antalaotra	MA416	13	25	15	11	16,21	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	25
	MA417	13	23	16	10	13,13	11	12	14	28	15	14	16	12	15	10	22
	MA418	14	21	17	10	18,18	13	13	11	30	17	14	21	11	15	11	21
	MA419	13	25	14	12	16,21	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	25
	MA420	14	25	15	11	16,23	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	25
	MA421	13	24	15	10	13,17	11	12	11	29	16	15	18	11	13	9	21
	MA422	13	25	14	11	13,19	11	12	11	28	16	14	19	11	15	11	25
	MA423	13	25	14	11	13,19	11	12	11	28	17	14	19	11	15	11	25
	MA424	13	24	15	11	13,18	12	12	11	29	16	15	18	11	13	9	21
	MA425	13	21	15	11	16,17	11	13	11	31	18	14	21	11	15	11	21
	MA426	13	25	14	11	13,19	11	12	11	28	17	14	19	11	15	11	25
	MA427	13	25	14	11	13,19	11	12	11	28	17	14	19	11	15	11	25
	<i>MA428</i>	13	25	14	11	13,19	11	12	11	28	17	14	19	11	15	11	25
	MA429	13	25	14	12	13,19	11	12	11	28	17	14	19	11	14	11	26
	MA430	13	25	14	11	13,19	11	12	11	28	17	14	19	11	15	11	24
	MA431	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	<i>MA432</i>	13	25	14	11	13,19	11	12	11	28	17	14	19	11	15	11	25
	MA433	13	24	15	11	13,18	12	12	11	30	16	15	18	11	13	9	21
	<i>MA434</i>	13	25	14	11	13,19	11	12	11	28	17	14	19	11	15	11	25
	MA435	12	23	15	10	13,19	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA436	14	24	15	11	16,21	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	25
	MA437	13	23	16	10	15,15	11	12	14	28	19	14	16	12	16	10	22
	MA438	12	23	15	10	13,19	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20

MA439	13	25	14	11	13,19	11	12	11	28	17	14	19	11	15	11	25
MA440	13	25	15	11	16,21	12	13	13	29	17	14	18	11	16	10	25
MA441	14	25	16	11	16,21	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	25
MA442	14	24	15	11	16,21	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	25
MA443	14	25	15	11	16,21	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	25
MA444	13	23	15	10	13,14	11	12	14	28	19	14	16	12	16	10	21
MA445	13	23	16	10	13,13	11	12	14	28	15	14	16	12	15	10	22
MA446	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	17	14	19	12	15	9	22
MA447	13	23	16	10	13,13	11	12	14	28	15	14	16	12	16	10	22
MA448	13	23	16	10	13,13	11	12	14	28	15	14	16	12	16	10	21
<i>MA449</i>	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	17	14	19	12	15	9	22
MA450	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
MA451	13	23	17	10	13,14	11	12	14	30	19	14	16	12	16	10	22
MA452	13	23	16	10	13,14	11	12	14	29	19	14	16	12	16	10	21
MA453	13	25	15	11	16,21	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	24
MA454	13	25	16	11	12,13	10	13	11	30	16	14	19	13	15	11	23
MA455	13	25	15	11	16,20	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	25
MA456	13	23	15	10	13,13	11	12	14	28	15	14	16	12	16	10	21
<i>MA457</i>	13	25	15	11	16,21	12	13	13	29	16	14	18	11	16	10	25
<i>MA458</i>	13	23	15	10	14,16	11	13	13	30	17	14	19	12	15	9	22
MA459	12	23	15	10	11,19	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
MA460	13	23	15	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	21
<i>MA461</i>	13	25	14	11	13,19	11	12	11	28	17	14	19	11	15	11	24
MA462	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
MA463	14	25	15	11	16,21	12	13	13	29	16	14	18	11	17	10	23
<i>MA464</i>	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
MA465	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20

	<i>MA466</i>	12	23	15	10	13,18	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA467	12	23	15	10	13,19	11	13	11	29	18*	14	20	11	15	10	20
	MA468	13	23	15	10	14,16	11	14	13	31	16	14	19	12	15	9	22
	MA469	14	21	15	10	15,19	14	13	11	30	16	14	21	12	15	11	21
Européen	<i>MA398</i>	13	25	15	10	13,15	12	14	13	30	17	14	19	11	16	12	23

*DYS438 :18/19 variant non testé

En grisé les individus de lignées non Antemoro, apparentés, suspectés d'être apparentés et non utilisés pour les analyses statistiques.

MA372	Anteony	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T	C G A G A	
MA373	Anteony	T1	- G C A T C G A C G	T C T T T C A C G A C	G
MA374	Anteony	T1	- G C A T C G A C G	T C T T T C A C G A C	G
MA375	Anteony	T1	- G C A T C G A C G	T C T T T C A C G A C	G
MA376	Anteony	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T	C G A G A	
MA377	Anteony	T1	- G C A T C G A C G	T C T T T C A C G A C	G
MA378	Anteony	T1	- G C A T C G A C G	T C T T T C A C G A C	G
MA379	Anteony	T1	- G C A T C G A C G	T C T T T C A C G A C	G
MA380	Anteony	T1	- G C A T C G A C G	T C T T T C A C G A C	G
MA381	Anteony	T1	- G C A T C G A C G	T C T T T C A C G A C	G
MA383	Anteony	T1	- G C A T C G A C G	T C T T T C A C G A C	G
MA384	Anteony	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T	C G A G A	
MA387	Anteony	T1	- G C A T C G A C G	T C T T T C A C G A C	G
MA388	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA389	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA390	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA392	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA393	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA394	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA395	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA397	Anteony	O2a1	- G A A T C G A C G	T C T C T C A C G A T	
MA399	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA400	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA401	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA402	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA403	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA404	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA405	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G
MA406	Anteony	T1	- G C A T C G A C G		G

MA408	Anteony	O2a1	- G A A T C G A C G		T C T C T C A C G A T	
MA409	Anteony	T1	- G C A T C G A C G			G
MA410	Anteony	T1	- G C A T C G A C G			G
MA411	Anteony	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T			C G A G A
MA415	Anteony	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T			C G A G A
MA416	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G		T C T C T C A C G A T	
MA417	Antalaotra	O1a2	- G A A T C G A C G		T C A T C C C C G A C	
MA419	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G		T C T C T C A C G A T	
MA420	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G		T C T C T C A C G A T	
MA421	Antalaotra	J2b	- G A A T C G A C C + G G A G T			C T A A A
MA424	Antalaotra	J2b	- G A A T C G A C C + G G A G T			C T A A A
MA431	Antalaotra	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T			C G A G A
MA433	Antalaotra	J2b	- G A A T C G A C C + G G A G T			C T A A A
MA435	Antalaotra	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T			C G A G A
MA436	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G		T C T C T C A C G A T	
MA437	Antalaotra	O1a2	- G A A T C G A C G		T C A T C C C C G A C	
MA438	Antalaotra	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T			C G A G A
MA440	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G		T C T C T C A C G A T	
MA441	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G		T C T C T C A C G A T	
MA442	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G		T C T C T C A C G A T	
MA443	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G		T C T C T C A C G A T	
MA444	Antalaotra	O1a2	- G A A T C G A C G		T C A T C C C C G A C	
MA445	Antalaotra	O1a2	- G A A T C G A C G		T C A T C C C C G A C	
MA446	Antalaotra	T1	- G C A T C G A C G			
MA447	Antalaotra	O1a2	- G A A T C G A C G		T C A T C C C C G A C	
MA448	Antalaotra	O1a2	- G A A T C G A C G		T C A T C C C C G A C	
MA449	Antalaotra	T1	- G C A T C G A C G			
MA450	Antalaotra	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T			C G A G A
MA451	Antalaotra	O1a2	- G A A T C G A C G		T C A T C C C C G A C	

MA452	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G	T C T C T C A C G A T	
MA453	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G	T C T C T C A C G A T	
MA454	Antalaotra	R1a	- A A A T C G C C G		C T
MA455	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G	T C T C T C A C G A T	
MA456	Antalaotra	O1a2	- G A A T C G A C G	T C A T C C C G A C	
MA457	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G	T C T C T C A C G A T	
MA458	Antalaotra	T1	- G C A T C G A C G		
MA459	Antalaotra	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T		C G A G A
MA460	Antalaotra	T1	- G C A T C G A C G		
MA462	Antalaotra	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T		C G A G A
MA463	Antalaotra	O2a1	- G A A T C G A C G	T C T C T C A C G A T	
MA464	Antalaotra	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T		C G A G A
MA465	Antalaotra	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T		C G A G A
MA466	Antalaotra	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T		C G A G A
MA467	Antalaotra	J1(xJ1a,J1b)	- G A A T C G A C C + G G A T T		C G A G A
MA468	Antalaotra	T1	- G C A T C G A C G		
MA398	Européen	R1b	- A A A T A G C C G		

Annexe 7. Tableau des haplotypes SNP-Y Yap+ de l'échantillonnage Antemoro

			YAP	M96	M34	M81	M35	M123	M33	M41	M44	M54	P2	M2	M75
MA301	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA302	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA303	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA304	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA305	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA306	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA308	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA309	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA310	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA311	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA312	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA313	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA314	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA315	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA316	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA319	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA321	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA322	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA324	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA325	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA326	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA327	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA329	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA331	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G

MA332	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA333	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA334	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA335	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA336	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA338	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA340	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA341	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA343	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA344	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA346	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA347	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA348	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA349	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA350	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA351	Ampanabaka	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA354	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA355	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA356	Ampanabaka	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA358	Ampanabaka	E1b1b1	+	C	G	C	C	G	A	G	G	G	T	A	G
MA382	Anteony	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA385a	Anteony	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA386a	Anteony	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA391	Anteony	E1b1b1	+	C	G	C	C	G	A	G	G	G	T	A	G
MA396	Anteony	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA407	Anteony	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA412	Anteony	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA413	Anteony	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA414	Anteony	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G

MA418	Antalaotra	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA422	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA423	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA425	Antalaotra	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G
MA426	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA427	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA428	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA429	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA430	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA432	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA434	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA439	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA461	Antalaotra	E2b	+	C	G	C	G	G	A	G	G	A	C	A	A
MA469	Antalaotra	E1b1a1	+	C	G	C	G	G	A	G	G	G	T	G	G

Annexe 8. Tableau des haplotypes HVI et HVII de notre population Antemoro

Groupe	ID	HVI	HVII	HG
Ampanabaka	<i>MA301</i>	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 200 249d 263	F3b
	MA302	16124 16223 16319	73 150 152 263	L3d
	MA303	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16390	73 146 152 195	L2a1
	MA304	16223 16295 16362 16519	73 146 199 263	M7c3c
	MA305	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
	<i>MA306</i>	16223 16295 16362 16519	73 146 199 263	M7c3c
	MA307	16223 16278 16311 16362 16519	73 263	L3b
	MA308	16223 16265T 16519	73 150 195 263	L3e3
	<i>MA309</i>	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 200 249d 263	F3b
	<i>MA310</i>	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16390	73 146 152 195	L2a1
	MA311	16172 16183C 16189 16213 16223 16320 16519	73 150 152 195	L3e2b3
	MA312	16223 16295 16362 16519	73 146 199 263	M7c3c
	MA313	16086 16148 16223 16259 16278 16311 16319 16399 16526	73 150 200 263	M32c
	MA 315	16189 16192 16223 16256 16278 16294 16309 16344 16390 16519	73 146 152 195 263	L2a1
	MA316	16148 16172 16187 16188G 16189 16223 16230 16311 16320 16519	64 93 152 185 189 204 207 247 263	L0a2
	MA317	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146 195	B4a1a1a
	MA318	16223 16265T 16519	73 150 195 263	L3e3
	MA319	16223 16295 16362 16519	73 146 199 263	M7c3c
	MA320	16129 16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16290 16519	71 73 146	B4a1a1a
	MA321	16221 16223 16291 16362 16390 16519	73 263	E1a
	MA322	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	MA323	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	MA324	16148 16172 16187 16188G 16189 16223 16230 16311 16320 16519	64 93 152 189 204 207 236 247 263	L0a2
	MA325	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	MA326	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
MA327	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a	

MA328	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 200 249d 263	F3b
MA329	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146 252	B4a1a1a
MA330	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
MA331	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
MA332	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204	M23
MA333	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 200 249d 263	F3b
MA334	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
MA335	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
<i>MA336</i>	16172 16183C 16189 16213 16223 16320 16519	73 150 152 195	L3e2b3
MA337	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16309 16390	73 146 152 195	L2a1
MA338	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
MA339	16093 16124 16217 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
MA340	16189 16223 16278 16294 16309 16390 16519	73 146 152 195 198	L2a1
MA341	16221 16223 16291 16362 16390 16519	73 263	E1a
MA342	16223 16295 16362 16519	73 146 199 263	M7c3c
MA343	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
MA344	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
MA345	16223 16295 16362 16519	73 146 199 263	M7c3c
MA346	16185 16223 16327 16519	73 150 189 200 263	L3e1a
<i>MA347</i>	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
<i>MA348</i>	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
MA349	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16309 16390	73 146 152 195	L2a1
MA350	16223 16265T 16519	73 150 195 263	L3e3
MA351	16148 16172 16187 16188G 16189 16223 16230 16311 16320 16519	64 93 152 189 204 207 236 247 263	L0a2
MA352	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
MA353	16221 16223 16291 16362 16390 16519	73 263	E1a
MA354	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b
MA355	16223 16265T 16519	73 150 195 263	L3e3
MA356	16172 16183C 16189 16213 16223 16320 16519	73 150 152 195	L3e2b3

	<i>MA357</i>	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
	MA408	16185 16223 16327 16519	73 150 189 200 263	L3e1a
	MA452	16172 16223 16295 16362 16359	73 146 199 263	M7c3c
Anteony	MA358	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	MA359	16093 16172 16223 16278 16311 16362 16519	73 263	L3b
	MA360	16129 16148 16168 16172 16187 16188G 16189 16223 16230 16278 16293 16311 16320	93 95C 185 189 236 247 263	L0a1'4
	MA361	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
	MA362	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
	MA363	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b
	MA364	16169 16213 16223 16240C 16254 16316 16335	73 152 263	L3a
	MA365	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16291 16519	73 146	B4a1a1a
	<i>MA366</i>	16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
	MA367	16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
	<i>MA368</i>	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b
	MA369	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 200 249d 263	F3b
	MA370	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
	MA371	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	<i>MA372</i>	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 200 249d 263	F3b
	MA373	16093 16223 16274 16278 16362 16519	73 263	L3b
	MA374	16265T 16292 16519	73 150 195 263	L3e3
	MA375	16172 16183C 16189 16223 16320 16519	73 150 195	L3e2b
	MA376	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16309 16390	73 146 152 195	L2a1
	MA377	16172 16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
	MA378	16124 16223 16319	73 150 152 263	L3d
	<i>MA379</i>	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16309 16390	73 146 152 195	L2a1
	MA380	16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
	MA381	16223 16295 16362 16519	73 146 199 263	M7c3c
	MA382	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b
	<i>MA383</i>	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16309 16390	73 146 152 195	L2a1

<i>MA384</i>	16182C 16183C 16189 16217 16261 16519	73 146	B4a1a1a
MA385	16129 16148 16168 16172 16187 16188G 16189 16223 16230 16278 16293 16311 16320	93 95C 185 189 194G 236 247 263	L0a1'4
MA386	16086 16148 16223 16259 16278 16319 16399 16526	73 150 195 200 263	M32c
<i>MA387</i>	16223 16295 16362 16519	73 146 199 263	M7c3c
MA388	16223 16266 16278 16294 16309 16390 16519	73 146 152 195 263	L2a1
<i>MA389</i>	16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
MA390	16189 16265T 16292 16519	73 150 195	L3e3
MA391	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b
MA392	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16309 16390	73 146 152 195	L2a1
MA393	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16291 16519	73 146	B4a1a1a
MA394	16172 16183C 16189 16213 16223 16245 16320 16519	73 150 152 195	L3e2b3
MA395	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16390	73 146 195	L2a1
MA396	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
MA397	16129 16148 16168 16172 16187 16188G 16189 16223 16230 16278 16293 16311 16320	93 95C 185 189 236 247 263	L0a1'4
MA398	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
MA399	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16309 16390 16519	73 146 152 195	L2a1
MA400	16172 16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
<i>MA401</i>	16172 16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
<i>MA402</i>	16172 16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
MA403	16172 16183C 16189 16213 16223 16320 16519	73 150 152 195	L3e2b3
<i>MA404</i>	16172 16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
MA405	16129 16144 16148 16192 16223 16241 16265C 16274 16311 16343 16362	73 89 146 238 263	Q1
MA406	16093 16223 16355	73 150 152 235 263	L3k
MA409	16148 16172 16187 16188G 16189 16223 16230 16311 16320 16519	64 93 152 189 204 207 236 247 263	L0a2
MA410	16185 16223 16327 16519	73 150 189 200 263	L3e1a
MA411	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 200 249d 263	F3b
MA412	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
MA413	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
MA414	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16291 16519	73 146	B4a1a1a

	MA415	16189 16192 16223 16256 16278 16294 16309 16344 16390 16519	73 146 152 195	L2a1
	MA436	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b
Antalaotra	MA407	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23
	MA416	16223 16265T 16519	73 150 152 195 263	L3e3
	MA417	16093 16223 16278 16362 16399 16519	73 263	L3b
	MA418	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146 263	B4a1a1a
	<i>MA419</i>	16223 16295 16362 16519	73 146 199 263	M7c3c
	MA420	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	MA421	16223 16265T 16519	73 150 195 263	L3e3
	MA422	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
	MA423	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	MA424	16172 16182C 16189 16213 16223 16245 16320 16519	73 150 152 195	L3e2b3
	MA425	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16309 16390	73 146 152 195	L2a1
	MA426	16093 16223 16295 16362 16519	73 146 199 263	M7c3c
	MA427	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	MA428	16086 16148 16189 16223 16259 16278 16319 16399 16526	73 150 200	M32c
	MA429	16182C 16183C 16189 16223 16278 16290 16294 16309 16390	73 146 152 195	L2a1
	MA430	16148 16172 16187 16188G 16189 16223 16230 16311 16320 16519	64 93 150 152 189 204 207 236 247 263	L0a2
	<i>MA431</i>	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	MA432	16093 16223 16278 16362	73 263	L3b
	<i>MA433</i>	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b
	<i>MA434</i>	16086 16148 16189 16223 16259 16278 16319 16378 16526	73 150 200	M32c
	MA435	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	<i>MA437</i>	16182C 16183C 16189 16213 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	MA438	16172 16183C 16189 16213 16223 16245 16320 16519	73 150 152 195	L3e2b3
	MA439	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146 199	B4a1a1a
	MA440	16182C 16183C 16189 16217 16261 16519	73 146	B4a1a1a
	MA441	16223 16263 16311 16519	73 151 152 195 204 263	M23
	MA442	16148 16172 16187 16188G 16189 16223 16230 16311 16320 16519	64 93 150 152 189 204 207 236 247 263	L0a2

MA443	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a	
<i>MA444</i>	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a	
MA445	16213 16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b	
MA447	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b	
MA448	16086 16148 16223 16259 16278 16319 16399 16526	73 150 200 263	M32c	
MA449	16223 16295 16362 16359	73 146 199 263	M7c3c	
MA450	16223 16263 16311 16359	73 152 195 204 263	M23	
MA451	16221 16223 16291 16362 16390 16359	73 263	E1a	
MA453	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23	
<i>MA454</i>	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a	
MA455	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b	
MA456	16086 16148 16223 16259 16278 16319 16399 16526	73 150 200 263	M32c	
MA457	16213 16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b	
<i>MA458</i>	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a	
MA459	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b	
<i>MA460</i>	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b	
MA461	16265T 16292 16519	73 150 195 263	L3e3	
MA462	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23	
<i>MA463</i>	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23	
MA464	16093 16223 16278 16291 16362 16519	73 263	L3b	
MA465	16220C 16265 16298 16362	73 150 152 249d 263	F3b	
<i>MA466</i>	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a	
MA467	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a	
<i>MA468</i>	16182C 16183C 16189 16217 16247 16261 16519	73 146	B4a1a1a	
MA469	16093 16223 16278 16362 16519	73 263	L3b	
Autres	<i>MA314</i>	16086 16220C 16265 16298 16362	73 150 152 263 249d	F3b
	<i>MA446</i>	16223 16263 16311 16519	73 152 195 204 263	M23

En grisé les individus de lignées non Antemoro, apparentés ou suspectés d'être apparentés et non utilisés pour les analyses statistiques.

Annexe 9. Tableau des haplotypes de la région codante de l'ADNmt dans les trois groupes Antemoro

			10400	10873	10810	13276	13789	13710	13470	12950	3594	9818	13803	13958	15939	4158	3693	10086	8618	14905	4218	2352	750	8360	8360	8291 - 8292del	6719	14022	1473	9820	3606	7598	10834	10319		
MA 301	Ampanabaka	F3b	C	C																															A	
MA 302	Ampanabaka	L3d	C	T	T	A	T	A	A	A	T	C						A	C	G	T	T	T													
MA 303	Ampanabaka	L2a1	C	T	C	A	T	A	A	A	C	C	G	G	C	A	G																			
MA 304	Ampanabaka	M7c3c	T	T																										C		G				
MA 305	Ampanabaka	L3b	C	T	T	A	T	A	A	A	T	C						G	T	G	T	T	T													
MA 306	Ampanabaka	M7c3c	T	T																																
MA 307	Ampanabaka	L3b	C	T	T	A	T	A	A	A	T	C						G	T	G	T	T	T													
MA 308	Ampanabaka	L3e3	C	T	T	A	T	A	A	A	T	C						A	T	G	T	C	A													
MA 309	Ampanabaka	F3b	C	C																															A	
MA 310	Ampanabaka	L2a1	C	T	C	A	T	A	A	A	C	C	G	G	C	A	G																			
MA 311	Ampanabaka	L3e2b3	C	T	T	A	T	A	A	A	T	C						A	T	A	T	C	T													
MA 312	Ampanabaka	M7c3c	T	T																											C		G			
MA 313	Ampanabaka	M32c	T	T																											T					
MA 315	Ampanabaka	L2a1	C	T	C	A	T	A	A	A	C	C	G	G	C	A	G																			
MA316	Ampanabaka	L0a2	C	T	T	G	T	A	A	A	C	T																								
MA317	Ampanabaka	B4a1a1a	C	C																						+	A								T	
MA318	Ampanabaka	L3e3	C	T	T	A	T	A	A	A	T	C						A	T	G	T	C	A													
MA319	Ampanabaka	M7c3c	T	T																												C		G		
MA320	Ampanabaka	B4a1a1a	C	C																						+	A								T	
MA321	Ampanabaka	E1a	T	T																															T	A
MA322	Ampanabaka	B4a1a1a	C	C																						+	A								T	
MA323	Ampanabaka	B4a1a1a	C	C																						+	A								T	
MA324	Ampanabaka	L0a2	C	T	T	G	T	A	A	A	C	T																								
MA325	Ampanabaka	B4a1a1a	C	C																						+	A									T
MA326	Ampanabaka	B4a1a1a	C	C																						+	A									T

Annexe 10. Tableau des F_{ST} par paire de populations sur la base des fréquences des polymorphismes Gm.

	Antemoro		Northern Fihereña		Southern Fihereña	
	F_{ST}	significativité (5%)	F_{ST}	significativité (5%)	F_{ST}	significativité (5%)
Antemoro	*	*				
Northern Fihereña	0.00626	-	*	*		
Southern Fihereña	0.00644	-	0.02606	+	*	*
Comoros	0.09069	+	0.10506	+	0.05587	+
Bechuana	0.11384	+	0.13058	+	0.06667	+
Kgalagadi desert	0.09328	+	0.10307	+	0.09182	+
Bushmen South central	0.16331	+	0.16375	+	0.15457	+
Bushmen mainly south	0.18165	+	0.18232	+	0.16804	+
Lenje (Zambia)	0.11325	+	0.13870	+	0.06587	+
Plateau Tonga (Zambia)	0.13296	+	0.15630	+	0.08101	+
Valey Tonga (Zambezi)	0.11770	+	0.14274	+	0.07738	+
Shangaan-Tonga (Mozambique)	0.12820	+	0.15026	+	0.05938	+
Hlubi (South Africa)	0.10468	+	0.11859	+	0.05138	+
Ndebele (South Africa)	0.13039	+	0.15450	+	0.07558	+
Venda (South Africa)	0.10137	+	0.11859	+	0.04577	+
Angola mixed tribes	0.20200	+	0.22489	+	0.14661	+
Diriko (South-west Africa)	0.09702	+	0.11820	+	0.07735	+
Kuangari (South-west Africa)	0.10917	+	0.12903	+	0.05077	+
Sambio (South-west Africa)	0.10151	+	0.12152	+	0.04281	+
Kuambi (Ovamboland) (South-west Africa)	0.19058	+	0.21371	+	0.12604	+
Kuanyama (South-west Africa)	0.14559	+	0.16909	+	0.08166	+
Pygmy Aka	0.28023	+	0.31026	+	0.21290	+
Pygmy Babinga	0.27477	+	0.29782	+	0.22665	+
Bantu Mlozi	0.12723	+	0.15125	+	0.06672	+
Bantu Xhosa	0.10126	+	0.11292	+	0.06846	+
Berbers low Kabylie	0.26453	+	0.25528	+	0.26538	+
Berbers high Kabylie	0.27400	+	0.26391	+	0.27760	+
Berbers Mozabite from Ghardaïa	0.23427	+	0.22493	+	0.23611	+
Touaregs Issequamarene	0.20358	+	0.19708	+	0.20624	+
Berbers from Djerba	0.26139	+	0.24839	+	0.26902	+
Arabs from Djerba	0.30662	+	0.29402	+	0.31758	+
Libyans from Tripoli and Benghazi	0.29917	+	0.28859	+	0.30704	+
Berbers from Bouhria	0.30004	+	0.28919	+	0.31016	+
Berbers from Khenifra	0.25926	+	0.25077	+	0.26259	+
Arabs from Doukkala	0.24132	+	0.23203	+	0.24497	+
Berbers from Asni	0.24374	+	0.23429	+	0.24637	+
Berbers from Amizmiz	0.23092	+	0.22268	+	0.23079	+
Touaregs Kel Nam	0.26741	+	0.25934	+	0.26638	+
Tunisian Berbers	0.29368	+	0.28287	+	0.29983	+
Berbers from Takrouna-Jeradou	0.19561	+	0.19121	+	0.19289	+
Berbers from Douiret-Chenini	0.35902	+	0.34621	+	0.37664	+
Berbers from Kesra	0.40395	+	0.38948	+	0.42839	+

Arabs from Mahdia	0.32810	+	0.31774	+	0.33688	+
Arabs from Sfax	0.29751	+	0.28631	+	0.30510	+
Berbers from Sened	0.24534	+	0.23555	+	0.24986	+
Egyptians	0.23590	+	0.23150	+	0.22792	+
Siwa Oasis (Egypt)	0.18374	+	0.18357	+	0.15955	+
Tunisians from Monastir	0.30322	+	0.29437	+	0.31160	+
Issas (Djibouti)	0.13733	+	0.13015	+	0.11602	+
Amhara Tigrai	0.11491	+	0.11778	+	0.08628	+
Sidamo from Ethiopia	0.11356	+	0.11795	+	0.07768	+
Mandara (Cameroon)	0.18365	+	0.20572	+	0.13020	+
Fulbe (Cameroon)	0.20172	+	0.22271	+	0.14291	+
Fali (Cameroon)	0.13266	+	0.15481	+	0.08617	+
Bamileke (Cameroon)	0.22048	+	0.24145	+	0.15227	+
Bassa (Cameroon)	0.17847	+	0.19914	+	0.11566	+
Ewondo (Cameroon)	0.12763	+	0.15063	+	0.08965	+
Abron (Ivory Coast)	0.11921	+	0.14046	+	0.06650	+
Yacouba (Ivory Coast)	0.11645	+	0.13985	+	0.08228	+
Baoule (Ivory Coast)	0.10105	+	0.12405	+	0.07763	+
Ahizi (Ivory Coast)	0.09194	+	0.11415	+	0.06884	+
Dogon (Bendiagara - Mali)	0.20427	+	0.22861	+	0.14395	+
Bobo (Tara - Mali)	0.09528	+	0.11708	+	0.06708	+
Bwa (Sirao - Mali)	0.15156	+	0.17458	+	0.09717	+
Yoruba (Nigeria - Ibadan)	0.13922	+	0.16428	+	0.08830	+
Mendenka (Senegal)	0.17721	+	0.20502	+	0.12366	+
Fulani (Senegal)	0.16266	+	0.18700	+	0.09877	+
Acre (Israel)	0.30792	+	0.29658	+	0.31554	+
Afghan (Afganistan)	0.25379	+	0.23838	+	0.26871	+
Basrah (Iraq)	0.30647	+	0.29847	+	0.30833	+
Beduin (Israel)	0.29388	+	0.27899	+	0.30507	+
Iraq (Baghdad, Arab)	0.41075	+	0.39616	+	0.43560	+
Iran (Armenians, Armenians)	0.41178	+	0.39828	+	0.43442	+
Iran (Shosaavan, Giliak)	0.37886	+	0.36435	+	0.39930	+
Iran (Tavalesh, Turkic)	0.33895	+	0.32357	+	0.35794	+
Iran (Teheran, Persian)	0.30785	+	0.29267	+	0.32267	+
Iran (Babol, Mazandarian)	0.36061	+	0.34548	+	0.38067	+
Iran (Gorgon, Mazandarian)	0.32180	+	0.30612	+	0.34054	+
Iran (Mazanderanian, Mazandarian)	0.45487	+	0.44269	+	0.47726	+
Iran (Northern Gorgon, Persian)	0.33210	+	0.31576	+	0.34893	+
Iran (Gonbad, Turkman)	0.29506	+	0.28278	+	0.31060	+
Lebanese (Druzes and Maronites)	0.47776	+	0.46511	+	0.50285	+
Lebanese (Arabs)	0.47234	+	0.46296	+	0.48135	+
Sunni (Saudi Arabia)	0.28939	+	0.27822	+	0.29941	+
Shia (Saudi Arabia)	0.26313	+	0.24986	+	0.26884	+
Turkey	0.42759	+	0.41395	+	0.45144	+
Yemenite	0.26881	+	0.26194	+	0.26092	+

Yemen (North Yemen)	0.23916	+	0.23280	+	0.23423	+
Iranian Guilanians	0.39305	+	0.38053	+	0.40859	+
Lebanese Sunni	0.40761	+	0.39570	+	0.42714	+
Sikhs (India)	0.27235	+	0.25806	+	0.28413	+
Deshia Khond (central India)	0.25150	+	0.24051	+	0.32160	+
Binjhal (central India)	0.20588	+	0.19352	+	0.25004	+
Kisan (central India)	0.20746	+	0.19750	+	0.27361	+
Dhurwa (central India)	0.19934	+	0.18989	+	0.26863	+
Halba (central India)	0.23701	+	0.22320	+	0.26848	+
Bhatra (central India)	0.20125	+	0.18955	+	0.25418	+
Muria (central India)	0.26341	+	0.24943	+	0.30173	+
Maria (central India)	0.23506	+	0.22143	+	0.27528	+
Brahmins (Assan India)	0.26650	+	0.25122	+	0.28782	+
Kalitas (Assan India)	0.19234	+	0.17940	+	0.23056	+
Kaibartas (Assan India)	0.18693	+	0.17395	+	0.23399	+
Muslims (Assan India)	0.17901	+	0.16561	+	0.21406	+
Ahoms (Assan India)	0.18126	+	0.17061	+	0.24449	+
Karbis (Assan India)	0.25218	+	0.24185	+	0.33175	+
Kacharis (Assan India)	0.29483	+	0.28527	+	0.38915	+
Sonowals (Assan India)	0.17075	+	0.15860	+	0.22443	+
Chutiyas (Assan India)	0.19914	+	0.18500	+	0.24185	+
Rajbanshis (Assan India)	0.16904	+	0.15533	+	0.21411	+
Hindu (Andhra Pradesh)	0.26404	+	0.25039	+	0.27871	+
Koya Dora (Andhra Pradesh)	0.21778	+	0.20687	+	0.26693	+
Hindus from Delhi	0.27719	+	0.26655	+	0.28424	+
Indians Naicker from Madras	0.30148	+	0.29020	+	0.31635	+
Bataan	0.22488	+	0.21762	+	0.30642	+
Zambales	0.19767	+	0.19032	+	0.25973	+
Bali	0.35467	+	0.35083	+	0.43570	+
Malay Senoi from Perak	0.57207	+	0.56385	+	0.71843	+
Filipino from Samar	0.29491	+	0.28878	+	0.38093	+
Central Motu	0.29197	+	0.29313	+	0.38380	+
Mandang Takia	0.15800	+	0.15310	+	0.23008	+
Milne bay (Kukuya)	0.22818	+	0.22482	+	0.31794	+
Morobe Atsera	0.04261	+	0.05763	+	0.03378	+
Tenis (Tench Islands)	0.20728	+	0.19800	+	0.27826	+
New Britain Tolai	0.20007	+	0.19270	+	0.25815	+
New Britain Kilenge	0.23005	+	0.22393	+	0.31804	+
Bougainville Uruava	0.37132	+	0.36313	+	0.48525	+
Bougainville Torau	0.48252	+	0.47583	+	0.60053	+
Polynesian outliers Bellona	0.20115	+	0.19245	+	0.26744	+
Polynesian outliers Rennell	0.19120	+	0.18156	+	0.25552	+
Fiji Iau	0.21422	+	0.20503	+	0.26897	+
Fiji Viti	0.30848	+	0.30094	+	0.34415	+
Central province Fuyuge	0.30149	+	0.29454	+	0.33475	+

Central province Towade	0.46708	+	0.45385	+	0.51733	+
East island province North Fore	0.40876	+	0.40248	+	0.43791	+
East island province South Fore	0.36499	+	0.35729	+	0.39464	+
East island province Kamano	0.35497	+	0.34346	+	0.38582	+
East island province Pawaian	0.04389	+	0.05143	+	0.04213	-
East island province Simbari	0.18888	+	0.19035	+	0.18283	+
East island province Usurufa	0.44309	+	0.43464	+	0.48270	+
East sepik province Abelam	0.57296	+	0.56334	+	0.63708	+
East sepik province Iatmul	0.45384	+	0.44203	+	0.49709	+
East sepik province Yambes	0.37851	+	0.36653	+	0.42733	+
Enga	0.45083	+	0.44422	+	0.48059	+
Kapua (Gulf province)	0.11902	+	0.12009	+	0.12437	+
Gainj-Kalam (Madang province)	0.14513	+	0.13990	+	0.17530	+
Daga (Milne bay province)	0.33607	+	0.32218	+	0.37275	+
Morobe province Gumu-Samane	0.05434	+	0.06045	+	0.06673	+
Morobe province Kunimaipa	0.21032	+	0.20396	+	0.23060	+
Morobe province Wafa	0.25125	+	0.24611	+	0.26118	+
Morobe province Watut	0.32909	+	0.32622	+	0.34077	+
Morobe province Weru	0.30441	+	0.30051	+	0.32843	+
Morobe province Yupna	0.16698	+	0.16730	+	0.17597	+
Northern province Binare	0.06189	+	0.06264	+	0.09569	+
Northern province Doriaidi	0.06227	+	0.06420	+	0.10986	+
Northern province Guhu-Samane	0.27399	+	0.26767	+	0.28692	+
Northern province Hunjara	0.14042	+	0.13570	+	0.16406	+
Kuman (Simbu)	0.35269	+	0.34599	+	0.37333	+
Southern highland province Huli	0.23371	+	0.23696	+	0.21805	+
Irian Jaya Mungai	0.42735	+	0.41938	+	0.55395	+
New Britain Non Austronesian speaking Baining	0.26063	+	0.24581	+	0.29108	+
New Britain Non Austronesian speaking Sulka	0.18178	+	0.17352	+	0.25147	+
Bougainville Non Austronesian speaking Aita	0.24896	+	0.24228	+	0.29893	+
Bougainville Non Austronesian speaking Rotokas	0.24737	+	0.23970	+	0.31540	+
Bougainville Non Austronesian speaking Eivo	0.54145	+	0.53713	+	0.63960	+
Bougainville Non Austronesian speaking Nasioi	0.36561	+	0.35842	+	0.47237	+
Bougainville Non Austronesian speaking Nagovisi	0.59300	+	0.58725	+	0.70727	+
Bougainville Non Austronesian speaking Simeku	0.41217	+	0.40738	+	0.50981	+
Malaiti Baegu	0.31476	+	0.30800	+	0.41146	+
Malaiti Kwaio	0.57270	+	0.56755	+	0.68025	+
Negrilo (Mindanao)	0.22544	+	0.21607	+	0.29991	+
Negrilo (Luzon)	0.19767	+	0.19032	+	0.25973	+
Micronesians	0.43002	+	0.42395	+	0.53868	+
Pag Island	0.58586	+	0.57601	+	0.60515	+

Albanians	0.44392	+	0.42977	+	0.47262	+
Italia (Pavia)	0.54018	+	0.52817	+	0.56868	+
Italia (Sardinia)	0.60151	+	0.59244	+	0.61549	+
Madonie (Sicily)	0.47518	+	0.46336	+	0.49632	+
France (14 provinces)	0.44259	+	0.43245	+	0.45246	+
Corsica	0.40957	+	0.39578	+	0.42989	+
Basque	0.39832	+	0.38717	+	0.41241	+
Central Pyrenees	0.39075	+	0.38111	+	0.40139	+
Eastern Pyrenees	0.40558	+	0.39462	+	0.41916	+
Cantabria (Montes de Pas)	0.34219	+	0.32829	+	0.35950	+
Galicia	0.41108	+	0.39969	+	0.42554	+
Val d'Aran	0.39214	+	0.37957	+	0.41086	+
Valence	0.40399	+	0.39089	+	0.42328	+
Canaries (Tenerife)	0.37581	+	0.36146	+	0.39585	+
Andalously (Huelva)	0.42022	+	0.40834	+	0.43812	+

Annexe 11. Tableau des F_{ST} par paire de populations sur la base des fréquences des haplogroupes Y.

	Ampanabaka		Antalaotra		Anteony	
	F_{ST}	Significativité seuil de 5%	F_{ST}	Significativité seuil de 5%	F_{ST}	Significativité seuil de 5%
Ampanabaka	*	*				
Antalaotra	0.31664	+	*	*		
Anteony	0.43138	+	0.16051	+	*	*
Antandroy	0.00750	-	0.26312	+	0.38024	+
Antanosy	0.05669	+	0.11941	+	0.26578	+
Comores	0.08978	+	0.11477	+	0.22337	+
Mikea Mikea-vezo	0.06864	+	0.16897	+	0.31891	+
Vezo Nord Tuélar	0.01617	-	0.30595	+	0.42315	+
Vezo Sud Tuléar	-0.00810	-	0.24402	+	0.36632	+
Hautes Terres Madagascar	0.13919	+	0.04064	+	0.21931	+
Angola Cabinda	0.02905	-	0.37818	+	0.46437	+
Angola Nyaneka-Nkhumbi	0.04965	+	0.47172	+	0.55806	+
Angola Ovimbudu	0.04502	+	0.47291	+	0.54891	+
DRC Mbuti Pygmées	0.19099	+	0.19990	+	0.31638	+
Afrique Sud !Kung	0.21482	+	0.23373	+	0.32574	+
Afrique Sud Khwe	0.11796	+	0.24889	+	0.33064	+
Rwanda Hutu	0.04186	+	0.44910	+	0.53877	+
Rwanda Tutsi	0.03599	+	0.41178	+	0.49665	+
Mozambique divers	0.51330	+	0.34020	+	0.43975	+
Zambie Est	0.07148	+	0.49647	+	0.59311	+
Zambie Ouest Bantous Ouest	0.06430	+	0.54129	+	0.61501	+
Zambie Ouest Bantous Est	0.05373	+	0.54481	+	0.60938	+
Guinée Equatoriale divers	0.05077	+	0.27790	+	0.35313	+
Benin	0.08655	+	0.52084	+	0.61642	+
Burkina Faso Fulbe	0.08617	+	0.52545	+	0.61028	+
Burkina Faso Mossi	0.06706	+	0.51434	+	0.60214	+
Burkina Faso Rimaibe	0.09962	+	0.28083	+	0.39300	+
Cameroun Bakaka	0.23876	+	0.66630	+	0.75939	+
Cameroun Bamileke	0.13920	+	0.60423	+	0.69322	+
Cameroun Daba	0.28776	+	0.19870	+	0.31379	+
Cameroun Ewondo	0.05113	+	0.48739	+	0.57060	+
Cameroun Fali	0.09440	+	0.27346	+	0.35516	+
Cameroun Fulbe	0.47428	+	0.28597	+	0.38403	+
Cameroun divers.Adamawa	0.34336	+	0.27556	+	0.36619	+
Cameroun divers.Chadic	0.46034	+	0.32345	+	0.41704	+
Cameroun Nilo-Saharien	0.24091	+	0.21405	+	0.31570	+
Cameroun Tali	0.06456	+	0.36200	+	0.44236	+
Cameroun Uldeme	0.79597	+	0.62187	+	0.72117	+
République Centre Africaine Lissongo	0.05395	+	0.46659	+	0.54180	+
Cabo Verde Nord	0.29012	+	0.12558	+	0.20651	+
Cabo Verde Sud	0.23313	+	0.10514	+	0.17929	+
Benin Fon	0.13144	+	0.58629	+	0.67810	+

Cameroun Bantous	0.04331	+	0.40278	+	0.48384	+
Senegal divers.	0.03774	+	0.43688	+	0.51343	+
Tanzanie Datoga	0.60676	+	0.42811	+	0.51671	+
Tanzanie Hadzabe	0.45534	+	0.27686	+	0.37314	+
Kenya Bantous	0.15430	+	0.16585	+	0.27665	+
Tanzanie Wairak	0.17815	+	0.21737	+	0.28183	+
Kenya	0.19471	+	0.22983	+	0.31374	+
Karamoja. Ouganda	0.44809	+	0.30825	+	0.41177	+
Maasai Kenya nilotic	0.22230	+	0.16771	+	0.26855	+
Ethiopie Juifs	0.40942	+	0.23052	+	0.32333	+
Ethiopie Amhara	0.41147	+	0.14938	+	0.22106	+
Ethiopie Oromo	0.49116	+	0.29143	+	0.37010	+
Ethiopie Vallée de l'Omo	0.38852	+	0.19662	+	0.28973	+
Somalie	0.63607	+	0.48336	+	0.53339	+
Namibie	0.18402	+	0.23885	+	0.32237	+
Egypte	0.34173	+	0.13121	+	0.18784	+
Algerie divers.	0.39096	+	0.20186	+	0.28183	+
Lybie Arabes	0.43031	+	0.19312	+	0.27595	+
Maroc Arabes	0.60594	+	0.42688	+	0.51556	+
Maroc Berbères	0.60035	+	0.43620	+	0.52345	+
Maroc	0.45937	+	0.32352	+	0.39495	+
Tunisie	0.43236	+	0.21776	+	0.28789	+
Pakistan	0.31252	+	0.11930	+	0.22293	+
Naikpod	0.40489	+	0.16888	+	0.29755	+
Andh	0.43974	+	0.20162	+	0.33258	+
Pardhan	0.35015	+	0.13551	+	0.25636	+
Est Inde	0.49195	+	0.15278	+	0.36686	+
Mahadeokoli	0.42581	+	0.18809	+	0.30773	+
Thakar	0.39601	+	0.15443	+	0.28487	+
Musulman Shia	0.34031	+	0.12980	+	0.23568	+
Musulman Sunni	0.38237	+	0.17733	+	0.29006	+
Inde Nord	0.39619	+	0.17920	+	0.29491	+
Inde Nord-Est	0.53624	+	0.30591	+	0.43662	+
Inde Est	0.36464	+	0.10510	+	0.26464	+
Inde Sud	0.36052	+	0.16020	+	0.27869	+
Inde Centre	0.51501	+	0.25087	+	0.40558	+
Inde Ouest	0.38965	+	0.16273	+	0.28280	+
Nord Portugal	0.47259	+	0.25603	+	0.36366	+
Sud Portugal	0.40566	+	0.19940	+	0.30601	+
Potuguais Juifs	0.37331	+	0.14482	+	0.20813	+
France	0.61501	+	0.40361	+	0.51194	+
Basque	0.70540	+	0.53092	+	0.62689	+
Est Andalousie	0.56320	+	0.36623	+	0.46870	+
Galice	0.47320	+	0.27454	+	0.37517	+
Nord-Ouest Castille	0.47906	+	0.28512	+	0.38460	+

Iranien Arabes	0.41161	+	0.17291	+	0.30011	+
Israël Druzes Galilee	0.31495	+	0.11175	+	0.20651	+
Palestinien	0.35795	+	0.13180	+	0.20609	+
Koweït Bédouins	0.62755	+	0.36344	+	0.42317	+
Soqotra divers	0.67615	+	0.37920	+	0.45852	+
Arabie Saoudite	0.32832	+	0.10334	+	0.16407	+
Qatar	0.44756	+	0.16156	+	0.24598	+
UAE	0.31207	+	0.09138	+	0.15462	+
Oman	0.32688	+	0.09330	+	0.14189	+
Yémen	0.55627	+	0.26304	+	0.34006	+
Liban	0.30399	+	0.10206	+	0.17749	+
Jordanie	0.36087	+	0.13027	+	0.21427	+
Iraq	0.34062	+	0.10419	+	0.17676	+
Iran	0.30900	+	0.09850	+	0.19561	+
Syriens	0.32949	+	0.10617	+	0.17475	+
Iraniens	0.30729	+	0.11204	+	0.20406	+
Chypre	0.35103	+	0.13438	+	0.22146	+
Turquie divers.	0.36506	+	0.13491	+	0.24827	+
Turquie Anatolie	0.29780	+	0.10435	+	0.19111	+
Vanuatu-Maewo	0.40438	+	0.17320	+	0.29166	+
Sud-Ouest Nouvelle Guinée Una	0.79807	+	0.58138	+	0.70009	+
PNG Trobriand	0.37876	+	0.14090	+	0.29352	+
PNG Kapuna	0.54444	+	0.32102	+	0.43240	+
Cook	0.62744	+	0.42289	+	0.52956	+
Futuna	0.43829	+	0.21717	+	0.32559	+
Fidji	0.39384	+	0.19448	+	0.30165	+
Tuvalu	0.43450	+	0.23512	+	0.33990	+
Ouest Samoa	0.49305	+	0.27656	+	0.38964	+
Nias	0.93541	+	0.82276	+	0.91999	+
Philippines	0.45563	+	0.21794	+	0.34959	+
Vietnam	0.41420	+	0.12518	+	0.30188	+
Bali	0.42772	+	0.10718	+	0.35497	+
Java	0.41636	+	0.06734	+	0.30572	+
Borneo	0.38009	+	0.12610	+	0.28195	+
Nias divers	0.78733	+	0.52270	+	0.73189	+
Mentawai	0.64605	+	0.39032	+	0.60254	+
Flores	0.37058	+	0.19134	+	0.30136	+
Sulawesi	0.33712	+	0.07163	+	0.24091	+
Sumba	0.44165	+	0.27408	+	0.37796	+
Lembata	0.43049	+	0.23261	+	0.33676	+
Adonara divers. (langue austronesienne)	0.73845	+	0.55727	+	0.65824	+
Flores divers. (langue austronesienne)	0.50397	+	0.29944	+	0.40306	+
Solor divers. (langue austronesienne)	0.45657	+	0.22868	+	0.33974	+
Sumatra	0.35285	+	0.09115	+	0.25245	+
Java divers	0.40449	+	0.06689	+	0.29906	+

Negritos	0.36292	+	0.16059	+	0.30252	+
Non Negritos	0.43808	+	0.21848	+	0.41114	+
Malais	0.42278	+	0.09586	+	0.28927	+

Annexe 12. Tableau des haplotypes partagés à 17 STR-Y entre les Ampanabaka et les autres populations malgaches et des Comores.

	Ampnanabaka	Antaisaka	Antandroy	Antanosy	Comores	Andriana	Merina	Tsimahafotsy	Mikea	Vezo Nord	Vezo Sud
N ind.	46	8	46	47	293	21	9	5	59	16	31
N hap.	36	7	36	47	250	13	8	3	44	12	28
H1	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H2	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H5	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H6	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H7	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H8	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H9	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H10	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H11	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H12	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H13	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H14	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H15	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H16	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H17	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H18	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H19	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H20	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H21	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H22	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H23	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H24	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H25	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H26	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H27	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H28	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H29	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H30	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
H31	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H32	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
H33	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H34	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H35	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H36	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Annexe 13. Tableau des haplotypes partagés à 17 STR-Y entre les Anteony et les autres populations malgaches et des Comores.

	Anteony	Antaisaka	Antandroy	Antanosy	Comores	Andriana	Merina	Tsimahafotsy	Mikea	Vezo Nord	Vezo Sud
N ind.	40	8	46	47	293	21	9	5	59	16	31
N hap.	21	7	36	47	250	13	8	3	44	12	28
H1	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H2	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H3	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H6	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H7	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H8	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H9	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H10	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H11	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H12	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H13	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H14	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H15	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H16	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H17	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H18	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H19	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H20	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H21	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Annexe 14. Tableau des haplotypes partagés à 17 STR-Y entre les Antalaoatra et les autres populations malgaches et des Comores.

	Antalaoatra	Antaisaka	Antandroy	Antanosy	Comores	Andriana	Merina	Tsimahafotsy	Mikea	Vezo Nord	Vezo Sud
N ind.	43	8	46	47	293	21	9	5	59	16	31
N hap.	35	7	36	47	250	13	8	3	44	12	28
H1	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H5	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H6	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H7	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H8	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H9	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H10	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H11	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

H12	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H13	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H14	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H15	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H16	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H17	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H18	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H19	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H20	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H21	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H22	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H23	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H24	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H25	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H26	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H27	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H28	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H29	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H30	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H31	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H32	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H33	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H34	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H35	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Annexe 15. Tableau des haplotypes uniques partagés sur 7 marqueurs STR-Y avec notre échantillon Ampanabaka

	Nombre d'individus	Nombre d'haplotypes																							
		Hap01	Hap02	Hap03	Hap04	Hap05	Hap06	Hap07	Hap08	Hap09	Hap10	Hap11	Hap12	Hap13	Hap14	Hap15	Hap16	Hap17	Hap18	Hap19	Hap20	Hap21	Hap22	Hap23	Hap24
		E1b1a	E1b1a	O1a2	E1b1a	J2b	E1b1a	E1b1a	O1a2	E1b1a	E1b1a	E1b1a	E1b1a	O1a2	O1a2	B2	E1b1a	E1b1a	O1a2	O1a2	E1b1a	E2b	E1b1a	B2	E1b1b
Ethiopie Vallée de l'Omo	67	36	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Kenya Massai	55	40	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Guinée Equatoriale	101	63	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gabon	828	239	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0
Benin	78	51	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Côte d'Ivoire	90	50	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
République Centre Africaine	165	74	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Guinée Bissau	161	106	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Burkina Faso	323	142	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Mozambique	154	56	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0
Angola Nyaneka	75	40	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0
Angola Ovimbudu	96	43	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
Angola divers	65	39	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
Somalie Danois divers	201	59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tanzanie Sandawa	66	33	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Tanzanie divers	132	67	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ouganda	118	52	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zambie Est, Bantous Est	88	49	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Zambie Ouest Bantous Est	263	109	1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Zambie Ouest Bantous ouest	192	82	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
Tunisie	117	80	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Tunisie Berbères divers	66	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte divers	92	64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Algérie	100	54	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Lybie	63	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maroc marocain	515	212	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maroc Arabes divers	104	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mozabites	68	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tunisie Sfax divers	105	64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Namibie	54	32	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
Iranien Iran	128	93	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Druzes Israel	234	89	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Liban	650	298	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Palestine	364	181	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Koweït	148	45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Oman	99	68	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
Arabie Saoudite	106	60	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Yemen	104	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Dubai	217	146	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
Iran	104	91	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Chypre	163	97	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Syrie Syriens	161	124	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Turquie divers	140	78	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Turquie Anatolie	520	330	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Bangladesh	284	197	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Saraswat Brahmin	122	92	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Tamoul Nadu	152	108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jat Sikhs	80	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nord Inde	78	56	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Est	127	77	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Sud	295	155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0

Centre Inde	69	27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ouest Inde	59	49	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mahadeokoli	50	39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thakar	48	28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Pakistan	177	119	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sri-Lanka	207	162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
France	57	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nord Portugal	60	48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sud Portugal	78	66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Est Andalousie	95	60	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Galice	89	65	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Espagne Nord Castille	130	85	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Portugais Juifs	86	49	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phillipines	76	64	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Malais Singapour	180	134	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Malais Malaisie	334	245	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Iban	105	57	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Bidayuh	113	45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Melanau	104	39	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Timor	113	81	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Flores	385	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Lembata	89	40	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1
Sumba	349	73	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Vietnam	113	84	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Bali	632	171	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Borneo	85	35	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Java	61	37	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mentawai	73	18	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nias	60	15	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Océanie divers	66	40	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Papouasie NG	47	42	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tahiti	24	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Vanuatu	44	32	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thaïlande	41	39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Annexe 16. Tableau des haplotypes uniques partagés sur 7 marqueurs STR-Y avec notre échantillon Antalaotra

	Nombre d'individus	Nombre d'haplotypes	Hap.01	Hap.02	Hap.03	Hap.04	Hap.05	Hap.06	Hap.07	Hap.08	Hap.09	Hap.10	Hap.11	Hap.12	Hap.13	Hap.14	Hap.15	Hap.16	Hap.17	Hap.18	Hap.19	Hap.20	Hap.21	
			E1b1a	O1a2	J2b	E1b1a	O1a2	O1a2	T1	J1	T1	O2a1	O2a1	E2b	O2a1	O2a1	J2b	E2b	J2b	O2a1	O2a1	R1a1	E1b1a	
Ethiopie Vallée de l'Omo	67	36	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Kenya Massai	55	40	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guinée Equatoriale	101	63	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Gabon	828	239	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Benin	78	51	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Côte d'Ivoire	90	50	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
République Centre Africaine	165	74	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Guinée Bissau	161	106	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Burkina Faso	323	142	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Mozambique	154	56	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Angola Nyaneka	75	40	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Angola Ovimbudu	96	43	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Angola divers	65	39	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Somalie Danois divers	201	59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tanzanie Sandawa	66	33	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Tanzanie divers	132	67	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Ouganda	118	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Zambie Est, Bantous Est	88	49	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Zambie Ouest Bantous Est	263	109	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Zambie Ouest Bantous ouest	192	82	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Tunisie	117	80	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tunisie Berbères divers	66	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte divers	92	64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Algérie	100	54	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Lybie	63	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maroc marocain	515	212	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Maroc Arabes divers	104	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mozabites	68	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tunisie Sfax divers	105	64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Namibie	54	32	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Iranien Iran	128	93	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Druzes Israel	234	89	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Liban	650	298	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Palestine	364	181	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Koweït	148	45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Oman	99	68	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arabie Saoudite	106	60	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Yemen	104	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dubai	217	146	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Iran	104	91	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Chypre	163	97	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Syrie Syriens	161	124	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Turquie divers	140	78	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Turquie Anatolie	520	330	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Bangladesh	284	197	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Saraswat Brahmin	122	92	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Inde Tamoul Nadu	152	108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Jat Sikhs	80	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Nord Inde	78	56	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Inde Est	127	77	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Sud	295	155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Centre Inde	69	27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ouest Inde	59	49	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Mahadeokoli	50	39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thakar	48	28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Pakistan	177	119	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sri-Lanka	207	162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
France	57	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nord Portugal	60	48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sud Portugal	78	66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Est Andalousie	95	60	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Galice	89	65	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Espagne Nord Castille	130	85	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Portugais Juifs	86	49	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phillipines	76	64	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Malais Singapour	180	134	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Malais Malaisie	334	245	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0
Iban	105	57	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
Bidayuh	113	45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Melanau	104	39	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Timor	113	81	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Flores	385	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Lembata	89	40	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sumba	349	73	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Vietnam	113	84	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Bali	632	171	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
Borneo	85	35	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Java	61	37	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Mentawai	73	18	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nias	60	15	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Océanie divers	66	40	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Papouasie NG	47	42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Tahiti	24	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Vanuatu	44	32	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thaïlande	41	39	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0

Annexe 17. Tableau des haplotypes uniques partagés sur 7 marqueurs STR-Y avec notre échantillon Anteony

	Nombre individus	Nombre haplotypes	Hap.01	Hap.02	Hap.03	Hap.04	Hap.05	Hap.06	Hap.07	Hap.08	Hap.09	Hap.10	Hap.11	Hap.12
			E1b1a	E1b1a	E1b1a	E1b1a	T1	J1	T1	T1	T1	E1b1b	O2a1	T1
Ethiopie Vallée de l'Omo	67	36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Kenya Massai	55	40	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guinée Equatoriale	101	63	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gabon	828	239	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Benin	78	51	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Côte d'Ivoire	90	50	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
République Centre Africaine	165	74	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guinée Bissau	161	106	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Burkina Faso	323	142	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Mozambique	154	56	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Angola Nyaneka	75	40	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Angola Ovimbudu	96	43	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Angola divers	65	39	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Somalie Danois divers	201	59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tanzanie Sandawa	66	33	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tanzanie divers	132	67	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ouganda	118	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Zambie Est, Bantous Est	88	49	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zambie Ouest Bantous Est	263	109	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zambie Ouest Bantous ouest	192	82	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tunisie	117	80	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tunisie Berbères divers	66	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte divers	92	64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Algérie	100	54	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Lybie	63	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maroc marocain	515	212	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Maroc Arabes divers	104	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Mozabites	68	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tunisie Sfax divers	105	64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Namibie	54	32	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iranien Iran	128	93	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Druzes Israel	234	89	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Liban	650	298	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
Palestine	364	181	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
Koweït	148	45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Oman	99	68	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arabie Saoudite	106	60	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yemen	104	52	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Dubai	217	146	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0
Iran	104	91	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chypre	163	97	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
Syrie Syriens	161	124	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Turquie divers	140	78	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Turquie Anatolie	520	330	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1
Bangladesh	284	197	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Saraswat Brahmin	122	92	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Tamoul Nadu	152	108	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jat Sikhs	80	47	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nord Inde	78	56	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Inde Est	127	77	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Inde Sud	295	155	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Centre Inde	69	27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Ouest Inde	59	49	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mahadeokoli	50	39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thakar	48	28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Pakistan	177	119	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Sri-Lanka	207	162	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
France	57	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nord Portugal	60	48	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Sud Portugal	78	66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Est Andalousie	95	60	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Galice	89	65	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Espagne Nord Castille	130	85	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Portugais Juifs	86	49	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0
Phillipines	76	64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Malais Singapour	180	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Malais Malaisie	334	245	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Iban	105	57	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Bidayuh	113	45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Melanau	104	39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Timor	113	81	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Flores	385	126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Lembata	89	40	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Sumba	349	73	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
Vietnam	113	84	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Bali	632	171	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Borneo	85	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Java	61	37	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Mentawai	73	18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nias	60	15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Océanie divers	66	40	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Papouasie NG	47	42	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Tahiti	24	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Vanuatu	44	32	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thaïlande	41	39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Annexe 18. Tableau des F_{ST} pas paires de populations pour nos groupes Antemoro sur les données HVI

	Ampanabaka		Anteony		Antalaoatra	
	F_{ST}	Significativité seuil 5%	F_{ST}	Significativité seuil 5%	F_{ST}	Significativité seuil 5%
Ampanabaka	*	*				
Anteony	0.00308	-	*	*		
Antalaoatra	-0.01249	-	-0.00327	-	*	*
Hautes Terres Madagascar	0.02868	+	0.03267	+	0.02209	-
Antanosy	-0.01371	-	0.01076	-	-0.00457	-
Antandroy	0.00390	-	0.01923	+	0.00963	-
Mikea	0.02314	+	0.01603	+	0.02761	+
Vezo Nord Tulear	0.02224	+	0.00432	-	0.01967	+
Vezo Sud Tulear	-0.00476	-	0.03348	+	0.01146	-
Angola Nyaneke	0.11328	+	0.07044	+	0.11840	+
Angola Ovimbudu	0.09680	+	0.05456	+	0.10350	+
Fon Benin	0.08136	+	0.04245	+	0.08817	+
Cabinda Angola	0.09690	+	0.06021	+	0.09970	+
Cabo verde	0.08850	+	0.05309	+	0.09153	+
Cameroon Ngumba	0.16808	+	0.12283	+	0.17060	+
Cameroon Pygmés Baka	0.55022	+	0.50240	+	0.55342	+
Cameroon Pygmés Bakola	0.66479	+	0.62033	+	0.67106	+
Guanche Iles Canaries	0.15991	+	0.14576	+	0.14686	+
Egypte Arabes	0.07063	+	0.05093	+	0.07356	+
Egyptes Coptes	0.12162	+	0.11184	+	0.12323	+
Gabon Fang	0.14899	+	0.09860	+	0.15394	+
Gabon Mitsogo	0.09549	+	0.07485	+	0.09176	+
Gabon Nzebi	0.12772	+	0.08721	+	0.12803	+
Guinea Bissau	0.07790	+	0.04025	+	0.08038	+
Côte d'Ivoire Ahizi	0.06229	+	0.03867	+	0.06321	+
Côte d'Ivoire Yacouba	0.09363	+	0.04537	+	0.09984	+
Kenya Swahili	0.05018	+	0.02810	+	0.05026	+
Mali Malinke	0.09460	+	0.05130	+	0.09669	+
Maures Mauritanie	0.09725	+	0.06210	+	0.09169	+
Maroc Berbères	0.09510	+	0.08424	+	0.08473	+
Mozambique	0.11165	+	0.06931	+	0.12438	+
Rwanda Hutu	0.09070	+	0.05299	+	0.09043	+
Sao Tome	0.10694	+	0.06191	+	0.11061	+
Senegal Mandenka	0.12783	+	0.08691	+	0.12581	+
Senegal Wolof	0.04823	+	0.02964	+	0.04262	+
Afrique du Sud Kung	0.24827	+	0.21230	+	0.25302	+
Tanzanie Hadza	0.28846	+	0.21607	+	0.29385	+
Tanzanie Sandawe	0.20552	+	0.15476	+	0.20437	+
Zimbabwe	0.09277	+	0.05355	+	0.09439	+
Tunisie	0.06120	+	0.04887	+	0.05491	+
Algérie	0.08023	+	0.06749	+	0.07702	+

Sahawari	0.06787	+	0.04662	+	0.05815	+
Samaritain	0.33822	+	0.32356	+	0.33873	+
Ethiopie Amharic Divers	0.05723	+	0.03393	+	0.05769	+
Soudan Nubie	0.06086	+	0.02963	+	0.06248	+
Tunisie Divers	0.10721	+	0.10270	+	0.10002	+
Maroc Berbères de Bourhiah	0.09756	+	0.08690	+	0.08722	+
Maroc Berbères de Figuig	0.06247	+	0.04542	+	0.05800	+
Egypte Berbères de Siwa	0.10895	+	0.09627	+	0.10557	+
Libye Tuaregs	0.12846	+	0.11908	+	0.12261	+
Ethiopie divers	0.09378	+	0.05562	+	0.09503	+
Thaïlande	0.08227	+	0.07177	+	0.08177	+
Vietnam	0.09358	+	0.08819	+	0.09253	+
Adonara	0.13116	+	0.12653	+	0.13945	+
Flores	0.08710	+	0.10163	+	0.09871	+
Banjamarsin	0.02975	+	0.03884	+	0.02490	+
Nouvelle Guinée Hautes Terres	0.25259	+	0.22107	+	0.23589	+
Iles Salomon	0.10630	+	0.12811	+	0.10710	+
Bali	0.06684	+	0.06423	+	0.06663	+
Sumatra Medan	0.04542	+	0.04369	+	0.03906	+
Sumatra Pekanbaru	0.10916	+	0.10420	+	0.09859	+
Province Manus	0.09683	+	0.12830	+	0.10181	+
Nicobar	0.20554	+	0.18765	+	0.20302	+
Onges Nicobar	0.32064	+	0.28845	+	0.31826	+
Phillipins	0.05034	+	0.06103	+	0.04498	+
Iban	0.06033	+	0.07499	+	0.06550	+
Malay Kuala Lumpur	0.04972	+	0.05190	+	0.04927	+
Malay Singapour	0.04378	+	0.04690	+	0.04274	+
NG Gidra	0.23700	+	0.19917	+	0.22786	+
Bismark Archipel	0.09704	+	0.10592	+	0.09680	+
Vanuatu	0.20821	+	0.18571	+	0.19405	+
Soqotra	0.17724	+	0.15978	+	0.16561	+
Iran	0.10943	+	0.10852	+	0.10039	+
Syrie	0.12800	+	0.12024	+	0.11536	+
Yémen	0.05559	+	0.03587	+	0.04877	+
Israël	0.09226	+	0.08427	+	0.08405	+
Kurdes	0.13986	+	0.13276	+	0.13012	+
Chypre	0.12860	+	0.11876	+	0.11585	+
Iraq	0.13200	+	0.12602	+	0.11922	+
Iranien	0.14142	+	0.14845	+	0.12968	+
Dubaï	0.05482	+	0.05209	+	0.05009	+
Israël Druzes	0.11304	+	0.11458	+	0.10255	+
Turquie divers	0.09878	+	0.10274	+	0.08912	+
Jordanie	0.10029	+	0.09711	+	0.09070	+
Iran kurdes	0.11875	+	0.11773	+	0.11330	+
Iran persan	0.09001	+	0.09220	+	0.08300	+

Arabie Saoudite	0.09682	+	0.09747	+	0.08927	+
Bangladesh	0.07566	+	0.06392	+	0.06978	+
Gujarat	0.07272	+	0.07014	+	0.06688	+
Inde Kamataka	0.09924	+	0.09787	+	0.09870	+
Inde Kerala	0.09643	+	0.09415	+	0.08908	+
Madyah Pradesh	0.07874	+	0.07195	+	0.07057	+
Inde Maharashtra	0.07309	+	0.06866	+	0.06764	+
Inde Orissa	0.06453	+	0.06705	+	0.06019	+
Punjab	0.08482	+	0.08768	+	0.07957	+
Tamoul Nadu	0.07087	+	0.07347	+	0.06917	+
Inde Tripura	0.06450	+	0.05639	+	0.06377	+
Uttard Pradesh	0.08493	+	0.08333	+	0.07997	+
Ouest Bengal	0.06903	+	0.06565	+	0.06733	+
Sri Lanka	0.06777	+	0.06561	+	0.06261	+
Hindous Inde	0.07336	+	0.06996	+	0.06934	+
Sicile	0.13612	+	0.13838	+	0.12421	+
Galicie	0.18710	+	0.18053	+	0.17246	+
Catalan	0.13107	+	0.12519	+	0.12026	+
Andalusie	0.14915	+	0.14781	+	0.13732	+
Portugais	0.15341	+	0.14304	+	0.14158	+
Corse	0.13907	+	0.13813	+	0.12944	+
France	0.16960	+	0.16472	+	0.15596	+
Anglais	0.15254	+	0.14757	+	0.14054	+
Grèce	0.15678	+	0.15814	+	0.14518	+

Annexe 19. Tableau des haplotypes partagés HVI entre les Ampanabaka et les autres populations malgaches

	Hautes								
	Ampanabaka	Andriana	Antaisaka	Terres	Antanosy	Antandroy	Mikea	Vezo Nord	Vezo Sud
N ind.	48	32	11	52	54	59	127	52	49
N hap.	20	7	8	21	25	23	28	18	20
Hap.01	1	0	0	0	0	1	1	0	0
Hap.02	1	0	0	0	1	2	0	0	0
Hap.03	4	0	1	2	8	4	6	2	6
Hap.04	4	9	0	3	3	2	18	6	0
Hap.05	1	0	1	0	0	0	0	0	0
Hap.06	4	0	0	1	0	0	0	0	1
Hap.07	2	0	1	0	1	1	0	0	0
Hap.08	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.09	3	0	3	0	2	0	0	0	0
Hap.10	11	16	2	4	11	16	17	4	15
Hap.11	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.12	2	0	0	8	2	4	10	2	1
Hap.13	2	0	0	1	1	2	14	6	7
Hap.14	1	0	0	0	0	0	1	0	0
Hap.15	1	0	0	0	0	0	0	1	0
Hap.16	2	3	1	0	3	1	12	1	4
Hap.17	2	0	0	2	0	0	1	4	0
Hap.18	3	0	0	0	2	2	5	5	1
Hap.19	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Hap.20	1	0	0	0	0	0	0	0	0

Annexe 20. Tableau des haplotypes partagés HVI entre les Antalaotra et les autres populations malgaches

	Hautes								
	Antalaotra	Andriana	Antaisaka	Terres	Antanosy	Antandroy	Mikea	Vezo Nord	Vezo Sud
N ind.	40	32	11	52	54	59	127	52	49
N hap.	27	7	8	21	25	23	28	18	20
Hap.01	1	0	1	2	8	4	6	2	6
Hap.02	5	9	0	3	3	2	18	6	0
Hap.03	2	0	0	1	0	0	0	0	1
Hap.04	2	0	3	0	2	0	0	0	0
Hap.05	8	16	2	4	11	16	17	4	15
Hap.06	5	0	0	8	2	4	10	2	1
Hap.07	2	0	0	1	1	2	14	6	7
Hap.08	1	3	1	0	3	1	12	1	4
Hap.09	3	0	0	0	2	2	5	5	1
Hap.10	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.11	2	1	0	1	2	7	3	3	1
Hap.12	2	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.13	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.14	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.15	1	0	0	0	4	0	0	2	1
Hap.16	2	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.17	1	0	0	0	0	0	0	0	0

Annexe 21. Tableau des haplotypes partagés HVI entre les Anteony et les autres populations malgaches

	Hautes								
	Anteony	Andriana	Antaisaka	Terres	Antanosy	Antandroy	Mikea	Vezo Nord	Vezo Sud
N ind.	47	32	11	52	54	59	127	52	49
N hap.	17	7	8	21	25	23	28	18	20
Hap.01	1	0	0	0	0	1	1	0	0
Hap.02	1	0	0	0	1	2	0	0	0
Hap.03	1	0	1	2	8	4	6	2	6
Hap.04	3	9	0	3	3	2	18	6	0
Hap.05	1	0	1	0	1	1	0	0	0
Hap.06	1	0	3	0	2	0	0	0	0
Hap.07	2	16	2	4	11	16	17	4	15
Hap.08	3	0	0	8	2	4	10	2	1
Hap.09	4	0	0	1	1	2	14	6	7
Hap.10	1	0	0	2	0	0	1	4	0
Hap.11	6	0	0	0	2	2	5	5	1
Hap.12	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Hap.13	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.14	3	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.15	1	0	0	0	1	0	5	0	0
Hap.16	3	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.17	3	1	0	2	2	0	0	0	1
Hap.18	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.19	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.20	1	0	0	0	1	0	0	0	0
Hap.21	2	0	0	0	0	0	0	0	1
Hap.22	1	1	0	1	2	7	3	3	1
Hap.23	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.24	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.25	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.26	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap.27	1	0	0	0	0	0	2	0	1

Annexe 22. Tableau des haplotypes uniques partagés sur HVI avec notre échantillon Ampanabaka

	Nombre d'individus	Nombre d'haplotypes	hap.01	hap.02	hap.03	hap.04	hap.05	hap.06	hap.07	hap.08	hap.09	hap.10	hap.11	hap.12	hap.13	hap.14	hap.15	hap.16	hap.17	hap.18	hap.19	hap.20
			L3d	L2a1	M7c3c	L3b	L3b	L3e3	L3e2b3	M32c	L0a2	B4a1a1a	B4a1a1a	M23b	L2a1	L3b	L2a1	E1a1	L3e1a	F3b	L2a1	M7c3c
Angola Nyaneka	147	70	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Angola Ovimbudu	98	60	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Fon Benin	171	104	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Cabinda Angola	110	69	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Cabo verde	292	118	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Cameroon Ngumba	88	43	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Cameroon Pygmés Baka	87	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cameroon Pygmés Baloka	88	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guanche Iles Canaries	71	32	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte Arabes	102	44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte Copte	100	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gabon Fong	66	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Gabon Mitsogo	64	33	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gabon Nzebi	63	42	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Guinée Bissau	372	176	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Côte d'Ivoire Ahizi	129	54	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Côte d'Ivoire Yacouba	61	41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Kenya swahili	200	117	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Mali Malinke	60	48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maures mauritanie	64	107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Maroc Berbère	181	107	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mozambique	416	135	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0
Rwanda Hutu	106	58	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Sao Tome	103	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sénégal Mendenka	119	50	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sénégal Wolof	91	76	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0

South Africa Kung	59	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tanzanie Hadza	79	26	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Tanzanie Sandawe	82	28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zimbabwe	58	38	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
Tunisie	47	42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Algerie	47	26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sahawari	56	41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Samar Tunisie	124	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ethiopie Amharic	270	139	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Soudan-Nubie	161	106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tunisie divers	102	45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maroc Berbères Bourhiah	70	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maroc Berbères Figuig	94	28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte Berbères Siwa	78	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Lybie divers	129	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ethiopie divers	116	71	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thaïlande divers	71	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Vietnam	65	50	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Adonara	73	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Flores	73	37	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Banjamarsin	110	80	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nouvelle Guinée Hautes Terres	71	26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iles Salomon	64	14	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Bali	64	52	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sumatra Medan	42	29	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sumatra Pekanbaru	54	34	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Province Manus	144	35	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nicobar	46	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Onges Nicobar	63	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Philippines	144	70	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Iban	83	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Malais Kuala-Lumpur	124	90	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Malais Singapour	205	132	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nouvelle Guinée Gidra	59	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Archipel Bismark	47	21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Vanuatu	42	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Soqotra	65	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iran	146	113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Syrie	49	46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yemen	115	67	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Israël	45	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Kurdes	78	57	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chypre	91	59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iraq	52	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iraniens	731	394	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dubai	249	154	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Israël Druzes	311	79	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Turquie divers	234	184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jordanie	99	80	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Iran kurdes	25	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Persans	82	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arabie Saoudite	553	260	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Bangladesh	30	27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gujarat	91	79	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Kamataka	201	60	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Kerala	230	72	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Madyah Pradesh	82	54	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Maharashtra	221	146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Orissa	153	106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Punjab	362	175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tamouls Nadu	427	207	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Tripura	134	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Uttard Pradesh	232	165	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ouest Bengal	285	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Sri Lanka	131	91	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hindous Inde	72	59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sicile	226	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Galice	92	51	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Catalan	46	28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Andalousie	115	70	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Portugais	54	37	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Corse	53	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
France	110	72	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anglais	100	66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Grèce	114	55	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Annexe 23. Tableau des haplotypes uniques partagés sur HVI avec notre échantillon Antalaotra

	Nombre d'individus	Nombre d'haplotypes																
		hap.01	hap.02	hap.03	hap.04	hap.05	hap.06	hap.07	hap.08	hap.09	hap.10	hap.11	hap.12	hap.13	hap.14	hap.15	hap.16	hap.17
Angola Nyaneka	147	70	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Angola Ovimbudu	98	60	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Fon Benin	171	104	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cabinda Angola	110	69	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cabo verde	292	118	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cameroon Ngumba	88	43	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cameroon Pygmés Baka	87	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cameroon Pygmés Baloka	88	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guanche Iles Canaries	71	32	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte Arabes	102	44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte Copte	100	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gabon Fong	66	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gabon Mitsogo	64	33	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gabon Nzebi	63	42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guinée Bissau	372	176	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Côte d'Ivoire Ahizi	129	54	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Côte d'Ivoire Yacouba	61	41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Kenya swahili	200	117	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mali Malinke	60	48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maures mauritanie	64	107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maroc Berbère	181	107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mozambique	416	135	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Rwanda Hutu	106	58	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sao Tome	103	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sénégal Mendenka	119	50	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Sénégal Wolof	91	76	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
South Africa Kung	59	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tanzanie Hadza	79	26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tanzanie Sandawe	82	28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zimbabwe	58	38	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tunisie	47	42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Algerie	47	26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sahawari	56	41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Samar Tunisie	124	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ethiopie Amharic	270	139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Soudan-Nubie	161	106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tunisie divers	102	45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maroc Berbères Bourhiah	70	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Maroc Berbères Figuig	94	28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte Berbères Siwa	78	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lybie divers	129	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ethiopie divers	116	71	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thaïlande divers	71	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Vietnam	65	50	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Adonara	73	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Flores	73	37	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Banjamarsin	110	80	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
Nouvelle Guinée HT	71	26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iles Salomon	64	14	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Bali	64	52	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sumatra Medan	42	29	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sumatra Pekanbaru	54	34	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Province Manus	144	35	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Nicobar	46	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Onges Nicobar	63	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Philippines	144	70	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iban	83	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Malais Kuala-Lumpur	124	90	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Malais Singapour	205	132	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Nouvelle Guinée Gidra	59	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Archipel Bismark	47	21	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Vanuatu	42	11	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Soqotra	65	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iran	146	113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Syrie	49	46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Yemen	115	67	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Israel	45	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Kurdes	78	57	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chypre	91	59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iraq	52	52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iraniens	731	394	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Dubai	249	154	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Israel Druzes	311	79	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Turquie divers	234	184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Jordanie	99	80	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Iran kurdes	25	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Persans	82	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arabie Saoudite	553	260	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Bangladesh	30	27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gujarat	91	79	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Kamataka	201	60	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Kerala	230	72	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Madyah Pradesh	82	54	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Maharashtra	221	146	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Orissa	153	106	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Punjab	362	175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tamouls Nadu	427	207	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Inde Tripura	134	134	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Uttard Pradesh	232	165	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ouest Bengal	285	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sri Lanka	131	91	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hindous Inde	72	59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sicile	226	133	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Galice	92	51	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Catalan	46	28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Andalousie	115	70	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Portugais	54	37	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Corse	53	35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
France	110	72	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anglais	100	66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Grèce	114	55	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Annexe 24. Tableau des haplotypes uniques partagés sur HVI avec notre échantillon Anteony

	Nombre d'individus	Nombre d'haplotypes																												
		hap.01	hap.02	hap.03	hap.04	hap.05	hap.06	hap.07	hap.08	hap.09	hap.10	hap.11	hap.12	hap.13	hap.14	hap.15	hap.16	hap.17	hap.18	hap.19	hap.20	hap.21	hap.22	hap.23	hap.24	hap.25	hap.26	hap.27		
Angola Nyaneka	147	70	L3d	L2a1	M7c3c	L3b	L3e2b3	L0a2	B4a1a1a	M23b	L2a1	L3e1a	F3b	L2a1	L3b	L0a1'4	L3a	B4a1a1a	L3b	L3b	L3e3	L3e2b	M23b	M32c	L2a1	L3e3	L3e2b3	Q1	L3k	
Angola Ovimbudu	98	60	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Fon Benin	171	104	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cabinda Angola	110	69	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Cabo verde	292	118	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cameroon Ngumba	88	43	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cameroon Pygmés Baka	87	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cameroon Pygmés Baloka	88	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guanche Iles Canaries	71	32	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte Arabes	102	44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Egypte Copte	100	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gabon Fong	66	35	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gabon Mitsogo	64	33	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gabon Nzebi	63	42	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Guinée Bissau	372	176	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Annexe 25. Base de données pour les analyses des allotypes du Gm

Populations	Références
Bechuana (Botswana speaking)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Kgalagadi desert (Botswana speaking)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Bushmen South central (Botswana speaking)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Bushmen mainly south (Botswana speaking)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Lenje (Zambia)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Plateau Tonga (Zambia)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Valey Tonga (Zambezi)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Shangaan-Tonga (Mozambique)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Hlubi (South Africa)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Ndebele (South Africa)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Venda (South Africa)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Angola mixed tribes	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Diriko (South-west Africa)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Kuangari (South-west Africa)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Sambio (South-west Africa)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Kuambi (Ovamboland) (South-west Africa)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Kuanyama (South-west Africa)	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Pygmy Aka	(Dugoujon <i>et al.</i> 2004)
Pygmy Babinga	(Cavalli-Sforza <i>et al.</i> 1969)
Bantu Mlozi	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Bantu Xhosa	(Jenkins <i>et al.</i> 1970)
Berbers low Kabylie	(Dugoujon <i>et al.</i> 2004)
Berbers high Kabylie	(Dugoujon <i>et al.</i> 2004)
Berbers Mozabite from Ghardaïa	(Dugoujon, non publié)
Tuaregs Issequamarene	(Lefevre-Witier 1982)
Berbers from Djerba	(Loveslati <i>et al.</i> 2001)
Arabs from Djerba	(Loveslati <i>et al.</i> 2001)
Libyans from Tripoli and Benghazi	(Walter <i>et al.</i> 1975)
Berbers from Bouhria	(Coudray <i>et al.</i> 2006)
Berbers from Khenifra	(Coudray <i>et al.</i> 2006)
Arabs from Doukkala	(Coudray <i>et al.</i> 2006)
Berbers from Asni	(Dugoujon <i>et al.</i> 2005)
Berbers from Amizmiz	(Coudray <i>et al.</i> 2006)
Touaregs Kel Nam	(Lefevre-Witier 1982)
Tunisian Berbers	(Chaabani <i>et al.</i> 2000)
Berbers from Takrouna-Jeradou	(Chaabani <i>et al.</i> 1984)
Berbers from Douiret-Chenini	(Chaabani <i>et al.</i> 1984)
Berbers from Kesra	(Chaabani <i>et al.</i> 1984)
Arabs from Mahdia	(Helal <i>et al.</i> 1988)
Arabs from Sfax	(Lefranc <i>et al.</i> 1979)
Berbers from Sened	(Fadhlaoui-Zid <i>et al.</i> 2004)
Egyptians (Le Caire)	(Steinberg & Cook 1981)

Siwa Oasis (Egypt)	(Coudray <i>et al.</i> 2008)
Tunisians from Monastir	(Helal <i>et al.</i> 1988)
Issas (Djibouti)	(Dugoujon <i>et al.</i> 2004)
Amhara Tigrai	(Dugoujon <i>et al.</i> 2004)
Sidamo from Ethiopia	(Steinberg 1973)
Mandara (Cameroon)	(Dugoujon, non publié)
Fulbe (Cameroon)	(Dugoujon, non publié)
Fali (Cameroon)	(Dugoujon, non publié)
Bamileke (Cameroon)	(Dugoujon, non publié)
Bassa (Cameroon)	(Dugoujon, non publié)
Ewondo (Cameroon)	(Dugoujon, non publié)
Abron (Ivory Coast)	(Dugoujon, non publié)
Yacouba (Ivory Coast)	(Dugoujon, non publié)
Baoule (Ivory Coast)	(Dugoujon <i>et al.</i> 2004)
Ahizi (Ivory Coast)	(Dugoujon, non publié)
Dogon (Bendiagara - Mali)	(Dugoujon, non publié)
Bobo (Tara - Mali)	(Dugoujon, non publié)
Bwa (Sirao - Mali)	(Dugoujon <i>et al.</i> 2004)
Yoruba (Nigeria - Ibadan)	(van Loghem <i>et al.</i> 1978)
Mendenka (Senegal)	(Blanc <i>et al.</i> 1990)
Fulani (Senegal)	(Blanc <i>et al.</i> 1990)
Acre (Israel)	(Shanfield <i>et al.</i> 2008)
Afghan (Afganistan)	(Shanfield <i>et al.</i> 2008)
Basrah (Iraq)	(Shanfield <i>et al.</i> 2008)
Beduin (Israel)	(Shanfield <i>et al.</i> 2008)
Iraq (Baghdad, Arab)	(Shakib & Barr 1980)
Iran (Armenians, Armenians)	(Steinberg 1980)
Iran (Shosaavan, Giliak)	(Steinberg 1980)
Iran (Tavalesh, Turkic)	(Steinberg 1980)
Iran (Teheran, Persian)	(Steinberg 1980)
Iran (Babol, Mazandarian)	(Steinberg 1980)
Iran (Gorgon, Mazandarian)	(Steinberg 1980)
Iran (Mazanderanian, Mazandarian)	(van Loghem <i>et al.</i> 1977)
Iran (Northern Gorgon, Persian)	(Steinberg 1980)
Iran (Gonbad, Turkman)	(Steinberg 1980)
Lebanese (Druzes and Maronites)	(Dugoujon, non publié)
Lebanese (Arabs)	(Lefranc <i>et al.</i> 1976)
Sunni (Saudi Arabia)	(Shanfield <i>et al.</i> 2008)
Shia (Saudi Arabia)	(Shanfield <i>et al.</i> 2008)
Turkey	(Shanfield <i>et al.</i> 2008)
Yemenite	(Chabaani <i>et al.</i> 2000)
Yemen (North Yemen)	(Dugoujon <i>et al.</i> 2004)
Iranian Guilaneans	(van Loghem <i>et al.</i> 1977)
Lebanese Sunni	(Lefranc <i>et al.</i> 1978)
Sikhs (India)	(Field <i>et al.</i> 1988)

Deshia Khond (central India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Binjhal (central India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Kisan (central India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Dhurwa (central India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Halba (central India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Bhatra (central India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Muria (central India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Maria (central India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Brahmins (Assan India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Kalitas (Assan India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Kaibartas (Assan India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Muslims (Assan India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Ahoms (Assan India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Karbis (Assan India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Kacharis (Assan India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Sonowals (Assan India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Chutiyas (Assan India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Rajbanshis (Assan India)	(Walter <i>et al.</i> 1997)
Hindu (Andhra Pradesh)	(van Loghem <i>et al.</i> 1985)
Koya Dora (Andhra Pradesh)	(van Loghem <i>et al.</i> 1985)
Hindus from Delhi	(Schanfield & Kirk 1981)
Indians Naicker from Madras	(Schanfield & Kirk 1981)
Bataan	(Matsumoto <i>et al.</i> 1979)
Zambales	(Matsumoto <i>et al.</i> 1979)
Bali	(Blanc & Bréguet 1985)
Malay Senoi from Perak	(Steinberg & Eng 1972)
Filipino from Samar	(Yogore & Schanfield 1981)
Central Motu	(Kelly 1990)
Mandang Takia	(Kelly 1990)
Milne bay (Kukuya)	(Kelly 1990)
Morobe Atsera	(Kelly 1990)
Tenis (Tench Islands)	(Kelly 1990)
New Britain Tolai	(Kelly 1990)
New Britain Kilenge	(Kelly 1990)
Bougainville Uruava	(Kelly 1990)
Bougainville Torau	(Kelly 1990)
Polynesian outliers Bellona	(Kelly 1990)
Polynesian outliers Rennell	(Kelly 1990)
Fiji Iau	(Kelly 1990)
Fiji Viti	(Kelly 1990)
Central province Fuyuge	(Kelly 1990)
Central province Towade	(Kelly 1990)
East island province North Fore	(Kelly 1990)
East island province South Fore	(Kelly 1990)
East island province Kamano	(Kelly 1990)

East island province Pawaian	(Kelly 1990)
East island province Simbari	(Kelly 1990)
East island province Usurufa	(Kelly 1990)
East sepik province Abelam	(Kelly 1990)
East sepik province Iatmul	(Kelly 1990)
East sepik province Yambes	(Kelly 1990)
Enga	(Kelly 1990)
Kapua (Gulf province)	(Kelly 1990)
Gainj-Kalam (Madang province)	(Kelly 1990)
Daga (Milne Bay province)	(Kelly 1990)
Morobe province Gumu-Samane	(Kelly 1990)
Morobe province Kunimaipa	(Kelly 1990)
Morobe province Wafa	(Kelly 1990)
Morobe province Watut	(Kelly 1990)
Morobe province Weri	(Kelly 1990)
Morobe province Yupna	(Kelly 1990)
Northern province Binare	(Kelly 1990)
Northern province Doriaidi	(Kelly 1990)
Northern province Guhu-Samane	(Kelly 1990)
Northern province Hunjara	(Kelly 1990)
Kuman (Simbu)	(Kelly 1990)
Southern highland province Huli	(Kelly 1990)
Irian Jaya Mungai	(Kelly 1990)
New Britain Non Austronesian speaking Baining	(Kelly 1990)
New Britain Non Austronesian speaking Sulka	(Kelly 1990)
Bougainville Non Austronesian speaking Aita	(Kelly 1990)
Bougainville Non Austronesian speaking Rotokas	(Kelly 1990)
Bougainville Non Austronesian speaking Eivo	(Kelly 1990)
Bougainville Non Austronesian speaking Nasioi	(Kelly 1990)
Bougainville Non Austronesian speaking Nagovisi	(Kelly 1990)
Bougainville Non Austronesian speaking Simeku	(Kelly 1990)
Malaiti Baegu	(Kelly 1990)
Malaiti Kwaio	(Kelly 1990)
Negrito (Mindanao)	(Matsumoto <i>et al.</i> 1979)
Negrito (Luzon)	(Omoto <i>et al.</i> 1978)
Micronesians	(Steinberg & Morton 1973)
Pag Island	(Borot <i>et al.</i> 1991)
Albanians	(Dugoujon, non publié)
Italia (Pavia)	(Lorini <i>et al.</i> 1992)
Italia (Sardinia)	(Piazza <i>et al.</i> 1976)
Madonie (Sicily)	(Cerutti <i>et al.</i> 2004)
France (14 provinces)	(Blanc & Ducos 1986)
Corsica	(Dugoujon, non publié)
Basque	(Calderon <i>et al.</i> 1998)
Central Pyrenees	(Hazout <i>et al.</i> 1991)

Eastern Pyrenees	(Hazout <i>et al.</i> 1991)
Cantabria (Montes de Pas)	(Esteban <i>et al.</i> 1998)
Galicia	(Calderon <i>et al.</i> 2007)
Val d'Aran	(Giraldo <i>et al.</i> 1998)
Valencia	(Schanfield <i>et al.</i> 1981)
Canary Islands (Tenerife)	(Esteban <i>et al.</i> 1998)
Andalously (Huelva)	(Calderon <i>et al.</i> 2006)

Annexe 26. Base de données pour les analyses en fréquence d'haplogroupes Y

Regroupement géographique	Population	N	Références
Afrique COS	Angola Cabinda	74	(Beleza <i>et al.</i> 2005)
Afrique COS	Angola Nyaneka-Nkumbi	75	(Coelho <i>et al.</i> 2009)
Afrique COS	Angola Ovimbudu	96	(Coelho <i>et al.</i> 2009)
Afrique COS	République Démocratique du Congo (Pygmées Mbuti)	99	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Afrique du Sud !Kung	100	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Afrique du Sud Khwe	101	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Rwanda Hutu	98	(Luis <i>et al.</i> 2004)
Afrique COS	Rwanda Tutsi	100	(Luis <i>et al.</i> 2004)
Afrique COS	Zambie Est	69	(de Filippo <i>et al.</i> 2011)
Afrique COS	Zambie Ouest Bantous Ouest	197	(Filippo <i>et al.</i> 2011)
Afrique COS	Zambie Ouest Bantous Est	283	(Filippo <i>et al.</i> 2011)
Afrique COS	Guinée Equatoriale (estimation)	101	(Arroyo-Pardo <i>et al.</i> 2005)
Afrique COS	Benin	78	(Brucato <i>et al.</i> 2010)
Afrique COS	Burkina Faso Fulbe	100	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Burkina Faso Mossi	99	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Burkina Faso Rimaibe	99	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun Bakola	100	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun Bamileke	100	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun Daba	100	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun Ewondo	100	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun Fali	100	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun Fulbe	101	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun divers Adamawa	102	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun divers Chadic	102	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun Nilo-Saharien	99	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun Tali	101	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun Uldeme	100	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	République Centre africaine Lissongo	140	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cabo Verde Nord	101	(Goncalves <i>et al.</i> 2003)
Afrique COS	Cabo Verde Sud	100	(Goncalves <i>et al.</i> 2003)
Afrique COS	Benin Fon	100	(Luis <i>et al.</i> 2004)
Afrique COS	Cameroun Bantous	99	(Luis <i>et al.</i> 2004)
Afrique COS	Sénégal divers	139	(Semino <i>et al.</i> 2002)
Afrique Est	Tanzanie Datoga	101	(Knight <i>et al.</i> 2003)
Afrique Est	Tanzanie Hadzabe	99	(Knight <i>et al.</i> 2003)
Afrique Est	Kenya Bantous	81	(Luis <i>et al.</i> 2004)
Afrique Est	Tanzanie Wairak	100	(Luis <i>et al.</i> 2004)
Afrique Est	Somalie divers Danois	196	(Hallenberg <i>et al.</i> 2005)
Afrique Est	Kenya	79	(Wood <i>et al.</i> 2005)
Afrique Est	Karamoja, Ouganda	118	(Gomes <i>et al.</i> 2009)
Afrique Est	Kenya Maasai	79	(Filippo <i>et al.</i> 2011)

Afrique Est	Ethiopie Juifs	101	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique Est	Ethiopie Amhara	48	(Semino <i>et al.</i> 2002)
Afrique Est	Ethiopie Oromo	78	(Semino <i>et al.</i> 2002)
Afrique Est	Ethiopie Vallée de l'Omo	98	(Filippo <i>et al.</i> 2011)
Afrique est	Somalie	201	(Abu-Amero <i>et al.</i> 2009)
Afrique Nord	Namibie	136	(Wood <i>et al.</i> 2005)
Afrique Nord	Egypte	147	(Abu Amero <i>et al.</i> 2009)
Afrique Nord	Algérie divers	100	(Robino <i>et al.</i> 2008)
Afrique Nord	Lybie Arabes (estimation)	51	(Immel <i>et al.</i> 2006)
Afrique Nord	Maroc Arabes	100	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique Nord	Maroc Berbères	101	(Cruciani <i>et al.</i> 2002)
Afrique Nord	Maroc	312	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)
Afrique Nord	Tunisie	148	(Arredi <i>et al.</i> 2004)
Asie Sud	Pakistan	176	(Abu Amero <i>et al.</i> 2009)
Asie Sud	Naikpod	68	(Thanseem <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Andh	53	(Thanseen <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Pardhan	128	(Thanseen <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Mahadeokoli	50	(Thangaraj <i>et al.</i> 2010)
Asie Sud	Thakar	48	(Thangaraj <i>et al.</i> 2010)
Asie Sud	Musulman Shia	161	(Eaaswarkhanth <i>et al.</i> 2009)
Asie Sud	Musulman Sunni	129	(Eaaswarkhanth <i>et al.</i> 2010)
Asie Sud	Nord Inde	80	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Nord-est Inde	87	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Est inde	128	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Sud Inde	303	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Centre Inde	71	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Ouest Inde	59	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Europe ouest	Portugal Nord	60	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Europe ouest	Portugal Sud	78	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Europe ouest	Portugais Juifs	86	(Nogueiro <i>et al.</i> 2010)
Europe ouest	France	57	(Balaresque, non publié)
Europe ouest	Basque	116	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Europe ouest	Est Andalusia	95	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Europe ouest	Galice	88	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Europe ouest	Nord-ouest Castille	100	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Iles océan Indien	Antandroy	46	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)
Iles océan Indien	Antanosy	47	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)
Iles océan Indien	Comores	381	(Msaidie <i>et al.</i> 2011)
Iles océan Indien	Mikea Mikea-vezo	59	(Razafindrazaka 2010)
Iles océan Indien	Vezo Nord Tuléar	16	(Razafindrazaka 2010)
Iles océan Indien	Vezo Sud Tuléar	32	(Razafindrazaka 2010)
Iles océan Indien	Hautes Terres Madagascar	35	(Hurles <i>et al.</i> 2005)
Moyen-Orient	Israël Druzes Galilee	173	(Shlush <i>et al.</i> 2008)
Moyen-Orient	Palestinien	290	(Zalloua <i>et al.</i> 2008a)
Moyen-Orient	Koweït Bédouins	148	(Mohammad <i>et al.</i> 2009)

Moyen-Orient	Soqotra divers	63	(Cerny <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	Arabie saoudite	157	(Abu-Amero <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	Qatar	72	(Abu Amero <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	UAE	164	(Cadenas <i>et al.</i> 2008)
Moyen-Orient	Oman	121	(Cadenas <i>et al.</i> 2007)
Moyen-Orient	Yémen	62	(Cadenas <i>et al.</i> 2007)
Moyen-Orient	Liban	916	(Zalloua <i>et al.</i> 2008)
Moyen-Orient	Jordanie	146	(Flores <i>et al.</i> 2005)
Moyen-Orient	Iraq	203	(Sanchez 2005 et Ali Zahery <i>et al.</i> 2003)
Moyen-Orient	Iran	150	(Regueiro <i>et al.</i> 2006)
Moyen-Orient	Syriens	518	(Zalloua <i>et al.</i> 2008 et El-Sibai <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	Iraniens	324	(Haber <i>et al.</i> 2011)
Moyen-Orient	Chypristes	165	(El-Sibai <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	Turques divers	58	(Sanchez <i>et al.</i> 2005)
Moyen-Orient	Turques Anatolie	488	(Cinnioglu <i>et al.</i> 2004)
Océanie	Vanuatu-Maewo	44	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Océanie	Sud-ouest Nouvelle Guinée Una	46	(Kayser <i>et al.</i> 2006)
Océanie	Papouasie Nouvelle Guinée Trobriand	53	(Kayser <i>et al.</i> 2006)
Océanie	Papouasie Nouvelle Guinée Kapuna	46	(Kayser <i>et al.</i> 2006)
Océanie	Cook	66	(Kayser <i>et al.</i> 2006)
Océanie	Futuna	50	(Kayser <i>et al.</i> 2006)
Océanie	Fidji	94	(Kayser <i>et al.</i> 2006)
Océanie	Tuvalu	100	(Kayser <i>et al.</i> 2006)
Océanie	Samoa Ouest	61	(Kayser <i>et al.</i> 2006)
Asie du Sud-Est	Nias	407	(van Oven <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Philippines	48	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Vietnam	70	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Bali	641	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Java	61	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Bornéo	86	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Nias	60	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Mentawai	74	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Flores	394	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Sulawesi	54	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Sumba	350	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Lembata	92	(Karafet <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Adonara (langue austronésienne)	96	(Mona <i>et al.</i> 2009)
Asie du Sud-Est	Flores (langue austronésienne)	71	(Mona <i>et al.</i> 2009)
Asie du Sud-Est	Solor (langue austronésienne)	43	(Mona <i>et al.</i> 2009)
Asie du Sud-Est	Sumatra	56	(Kayser <i>et al.</i> 2006)
Asie du Sud-Est	Java	53	(Kayser <i>et al.</i> 2006)
Asie du Sud-Est	Negritos	180	(Delfin <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Non Negritos	210	(Delfin <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Malaisie	32	(Karafet <i>et al.</i> 2010)

Annexe 27. Base de données pour les analyses à 7 marqueurs STR-Y

Regroupement géographique	Population	N	Références
Iles océan Indien	Antandroy	46	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)
Iles océan Indien	Antanosy	47	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)
Iles océan Indien	Antaisaka	8	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)
Iles océan Indien	Merina	9	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)
Iles océan Indien	Comores	291	(Msaidie <i>et al.</i> 2011)
Iles océan Indien	Mikea	59	(Razafindrazaka 2010)
Iles océan Indien	Vezo Nord Tulear	16	(Razafindrazaka 2010)
Iles océan Indien	Vezo Sud Tulear	32	(Razafindrazaka 2010)
Iles océan Indien	Tsimahafotsy	5	(Razafindrazaka 2010)
Iles océan Indien	Andriana	21	(Razafindrazaka 2010)
Afrique COS	Guinée Equatoriale	101	(Arroyo-Pardo <i>et al.</i> 2005)
Afrique COS	Gabon	828	(Berniell-Lee <i>et al.</i> 2009)
Afrique COS	Benin	78	(Brucato <i>et al.</i> 2010)
Afrique COS	Côte d'Ivoire	90	(Brucato <i>et al.</i> 2010)
Afrique COS	République Centre africaine	165	(Lecerf <i>et al.</i> 2007)
Afrique COS	Guinée-Bissau	161	(Rosa <i>et al.</i> 2006)
Afrique COS	Burkina Faso	323	(Filippo <i>et al.</i> 2011)
Afrique COS	Mozambique	154	(Alves <i>et al.</i> 2003)
Afrique COS	Angola Nyaneka	75	(Coelho <i>et al.</i> 2009)
Afrique COS	Angola Ovimbudu	96	(Coelho <i>et al.</i> 2009)
Afrique COS	Angola divers	65	(Coelho <i>et al.</i> 2009)
Afrique COS	Zambia Est	88	(Filippo <i>et al.</i> 2011)
Afrique COS	Zambia Ouest Bantous est	263	(Filippo <i>et al.</i> 2011)
Afrique COS	Zambia-west Bantous ouest	192	(Filippo <i>et al.</i> 2011)
Afrique COS	Namibie	54	(Fujihara <i>et al.</i> 2009)
Afrique Est	Ethiopie Vallée de l'Omo	67	(Filippo <i>et al.</i> 2011)
Afrique Est	Kenya Massai	55	(Filippo <i>et al.</i> 2011)
Afrique Est	Tanzanie Sandawa	66	(Tishkoff <i>et al.</i> 2007)
Afrique Est	Tanzania divers	132	(Tishkoff <i>et al.</i> 2007)
Afrique Est	Ouganda	118	(Gomes <i>et al.</i> 2010)
Afrique Nord	Lybie	63	(Immel <i>et al.</i> 2006)
Afrique Nord	Maroc	515	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)
Afrique Nord	Maroc Arabes divers	104	(Quintana Murci <i>et al.</i> 2004)
Afrique Nord	Mozabites	68	(Bosch <i>et al.</i> 2000)
Afrique Nord	Tunisie Sfax divers	105	(Ayadi <i>et al.</i> 2006)
Moyen-Orient	Iran Iraniens	128	(Nasidze <i>et al.</i> 2003)
Moyen-Orient	Druze d'Israël	234	(Shlush <i>et al.</i> 2008)
Moyen-Orient	Liban	650	(Shlush <i>et al.</i> 2008 et Zalloua <i>et al.</i> 2008)
Moyen-Orient	Palestine	364	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)
Moyen-Orient	Koweït	148	(Mohammad <i>et al.</i> 2010)
Moyen-Orient	Oman	99	(Alshamali <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	Arabie Saoudite	106	(Alshamali <i>et al.</i> 2009)

Moyen-Orient	Yémen	104	(Alshamali <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	Dubaï	217	(Alshamali <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	Iran divers	104	(Alshamali <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	Chypre	163	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)
Moyen-Orient	Syrie Syriens	161	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)
Moyen-Orient	Turques divers	140	(Alakoc <i>et al.</i> 2010)
Moyen-Orient	Turque Anatolie	520	(Cinnioglu <i>et al.</i> 2004)
Asie Sud	Bangladesh	284	(Dobashi <i>et al.</i> 2005)
Asie Sud	Saraswat Brahmin	122	(Yadav <i>et al.</i> 2010)
Asie Sud	Indien Tamoul Nadu	152	(Balamurugan <i>et al.</i> 2010)
Asie Sud	Jat Sikhs	80	(Nagy <i>et al.</i> 2007)
Asie Sud	Inde Nord	78	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Inde Est	127	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Inde Sud	295	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Inde Centre	69	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Inde Ouest	59	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Mahadeokoli	50	(Thangaraj <i>et al.</i> 2010)
Asie Sud	Thakar	48	(Thangaraj <i>et al.</i> 2010)
Asie Sud	Pakistan	177	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)
Asie Sud	Sri-Lanka	207	(Illeperuma <i>et al.</i> 2010)
Europe Ouest	France	57	(Balaresque, non publié)
Europe Ouest	Portugal Nord	60	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Europe Ouest	Portugal Sud	78	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Europe Ouest	Andalousie Est	95	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Europe Ouest	Galice	89	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Europe Ouest	Nord Castille	130	(Adams <i>et al.</i> 2008)
Europe Ouest	Portugais Juif	86	(Nogueiro <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Philippines	76	(Kwak <i>et al.</i> 2005)
Asie du Sud-Est	Malais Singapour	180	(Yong <i>et al.</i> 2006)
Asie du Sud-Est	Malais Malasie	334	(Chang <i>et al.</i> 2006)
Asie du Sud-Est	Iban	105	(Chang, <i>et al.</i> 2008)
Asie du Sud-Est	Bidayuh	113	(Chang, <i>et al.</i> 2008)
Asie du Sud-Est	Melanau	104	(Chang, <i>et al.</i> 2008)
Asie du Sud-Est	Timor	113	(Souto, <i>et al.</i> 2006)
Asie du Sud-Est	Flores	385	(Karafet non publié)
Asie du Sud-Est	Lembata	89	(Karafet non publié)
Asie du Sud-Est	Sumba	349	(Karafet non publié)
Asie du Sud-Est	Vietnam	113	(Karafet non publié)
Asie du Sud-Est	Bali	632	(Karafet non publié)
Asie du Sud-Est	Bornéo	85	(Karafet non publié)
Asie du Sud-Est	Java	61	(Karafet non publié)
Asie du Sud-Est	Mentawai	73	(Karafet non publié)
Asie du Sud-Est	Nias	60	(Karafet non publié)
Asie du Sud-Est	Thaïlande	41	(Kwak <i>et al.</i> 2005)
Océanie	Océanie divers	66	(Karafet non publié)

Océanie	Papouasie NG	47	(Karafet non publié)
Océanie	Tahiti	24	(Karafet non publié)
Océanie	Vanuatu	44	(Karafet non publié)

Annexe 28. Base de données pour les analyses sur HVI

Regroupement géographique	Populations	N	Références
Iles océan Indien	Hautes Terres	52	(Hurles <i>et al.</i> 2005 ; Tofanelli <i>et al.</i> 2009 ; Razafindrazaka 2010)
Iles océan Indien	Antanosy	54	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)
Iles océan Indien	Antandroy	59	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)
Iles océan Indien	Mikea	127	(Razafindrazaka 2010)
Iles océan Indien	Vezo Nord Tuléar	52	(Razafindrazaka 2010)
Iles océan Indien	Vezo Sud Tuléar	49	(Razafindrazaka 2010)
Afrique COS	Angola Nyaneka	147	(Coelho <i>et al.</i> 2009)
Afrique COS	Angola Ovimbudu	98	(Coelho <i>et al.</i> 2009)
Afrique COS	Fon Benin	171	(Brucato <i>et al.</i> 2010 ; Rowold <i>et al.</i> 2007)
Afrique COS	Cabinda Angola	110	(Beleza <i>et al.</i> 2005)
Afrique COS	Cabo Verde	292	(Brehm <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Cameroun Ngumba	88	(Quintana-Murci <i>et al.</i> 2008)
Afrique COS	Cameroun Pygmées Baka	87	(Quintana-Murci <i>et al.</i> 2008)
Afrique COS	Cameroun Pygmées Bakoka	88	(Quintana-Murci <i>et al.</i> 2008)
Afrique COS	Gabon Fang	66	(Quintana-Murci <i>et al.</i> 2008)
Afrique COS	Gabon Mitsogo	64	(Quintana-Murci <i>et al.</i> 2008)
Afrique COS	Gabon Nzebi	63	(Quintana-Murci <i>et al.</i> 2008)
Afrique COS	Guinée Bissau	372	(Rosa <i>et al.</i> 2004)
Afrique COS	Côte d'Ivoire Ahizi	129	(Brucato <i>et al.</i> 2010)
Afrique COS	Côte d'Ivoire Yacouba	61	(Brucato <i>et al.</i> 2010)
Afrique COS	Mali Malinke	60	(Ely <i>et al.</i> 2006)
Afrique COS	Mozambique	416	(Pereira <i>et al.</i> 2001 ; Salas <i>et al.</i> 2002)
Afrique COS	Rwanda Hutu	106	(Cagri <i>et al.</i> 2009 ; Rowold <i>et al.</i> 2007)
Afrique COS	Sao Tome	103	(Trovoada <i>et al.</i> 2003)
Afrique COS	Sénégal Mandenka	119	(Graven <i>et al.</i> 1995)
Afrique COS	Sénégal Wolof	91	(Rando <i>et al.</i> 1998)
Afrique COS	Afrique du Sud Kung	59	(Chen <i>et al.</i> 2000)
Afrique COS	Zimbabwe	58	(Cagri <i>et al.</i> 2009)
Afrique Nord	Guanche Iles Canaries	71	(Maca-Meyer <i>et al.</i> 2004)
Afrique Nord	Egypte Arabes	102	(Coudray non publié)
Afrique Nord	Egypte Coptes	100	(Coudray non publié)
Afrique Nord	Maures Mauritanie	64	(Goncalves <i>et al.</i> 2006)
Afrique Nord	Maroc Berbères	181	(Rando <i>et al.</i> 1998 ; Brakez <i>et al.</i> 2001)
Afrique Nord	Tunisie	47	(Plaza <i>et al.</i> 2003)
Afrique Nord	Algérie	47	(Corte-Real <i>et al.</i> 1996)
Afrique Nord	Sahawari	56	(Plaza <i>et al.</i> 2003)

Afrique Nord	Samaritain	124	(Ottoni <i>et al.</i> 2009)
Afrique Nord	Tunisie Divers	102	(Turchi <i>et al.</i> 2009, Plaza 2003)
Afrique Nord	Maroc Berbères de Bourhiah	70	(Coudray <i>et al.</i> 2009)
Afrique Nord	Maroc Berbères de Figuig	94	(Coudray <i>et al.</i> 2009)
Afrique Nord	Egypte Berbères de Siwa	78	(Coudray <i>et al.</i> 2009)
Afrique Nord	Libye Tuaregs	129	(Ottoni <i>et al.</i> 2009)
Afrique Est	Kenya Swahili	200	(Brandstatter <i>et al.</i> 2004)
Afrique Est	Tanzanie Hadza	79	(Tishkoff <i>et al.</i> 2007)
Afrique Est	Tanzanie Sandawe	82	(Tishkoff <i>et al.</i> 2007)
Afrique Est	Ethiopie Amharic Divers	270	(Kivisild <i>et al.</i> 2004)
Afrique Est	Soudan Nubie	161	(Kivisild <i>et al.</i> 2004 ; Krings <i>et al.</i> 1999)
Afrique Est	Ethiopie divers	116	(Poloni <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	Soqotra	65	(Cerny <i>et al.</i> 2009)
Moyen-Orient	Iran	146	(Nasidze <i>et al.</i> 2004 ; Comas <i>et al.</i> 2004)
Moyen-Orient	Syrie	49	(Vernesi <i>et al.</i> 2001)
Moyen-Orient	Yémen	115	(Kivisild <i>et al.</i> 2004)
Moyen-Orient	Israël Druzes	45	(Macaulay <i>et al.</i> 1999)
Moyen-Orient	Kurdes	78	(Comas <i>et al.</i> 2000; Nasidze <i>et al.</i> 2005a ; Nasidze <i>et al.</i> 2005b)
Moyen-Orient	Chypre Grecques	91	(Irwin <i>et al.</i> 2008)
Moyen-Orient	Iraq	52	(Al-Zahery <i>et al.</i> 2003)
Moyen-Orient	Iranien	731	(Metspalu <i>et al.</i> 2004 ; Nasidze <i>et al.</i> 2005a ; Balloux non publié)
Moyen-Orient	Dubaï	249	(Alshamali <i>et al.</i> 2008)
Moyen-Orient	Israël Druzes	311	(Shlush <i>et al.</i> 2008)
Moyen-Orient	Turquie divers	234	(Nasidze <i>et al.</i> 2004 ; Quintana-Murci <i>et al.</i> 2004 ; Calafell <i>et al.</i> 1996)
Moyen-Orient	Jordanie	99	(González <i>et al.</i> 2008)
Moyen-Orient	Iran Kurdes	25	(Derenko <i>et al.</i> 2007)
Moyen-Orient	Iran Persans	82	(Derenko <i>et al.</i> 2007)
Moyen-Orient	Arabie Saoudite	553	(Abu-Amero <i>et al.</i> 2007)
Asie Sud	Bangladesh	30	(Bamshad <i>et al.</i> 1998)
Asie Sud	Gujarat	91	(Mountain <i>et al.</i> 1995)
Asie Sud	Inde Kamataka	201	(Cordaux <i>et al.</i> 2003 ; Mountain <i>et al.</i> 1995 ; Metspalu <i>et al.</i> 2004)
Asie Sud	Inde Kerala	230	(Basu <i>et al.</i> 2003 ; Roychoudhury <i>et al.</i> 2001 ; Mountain <i>et al.</i> 1995 ; Metspalu <i>et al.</i> 2004 ; Cordaux <i>et al.</i> 2003)
Asie Sud	Madyah Pradesh	82	(Metspalu <i>et al.</i> 2004 ; Basu <i>et al.</i> 2003 ; Baig <i>et al.</i> 2004)
Asie Sud	Inde Maharashtra	221	(Basu <i>et al.</i> 2003 ; Sahoo & Kashyap 2006 ; Metspalu <i>et al.</i> 2004 ; Cordaux <i>et al.</i> 2003 ; Baig <i>et al.</i> 2004)
Asie Sud	Inde Orissa	153	(Kivisild <i>et al.</i> 1999 ; Metspalu <i>et al.</i> 2004 ; Basu <i>et al.</i> 2003)
Asie Sud	Punjab	362	(Basu <i>et al.</i> 2003 ; Cordaux <i>et al.</i> 2003 ; Kaur <i>et al.</i> 2002)
Asie Sud	Tamoul Nadu	427	(Basu <i>et al.</i> 2003 ; Cordaux <i>et al.</i> 2003 ; Roychoudhury <i>et al.</i> 2001)
Asie Sud	Inde Tripura	134	(Basu <i>et al.</i> 2003 ; Cordaux <i>et al.</i> 2003 ; Kivisild <i>et al.</i> 1999)
Asie Sud	Uttard Pradesh	232	(Basu <i>et al.</i> 2003 ; Kivisild <i>et al.</i> 1999 ; Metspalu <i>et al.</i> 2004 ; Roychoudhury <i>et al.</i> 2001 ; Sharma <i>et al.</i> 2005)
Asie Sud	Ouest Bengale	285	(Basu <i>et al.</i> 2003 ; Metspalu <i>et al.</i> 2004 ; Roychoudhury <i>et al.</i> 2001)
Asie Sud	Sri Lanka	131	(Gan <i>et al.</i> 2008)
Asie Sud	Hindous Inde	72	(Fornarino <i>et al.</i> 2008)
Europe Ouest	Sicile	226	(Forster <i>et al.</i> 2002 ; Rickards <i>et al.</i> non publié)
Europe Ouest	Galicie	92	(Salas <i>et al.</i> 1998)

Europe Ouest	Catalan	46	(Plaza <i>et al.</i> 2003)
Europe Ouest	Andalousie	115	(Falchi <i>et al.</i> 2006 ; Corte-Real., <i>et al.</i> 1996)
Europe Ouest	Portugais	54	(Sampietro <i>et al.</i> 2005)
Europe Ouest	Corse	53	(Varesi <i>et al.</i> 2000)
Europe Ouest	France Sud	110	(Dubut <i>et al.</i> 2004)
Europe Ouest	Anglais	100	(Piercy <i>et al.</i> 1993)
Europe Ouest	Grèce	114	(Vernesi <i>et al.</i> 2001 ; Forster <i>et al.</i> 2002 ; Rickards <i>et al.</i> non publié)
Asie du Sud-Est	Thaïlande divers	71	(Jin <i>et al.</i> 2009)
Asie du Sud-Est	Vietnam	65	(Li <i>et al.</i> 2007)
Asie du Sud-Est	Adonara	73	(Mona <i>et al.</i> 2009)
Asie du Sud-Est	Flores	73	(Mona <i>et al.</i> 2009)
Asie du Sud-Est	Banjarmasin	110	(Hill <i>et al.</i> 2007 ; Hurles <i>et al.</i> 2005)
Asie du Sud-Est	Bali	64	(Hill <i>et al.</i> 2007)
Asie du Sud-Est	Sumatra Medan	42	(Macaulay <i>et al.</i> 2005)
Asie du Sud-Est	Sumatra Pekanbaru	54	(Macaulay <i>et al.</i> 2005)
Asie du Sud-Est	Nicobar divers	46	(Thangaraj <i>et al.</i> 2003)
Asie du Sud-Est	Onges Nicobar	63	(Thangaraj <i>et al.</i> 2003)
Asie du Sud-Est	Philippines	144	(Hill <i>et al.</i> 2007 ; Sykes <i>et al.</i> 1996 ; Tajima <i>et al.</i> 2004)
Asie du Sud-Est	Iban	83	(Simonson <i>et al.</i> 2011)
Asie du Sud-Est	Malais Kuala Lumpur	124	(Maruyama <i>et al.</i> 2010)
Asie du Sud-Est	Malais Singapour	205	(Wong <i>et al.</i> 2007)
Océanie	Nouvelle Guinée Hautes Terres	71	(Tommaseo-Ponzetta <i>et al.</i> 2002)
Océanie	Iles Salomon	64	(Friedlaender <i>et al.</i> 2002)
Océanie	Papouasie nouvelle Guinée Province Manus	144	(Kayser <i>et al.</i> 2008)
Océanie	Nouvelle Guinée Gidra	59	(Ohashi <i>et al.</i> 2007)
Océanie	Archipel Bismark	47	(Ricaud <i>et al.</i> 2008)
Océanie	Vanuatu Nguna	42	(Hagelberg <i>et al.</i> 2000)

Annexe 29. Références des haplotypes J1 utilisés pour le Network

Country	Groupe	Nb	Références	
Afghanistan	Moyen-Orient	1	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Algérie	Afrique Nord	23	(Robino <i>et al.</i> 2009)	
Arabie Saoudite	Moyen-Orient	48	(Abu Amero <i>et al.</i> 2009)	
Assyrien	Moyen-Orient	14	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Bali	Asie Sud-Est	6	(Karafet non publié)	
Chypre	Moyen-Orient	18	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)	
Comores	Comores	18	(Msaidie <i>et al.</i> 2010)	
Daghestan	Europe	87	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Egypte	Afrique Nord	29	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Egypte	Afrique Nord	2	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Ethiopie	Afrique Est	21	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Inde	Asie du Sud	2	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)	
Iran	Moyen-Orient	4	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Iraq	Moyen-Orient	11	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Iraq	Moyen-Orient	15	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Israël	Moyen-Orient	32	(Shlush <i>et al.</i> 2008)	
Israël	Moyen-Orient	19	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Italie	Europe	26	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Jordan	Moyen-Orient	35	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Koweït	Moyen-Orient	1	(Mohammad <i>et al.</i> 2010)	
Kurde	Moyen-Orient	4	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Liban	Moyen-Orient	7	(Shlush <i>et al.</i> 2008)	
Lybie	Afrique Nord	1	(Immel <i>et al.</i> 2006)	Estimation
Maroc	Afrique Nord	9	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)	
Maroc	Afrique Nord	9	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Monténégro	Europe	2	(Mirabal <i>et al.</i> 2010)	Estimation
Oman	Moyen-Orient	37	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Oman	Moyen-Orient	19	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Pakistan	Asie du Sud	4	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)	
Palestine	Moyen-Orient	100	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)	
Palestine	Moyen-Orient	16	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Parsi	Asie du Sud	3	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Perse	Moyen-Orient	5	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Portugal	Europe	22	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Qatar	Moyen-Orient	41	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Qatar	Moyen-Orient	1	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Qatar	Moyen-Orient	20	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Arabie Saoudite	Moyen-Orient	4	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Serbie	Europe	1	(Mirabal <i>et al.</i> 2010)	Estimation
Soudan	Afrique Est	26	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)	
Syrie	Moyen-Orient	62	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	
Syrie	Moyen-Orient	8	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)	

Syrie	Moyen-Orient	38	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)
Syrie	Moyen-Orient	9	(Shlush <i>et al.</i> 2008)
Tunisie	Afrique Nord	17	(Tofanelli <i>et al.</i> 2009)
Turquie	Moyen-Orient	18	(Cinnioglu <i>et al.</i> 2004)
UAE	Moyen-Orient	57	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)
Yémen	Moyen-Orient	42	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)
Yémen	Moyen-Orient	3	(Chiaroni <i>et al.</i> 2010)

Annexe 30. Références des haplotypes T utilisés pour le Network

Country	Groupe	Nb	Références	
Angola	Afrique Centre	1	(Coelho <i>et al.</i> 2009)	Estimation
Argentina-(Native-American)	Amériques	1	(Blanco Vereza <i>et al.</i> 2010)	
Belgique	Europe	1	(Decorte <i>et al.</i> 2004 YHRD)	
Brésil-Etat – Alagoas (Admixed-Brazilian)	Amériques	10	(Azevedo 2009 YHRD)	
British non Jefferson	Europe	2	(King <i>et al.</i> 2007)	
Chine	Asie Est	1	(Zhong <i>et al.</i> 2010)	
Chine	Asie Est	1	(Sengupta <i>et al.</i> 2006)	
Egypte	Afrique Nord	4	(Arredi <i>et al.</i> 2004)	
Guinée Equatoriale	Afrique Centre	1	(Arroyo-Pardo <i>et al.</i> 2005)	Estimation
Espagne	Europe	1	(Adams <i>et al.</i> 2008)	Estimation
French	Europe	3	(King <i>et al.</i> 2007)	
Péninsule Ibérique	Europe	13	(King <i>et al.</i> 2007)	
Israël	Moyen-Orient	11	(Shlush <i>et al.</i> 2008)	
Italie-Modena	Europe	3	(Ferri <i>et al.</i> 2008 YHRD)	
Koweït	Moyen-Orient	1	(Mohammad <i>et al.</i> 2010)	
Liban	Moyen-Orient	23	(Zalloua <i>et al.</i> 2008)	
Lybie	Afrique Nord	2	(Immel <i>et al.</i> 2006)	Estimation
Macédoine	Europe	4	(Spiroski <i>et al.</i> 2005 ; Jakovski <i>et al.</i> 2011 YHRD)	
Méditerranée	Europe	1	(Adams <i>et al.</i> 2008)	Estimation
Hollande	Europe	1	(Decorte <i>et al.</i> 2004 YHRD)	
Palestine	Moyen-Orient	6	(Zalloua <i>et al.</i> , 2008b)	
Portugal	Europe	2	(Adams <i>et al.</i> 2008)	
Portugal	Europe	10	(Nogueiro <i>et al.</i> 2010)	
Syrie	Moyen-Orient	3	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)	
Tunisie	Afrique Nord	4	(Zalloua <i>et al.</i> 2008b)	
Turquie	Moyen-Orient	13	(Cinnioglu <i>et al.</i> 2004)	
Ouganda	Afrique Centre	1	(Gomes <i>et al.</i> 2010)	
USA-Nevada-(Basque)	Amériques	1	(Valverde Potes YHRD)	
Virginia Jefferson	Europe	6	(King <i>et al.</i> 2007)	
Zambie	Afrique Centre	1	(Filippo <i>et al.</i> 2011)	Estimation