

Université de Montréal

**Étude exploratoire sur les origines du peuplement de l'île de Madagascar :**  
**Une approche de craniométrie comparative appliquée sur des populations**  
**modernes**

Par

Caroline Deswarte

Département d'Anthropologie

Faculté des Arts et Sciences

Mémoire présenté à la Faculté des études supérieures  
en vue de l'obtention du grade de Maîtrise ès Sciences en Anthropologie

Avril 2015

© Caroline Deswarte, 2015

Université de Montréal  
Faculté des études supérieures

Ce mémoire intitulé :  
Étude exploratoire sur les origines du peuplement de l'île de Madagascar : Une approche de  
craniométrie comparative appliquée sur des populations modernes

Présenté par :  
Caroline Deswarte

A été évalué par un jury composé des personnes suivantes :

Dr Michelle Drapeau

Président-rapporteur

Dr Isabelle Ribot

Directrice de recherche

Dr Alain Froment

Codirecteur

Dr Bernard Chapais

Membre du jury

# RÉSUMÉ

Les origines du peuplement de l'île de Madagascar ne sont encore que partiellement explorées à l'heure actuelle. Différentes populations ont contribué au peuplement de l'île, de nombreuses théories sur les origines de ce peuplement ont émergé et varient grandement selon les sources consultées. Selon l'archéologie et l'anthropologie culturelle, l'arrivée des premiers peuples remonterait à deux millénaires avant notre ère et plusieurs strates de vagues migratoires venues d'Afrique et d'Asie se sont succédées. Pour une vision complète du peuplement de toute l'île, ce sont les études en linguistique et en génétique qui ont donné les meilleures pistes en s'orientant vers une origine à prédominance indonésienne plutôt qu'africaine. Il reste cependant à confronter ces données diverses à celles issues de l'approche phénotypique, qui est peu utilisée. Mon **objectif** est donc d'explorer cette hypothèse à partir des données craniométriques, et ainsi de tester les modèles de peuplement proposés grâce à d'autres approches. Cet **échantillon malgache** (N=207) a été subdivisé sur la base de diverses données (géographie, ethnies et affiliations linguistiques). Après des analyses intra-groupe et intergroupes, ce dernier a été comparé à d'autres données craniométriques personnelles et publiées (N=1184). Deux types d'**approches statistiques** (multivariées classiques et issues de l'approche de la génétique des populations ou RMET) ont été utilisées afin d'obtenir des paramètres diversifiés et complémentaires. Les **résultats** issus des deux approches tendent vers une origine mixte (Afrique et Asie), dont la prépondérance varie en fonction de la région et du sexe. En effet, les hommes malgaches ont une origine triple (sud de l'Asie du Sud-est, sud de l'Afrique et côtes sud-est africaines), alors que les femmes ont plutôt une origine double (Afrique et Asie) selon l'approche multivariée classique. D'après les analyses RMET, on note que les individus des régions du nord et de l'est de l'île se rapprochent des populations de Tanzanie et les Malgaches présentent des similarités avec les populations indiennes. De plus, on remarque que les Malgaches du groupe nord présentent par rapport aux autres groupes un degré d'hétérogénéité plus élevé (Fst). Ce phénomène est dû probablement à des apports de populations plus diverses dès le début du peuplement de l'île dans cette région. Cette étude, basée sur un petit échantillon, confirme néanmoins les thèses antérieures sur la diversité du peuplement malgache et de plus elle démontre que les composantes prédominantes (Afrique ou Asie) varient selon les régions et le sexe.

**Mots-clés** : Peuplement, craniométrie, Madagascar, variation, intra-groupe, inter-groupe, multivariées, RMET.

## **ABSTRACT**

As of now, origins of the island of Madagascar's settlement have only been partially investigated. Various populations inhabited the island, thus numerous theories about these origins were devised and explanations vary greatly from source to source. According to archaeology and cultural anthropology, its first settlers came around two millennia before Christ and many waves of migration from Africa and Asia followed in their path. Studies in linguistics and genetics best laid the way for a comprehensive overview of that settlement and pointed to a predominantly Indonesian origin as opposed to an African one. However, comparing these many findings with those obtained through the rarely used phenotypic approach has yet to be done. My **goal** is therefore to explore this question using craniometric data to test settlement patterns proposed by other fields. Our **Malagasy sample** (N=207) was subdivided according to various factors (geography, ethnicities and linguistic affiliations). After intragroup and intergroup-based analyses, the sample was compared to more craniometric data, personal and published (N=1184). Two types of **statistical approaches** (classic multivariate and originating from genetics populations approach, or RMET) were used to achieve diversified and complementary parameters. **Results** from both approaches support the conclusion that the origins are in fact mixed (Africa and Asia) and their preponderance, linked to region and gender. Indeed, Malagasy men have three sources (south of Southeast Asia, southern Africa and southeast African coast), while women have more of a double origin (Africa and Asia) according to the classic multivariate approach. RMET analyses show that individuals from the northern and the eastern regions of the island share traits with Tanzanian populations as well as similarities with Indian populations. Furthermore, Malagasy from the northern group exhibit higher heterogeneity than other groups ( $F_{st}$ ). This phenomenon is likely due to the influx of various populations early in the settlement of the island. This study, based on a small sample, nevertheless confirms previous theses on the diversity of the Malagasy settlement and, in addition, shows that its predominant parts (Africa and Asia) vary according to region and gender.

**Keywords:** Settlement, craniometry, Madagascar, variation, intragroup, intergroup, multivariate, RMET.

# TABLE DES MATIÈRES

PAGE TITRE .....	i
COMPOSITION DU JURY .....	ii
RÉSUMÉ .....	iii
ABSTRACT .....	iv
TABLE DES MATIÈRES .....	v
LISTE DES TABLEAUX .....	viii
LISTE DES FIGURES .....	xii
REMERCIEMENTS .....	xv
CHAPITRE 1 : INTRODUCTION .....	1
1.1. Le contexte général .....	1
1.2. Plan du mémoire .....	4
CHAPITRE 2 : LA RECHERCHE D'UNE ORIGINE .....	5
2.1. Contexte théorique .....	5
2.1.1. Lieux géographiques et ethnies de Madagascar .....	5
2.1.2. Hypothèses de peuplement issues de l'archéologie, de l'histoire et de l'anthropologie culturelle .....	9
2.1.3. Thèses linguistiques .....	12
2.1.4. Thèses génétiques .....	15
2.1.5. L'apport des données phénotypiques par rapport à l'origine géographique des individus malgaches .....	19
2.1.5.1. Observer et interpréter la variation intra et inter-groupe .....	20
2.1.5.2. La bioarchéologie humaine, une discipline peu utilisée dans l'étude du premier peuplement de Madagascar .....	21
2.2. Objectifs de recherche .....	26
CHAPITRE 3 : MATÉRIELS ET MÉTHODES .....	31
3.1. Description du corpus de données .....	31
3.1.1. Sélection des crânes du Musée de l'Homme .....	34
3.1.1.1. Conditions pour le choix des crânes .....	34
3.1.1.1.1. État de conservation .....	34
3.1.1.1.2. Présence de déformations .....	35
3.1.1.2. Les caractéristiques démographiques .....	35
3.1.1.2.1. Détermination de l'âge des individus .....	35
3.1.1.2.2. Estimation du sexe et dimorphisme sexuel .....	35
3.1.1.3. Les provenances géographiques des crânes .....	36
3.1.1.3.1. Madagascar .....	36
3.1.1.3.2. Asie .....	37
3.1.1.3.3. Afrique de l'Est et du Sud .....	38
3.1.2. Sélections des crânes des données compilées .....	38
3.2. Récoltes des données brutes .....	39
3.3. Aspects méthodologiques préliminaires .....	40
3.3.1. Protocole pour l'erreur intra-observateur .....	40
3.3.2. Protocole pour l'erreur inter-observateur .....	40
3.3.3. Tests statistiques .....	41
3.4. Analyses statistiques utilisées .....	42
3.4.1. La correction de la taille (score C) .....	43
3.4.2. Analyses statistiques univariées .....	43
3.4.3. Analyses statistiques multivariées .....	44
3.4.4. Analyse de la matrice R (RMET) .....	44
3.4.5. Synthèse des analyses utilisées .....	46

<b>CHAPITRE 4 : PRÉSENTATION DES RÉSULTATS.....</b>	<b>47</b>
<b>4.1. Dimorphisme sexuel à l'intérieur de l'île de Madagascar .....</b>	<b>47</b>
4.1.1. Variation du dimorphisme sexuel chez les malgaches et au sein des regroupements malgaches .....	47
4.1.1.1. Analyses univariées .....	47
4.1.1.2. Analyses multivariées pour le regroupement centre et plateau .....	49
<b>4.2. Variation intra-populationnelle au sein de l'île de Madagascar.....</b>	<b>52</b>
4.2.1. Analyses univariées .....	52
4.2.2. Analyses multivariées.....	54
4.2.2.1. Analyse de la variation intra-ethnique masculine.....	54
4.2.2.2. Analyse de la variation intra-ethnique des scores C (sexes confondus).....	56
<b>4.3. Variation inter-populationnelle entre la population de l'île de Madagascar et les différentes populations de comparaison.....</b>	<b>57</b>
4.3.1. La variation entre les continents (Afrique et Asie) et l'île de Madagascar .....	58
4.3.1.1. Analyses univariées .....	58
4.3.1.2. Analyses multivariées.....	60
4.3.2. La variation entre les regroupements géographiques (régionaux) et l'île de Madagascar .....	65
4.3.2.1. Analyses univariées .....	66
4.3.2.2. Analyses multivariées.....	68
4.3.3. Classification des individus malgaches dans les regroupements géographiques par l'analyse discriminante multiple.....	74
4.3.3.1. Classification des hommes malgaches .....	75
4.3.3.2. Classification des femmes malgaches .....	76
4.3.3.3. Classification pour les données corrigées pour la taille (score C ou sexe confondu).....	78
<b>4.4. Analyse RMET .....</b>	<b>80</b>
4.4.1. Les ordres des distances génétiques .....	81
4.4.1.1. Analyse 1 (populations malgaches).....	81
4.4.1.2. Analyse 2 (populations malgaches vs populations Asie, Afrique et Europe).....	81
4.4.1.3. Analyse 3 (populations malgaches vs populations africaines).....	82
4.4.1.4. Analyse 4 (populations malgaches vs populations asiatiques) .....	83
4.4.2. Le niveau de diversité phénotypique ( $F_{ST}$ ).....	84
4.4.3. Les analyses de la variance résiduelle sur les populations malgaches (analyse Relethford-Blangero).....	84
<b>4.5. Synthèse des résultats.....</b>	<b>85</b>
<b>CHAPITRE 5 : DISCUSSION ET CONCLUSION .....</b>	<b>87</b>
<b>5.1. Les facteurs explicatifs de la variation intra-populationnelle au sein de l'île de Madagascar.....</b>	<b>88</b>
5.1.1. Synthèses des résultats.....	88
5.1.2. Les facteurs explicatifs des similarités de certaines ethnies malgaches : langues et/ou histoire? .....	90
5.1.3. Les facteurs expliquant les différences morphologiques significatives entre certaines ethnies malgaches.....	92
5.1.3.1. La diversité morphologique malgache reflète-t-elle dans une certaine mesure certains facteurs culturels (A) et historique (C)? .....	92
5.1.3.2. L'adaptation à un milieu ou l'existence des barrières régionales (B et C) seraient un facteur de diversification intra-Madagascar ?.....	93
5.1.3.3. La diversité linguistique, reflet de la diversité phénotypique ? .....	94
<b>5.2. Les origines du peuplement de l'île Rouge à partir de la variation inter-populationnelle.....</b>	<b>95</b>
5.2.1. Synthèses des résultats.....	95
5.2.2. Comparaison des résultats de l'étude exploratoire à l'hypothèse principale développée par la linguistique et la génétique .....	99
5.2.3. Méthodologie : Les analyses de bio-distance, les avantages par rapport aux analyses statistiques standard (univariées, multivariées) .....	102
<b>5.3. Conclusion et perspectives d'études.....</b>	<b>103</b>

<b>BIBLIOGRAPHIE.....</b>	<b>106</b>
<b>ANNEXES .....</b>	<b>117</b>
Annexe I. Définitions (auteurs, années), <i>outils de mesures utilisés</i> et illustrations des mesures linéaires utilisées lors de notre étude .....	117
Annexe II. Représentation schématique de la voûte, de la face et de la base montrant la localisation anatomique des mesures métriques (Josiane Lettre, 2009) .....	121
Annexe III. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance des différentes mesures au sein du regroupement régional de la côte centre et plateau (N=59).....	122
Annexe IV. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance des différentes mesures au sein des 4 ethnies sélectionnées chez les hommes (N=87) .....	123
Annexe V. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance des différentes mesures au sein des 4 ethnies sélectionnées pour les scores C (N=146) .....	123
Annexe VI. Signification des tests post-hoc entre les hommes des échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 23 mesures (N=1110) .....	124
Annexe VII. Signification des tests post-hoc entre les femmes des échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 24 mesures (N=519) .....	125
Annexe VIII. Signification des tests post-hoc entre les échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 21 mesures (N=1740) (score C) .....	126
Annexe IX. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 16 différentes mesures entre les malgaches, africains et asiatiques sélectionnés chez les hommes (N=327).....	127
Annexe X. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 17 différentes mesures entre les malgaches, les asiatiques et les africains sélectionnés chez les femmes (N=145).....	128
Annexe XI. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 17 différentes mesures entre les malgaches, asiatiques et africains sélectionnés (score C) (N=521) .....	129
Annexe XII. Signification des tests post-hoc entre les hommes des échantillons de populations malgaches et quatre regroupements géographiques au niveau de 23 mesures (N=1093).....	130
Annexe XIII. Signification des tests post-hoc entre les femmes des échantillons de populations malgaches et quatre regroupements géographiques au niveau de 24 mesures (N=512).....	132
Annexe XIV. Signification des tests post-hoc entre les échantillons de populations malgaches et quatre regroupements géographiques au niveau de 21 mesures (N=1740) (score C).....	134
Annexe XV. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 17 différentes mesures entre les hommes de Madagascar et des regroupements régionaux sélectionnés (N=310).....	136
Annexe XVI. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 17 différentes mesures entre les femmes de Madagascar et des regroupements régionaux sélectionnés (N=138) .....	137
Annexe XVII. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 20 différentes mesures entre les individus de Madagascar et des regroupements régionaux sélectionnés pour les scores C (N=490).....	138

# LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1. Localisation, mode de subsistance et dialectes selon l'ethnie et la zone géographique à partir des documents de l'encyclopédie africaine et malgache (Madagascar et territoires de l'Océan Indien, 1964), Murdock (1959), Kottak (1971), Razafindrazaka (2010) Hewitt et al (1996) et de Serva et al (2012).....	8
Tableau 2. Les pistes et hypothèses ethnologiques défendues quant à l'origine du peuplement de l'île de Madagascar selon les auteurs. ....	11
Tableau 3. Les différentes thèses linguistiques relatives à l'origine du peuplement malgache depuis le début du XXe siècle. ....	14
Tableau 4. Les différentes thèses génétiques expliquant l'origine du peuplement de l'île de Madagascar par ordre chronologique.....	16
Tableau 5. Le corpus de données utilisées en fonction de la provenance géographique, du nombre d'individus et des publications. ....	33
Tableau 6. Synthèse des regroupements effectués .....	33
Tableau 7. Le nombre de crânes par ethnies de l'échantillon de l'île de Madagascar en fonction du sexe. ....	37
Tableau 8. Le nombre d'individus de l'échantillon du continent asiatique en fonction du sexe.....	37
Tableau 9. Le nombre d'individus de l'échantillon du continent africain.....	38
Tableau 10. Le nombre d'individus en fonction de la publication, du pays de provenance et du sexe.....	38
Tableau 11. Analyse de l'erreur intra-observateur. Mesures présentant une différence entre les deux observations.....	41
Tableau 12. Analyse de l'erreur inter-observateur. Mesures présentant une différence entre les deux observations.....	42
Tableau 13. Effectifs des échantillons suites à un échantillonnage aléatoire pour l'utilisation du logiciel RMET 5.0.....	46
Tableau 14. Résultats des tests de U pour échantillons indépendants pour le dimorphisme sexuel au sein des regroupements régionaux de Madagascar et des malgaches (N=198) à partir de 28 mesures. ....	48



Tableau 15. La signification des scores de régression obtenus de l'ACP sur le regroupement régional centre et plateau par rapport au dimorphisme sexuel.....	50
Tableau 16. Coefficients standardisés de la fonction discriminante canonique – Regroupement centre et plateau (dimorphisme sexuel). .....	51
Tableau 17. Résultats de la classification selon le sexe des individus au sein du regroupement régional centre et plateau de Madagascar (N=69).....	51
Tableau 18. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) de 23 mesures au sein de 4 ethnies malgaches pour les hommes (N=88). .....	52
Tableau 19. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) de 24 mesures au sein de 4 ethnies malgaches pour les femmes (N=62). .....	53
Tableau 20. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) de 21 mesures au sein de 4 ethnies malgaches pour les scores C (N=155). .....	54
Tableau 21. La signification des scores de régression obtenus de l'ACP et résultats de l'ANOVA et tests post-hoc sur 4 ethnies malgaches par rapport à la variation intra-ethnique masculine. ....	55
Tableau 22. La signification des scores de régression obtenus de l'ACP et les résultats de l'ANOVA et des tests post-hoc sur 4 ethnies malgaches par rapport à la variation intra-ethnique des scores C.....	56
Tableau 23. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les hommes des échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 23 mesures (N=1110).....	58
Tableau 24. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les femmes des échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 24 mesures (N=519).....	59
Tableau 25. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les scores C des échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 23 mesures (N=1740).....	59
Tableau 26. Analyse de la variance (ANOVA) sur les scores de régression obtenus de l'ACP et résultats des tests post-hoc pour tester les différences entre les hommes de l'île de Madagascar, d'Asie et d'Afrique.....	61
Tableau 27. Analyse de la variance (ANOVA) sur les scores de régression obtenus de l'ACP et résultats du test post-hoc pour tester les différences entre les femmes malgaches, asiatiques et africaines. ....	63

Tableau 28. Analyse de la variance sur les scores de régression obtenus de l'ACP et résultats du test post-hoc pour tester les différences entre les malgaches, asiatiques et africaines (score C).....	64
Tableau 29. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les hommes des échantillons des regroupements géographiques au niveau de 23 mesures (N=1093).....	66
Tableau 30. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les femmes des échantillons des regroupements géographiques au niveau de 24 mesures (N=512).....	67
Tableau 31. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les scores C des échantillons des regroupements géographiques au niveau de 23 mesures (N=1707).....	67
Tableau 32. Analyse de la variance des scores de régressions obtenus de l'ACP et résultats des tests post-hoc entre l'île de Madagascar et aux regroupements régionaux par rapport à la variation intra-populationnelle chez les hommes.....	69
Tableau 33. Analyse de la variance sur les scores de régressions obtenues de l'ACP avec des tests post-hoc entre l'île de Madagascar et les différentes régions sélectionnées par rapport à la variation inter-populationnelle pour les femmes.....	71
Tableau 34. Analyse de la variance sur les scores de régression obtenus de l'ACP et les résultats des tests post-hoc entre l'île de Madagascar et deux continents par rapport à la variation intra-populationnelle.....	73
Tableau 35. Valeur propre et pourcentage de la variance des fonctions discriminantes chez les hommes (N=209) lors d'une analyse discriminante.....	75
Tableau 36. Coefficients des fonctions discriminantes canoniques standardisées chez les hommes de 5 regroupements régionaux.....	75
Tableau 37. Probabilité à priori pour les hommes des régions géographiques utilisés dans l'analyse discriminante multiple (N=209).....	75
Tableau 38. Résultats de la classification des hommes malgaches selon 5 groupes régionaux (N=336).....	76
Tableau 39. Valeur propre et pourcentage de la variance des fonctions discriminantes chez les femmes (N=71) lors d'une analyse discriminante.....	77

Tableau 40. Coefficients des fonctions discriminantes canoniques standardisées chez les femmes de 5 regroupements régionaux. ....	77
Tableau 41. Probabilité à priori pour les hommes des régions géographiques utilisés dans l'analyse discriminante multiple (N=71). ....	77
Tableau 42. Résultats de la classification des femmes malgaches selon 5 groupes régionaux (N=146) .....	78
Tableau 43. Valeur propre et pourcentage de la variance des fonctions discriminantes (N=329) lors d'une analyse discriminante sur les scores C. ....	78
Tableau 44. Coefficients des fonctions discriminantes canoniques standardisées chez les individus (score C) de 5 regroupements régionaux. ....	79
Tableau 45. Probabilité à priori pour les individus (score C) des régions géographiques utilisés dans l'analyse discriminante multiple. ....	79
Tableau 46. Résultats de la classification des individus malgaches (score C) selon 5 groupes régionaux (N=525) ....	80
Tableau 47. Valeurs du $F_{ST}$ avec erreurs standards pour chaque analyse effectuée. ....	84
Tableau 48. Analyse de la variance résiduelle au sein de la population malgache (N=59).....	85
Tableau 49. Tableau de synthèse des principaux résultats .....	86

# LISTE DES FIGURES

Figure 1. Carte géographique de l'île de Madagascar (Encyclopædia Britannica Online, accès le 7 Janvier 2015, <a href="http://academic.eb.com/EBchecked/media/61433/">http://academic.eb.com/EBchecked/media/61433/</a> ). .....	6
Figure 2. Les différentes ethnies officielles de Madagascar selon leur emplacement géographique (infographie de Guillaume Pontonnier, <i>comm. pers.</i> ). .....	7
Figure 3. Carte de la distribution des langues malayo-polynésienne (illustration de Ross, 2008). .....	13
Figure 4. Carte de la distribution des langues parlées sur l'île de Bornéo (illustration de Blust, 2013). .....	13
Figure 5. Localisation géographique des données sous étude. ....	34
Figure 6. Schéma des différentes analyses statistiques, méthodes et logiciels utilisés. ....	46
Figure 7. Analyse du dimorphisme sexuel au sein du regroupement régional centre et plateau de Madagascar. La composante principale 1 (axe x- 33,50% de la variance) vs la composante 3 (axe y- 9,23% de la variance). Les ellipses de confiance représentent 80% de la variation (hommes =○, femmes=x).....	50
Figure 8. Analyse de la variation intra-populationnelle chez les hommes de 4 ethnies de Madagascar. La composante principale 2 (axe x- 16,84% de la variance) vs la composante 3 (axe y- 13,00% de la variance). Les ellipses de confiances représentent 85% de la variation (Antakarana =○, Betsiléo=x, Merina =+ et Sakalave = Δ). .....	55
Figure 9. Analyse de la variation intra-populationnelle de 4 ethnies de Madagascar à partir des scores C. La composante principale 1 (axe x- 24,10% de la variance) vs la composante 2 (axe y- 15,49% de la variance). Les ellipses de confiances représentent 85% de la variation (Antakarana =○, Betsiléo=x, Merina =+ et Sakalave = Δ). .....	57
Figure 10. Analyse de la variation inter-populationnelle chez les hommes malgaches, asiatiques et africains. La composante principale 1 (axe x- 33,76% de la variance) vs la composante 2 (axe y-10,27 % de la variance). Les ellipses de confiances représentent 90% de la variation (Madagascar =○, Asie=x, Afrique =+). .....	62
Figure 11. Analyse de la variation inter-populationnelle chez les femmes malgaches, asiatiques et africaines. La composante principale 1 (axe x- 30,87% de la variance) vs la composante 2 (axe y-10,15 % de la variance). Les ellipses de confiances représentent 75% de la variation (Madagascar =○, Asie=x, Afrique =+). .....	63

Figure 12. Analyse de la variation inter-populationnelle pour les données corrigée pour la taille de l'île de Madagascar et de deux regroupements continentaux. La composante principale 1 (axe x-15,81% de la variance) vs la composante 3 (axe y- 11,17% de la variance). Les ellipses de confiances représentent 95 % de la variation (Madagascar =○, Asie=x, Afrique =+). .....	65
Figure 13. Analyse de la variation inter-populationnelle chez les hommes de l'île de Madagascar et entre les regroupements régionaux. La composante principale 1 (axe x-31,90 % de la variance) vs la composante 2 (axe y-10,65 % de la variance). Les ellipses de confiances représentent 85% de la variation (Madagascar =○, nord Asie du sud-est=x, sud Asie du sud-est=+, sud de l'Afrique=Δ, côte sud-est africaine=∇). .....	70
Figure 14. Analyse de la variation inter-populationnelle chez les femmes de l'île de Madagascar et entre les regroupements régionaux. La composante principale 1 (axe x- 28,35 % de la variance) vs la composante 4 (axe y- 8,25 % de la variance). Les Ellipses de confiances représentent 90 % de la variation (Madagascar =○, nord Asie du sud-est=x, sud Asie du sud-est=+, sud de l'Afrique=Δ, côte sud-est africaine=∇). .....	72
Figure 15. Analyse de la variation inter-populationnelle pour les données corrigées pour la taille de l'île de Madagascar et entre les regroupements régionaux. La composante principale 1 (axe x- 13,99% de la variance) vs la composante 2 (axe y- 11,48% de la variance). Les ellipses de confiances représentent 90% de la variation (Madagascar =○, nord Asie du sud-est=x, sud Asie du sud-est=+, sud de l'Afrique=Δ, côte sud-est africaine=∇). .....	74
Figure 16. Diagramme de dispersion entre les populations malgaches (N=59). Le vecteur I (axe x- 100% de la variation) vs le vecteur II (axe y- 0% de la variation). .....	81
Figure 17. Diagramme de dispersion entre les populations malgaches et les populations du continent africain et asiatique (N=188). Le vecteur I (axe x- 44,6% de la variation) vs le vecteur II (axe y- 26% de la variation). .....	82
Figure 18. Diagramme de dispersion entre les populations malgaches et les populations africaines (N=103). Le vecteur I (axe x- 55,2% de la variation) vs le vecteur II (axe y- 26,4% de la variation). .....	83
Figure 19. Diagramme de dispersion entre les populations malgaches et les populations asiatiques (N=130). Le vecteur I (axe x- 46,2% de la variation) vs le vecteur II (axe y- 28,2% de la variation). .....	83
Figure 20. Différences morphologiques entre un homme Betsilé (9712) et une femme Antakarana (9952). Photos du profil gauche et de la face, MNHN (Paris). .....	89

Figure 21. Différences morphologiques entre un homme malgache (Mahafaly) (18860) et un homme somalien (8232). Photos du profil gauche et de la face, MNHN (Paris). .....97

Figure 22. Différences morphologiques entre un homme malgache (Antakarana) (19017) et un homme de l'île de Bornéo (3504). Photos du profil gauche et de la face, MNHN (Paris). .....98

Figure 23. Différences morphologiques entre un homme malgache (19664) et un homme philippin (7929). Photos du profil gauche et de la face, MNHN (Paris). .....99

## **REMERCIEMENTS**

Je tiens à remercier la D<sup>re</sup> Isabelle Ribot, ma directrice de recherche, pour son soutien, ses conseils, ses commentaires critiques et ses encouragements. Même, si ce fut un travail long et complexe elle a toujours répondu à mes questions et m'a aidée dans le cheminement de ma réflexion.

Je tiens à remercier également mon co-directeur, le Dr Alain Froment, pour son accueil chaleureux au sein du Musée de l'Homme et son aide dans la réalisation de ce projet.

Je tiens aussi à remercier le personnel du Musée de l'Homme pour l'autorisation, la mise à disposition du matériel et l'accueil au sein des locaux. Merci particulièrement à l'équipe technique de la collection d'anthropologie.

Mes remerciements vont aussi au Dr John H. Relethford pour l'accès gratuit à son logiciel RMET, sans lequel ce projet n'aurait pu être finalisé, ainsi qu'à toutes les personnes ayant contribué à la mise en place de la banque de données compilées.

Enfin, je remercie ma famille, pour son soutien et sa disponibilité. Merci en particulier à mon père pour ses judicieux conseils sur la langue française et à mon frère qui m'a régulièrement motivée.

# **Chapitre 1 : Introduction**

## **1.1. Le contexte général**

Les événements démographiques du passé (extinctions, homogénéisations, diversifications) sont à l'origine de notre diversité biologique, qui s'exprime par de nombreux éléments : génotype, phénotype, culture, histoire, géographie, etc. (Lahr, 1996; Lahr et Foley, 1998; Relethford, 2002; Stoneking et Krause, 2011). Le peuple malgache constitue un groupe humain bien particulier puisqu'on ne peut toujours pas se prononcer sur une seule origine, à prédominance soit africaine soit austronésienne (Asie du Sud-est) (Allibert, 2008). Depuis près de 100 ans, de nombreux auteurs se sont penchés sur la question des origines et de l'histoire du peuplement de l'île de Madagascar en passant de Grandidier (1908) à Dewar (2014). Cependant, encore de nos jours, aucune hypothèse irréfutable (englobant toute la diversité de l'île) n'a encore été produite, comme on peut l'observer dans les publications récentes issues de la génétique, de l'archéologie, de la linguistique, de l'histoire ou de l'anthropologie culturelle (Allibert, 2008; Adelaar, 2009; Razafindrazaka et al, 2010; Boivin et al, 2013; Dewar, 2014). Les approches récentes sont multidisciplinaires (Adelaar et Himmelmann, 2005; Ross, 2006; Allibert, 2008; Blench, 2010; Blust, 2013). Suite à ce constat, nous nous sommes employés à confronter les différentes hypothèses sur l'origine et l'histoire du peuplement malgache avec les données phénotypiques (issues de la craniométrie) qui sont complémentaires à notre avis. Cette approche nous permet d'explorer la variation morphologique et sa corrélation avec les données génétiques et linguistiques (Scheinfeldt et al, 2010). En effet, la morphologie (os, dents et insertions musculaires) est aujourd'hui un outil complémentaire aux autres approches dans le nouveau contexte multidisciplinaire des recherches portant sur les peuplements ancestraux et descendants (Rocchi et al, 2006; Petraglia et Allchin, 2007; González-José et al, 2008; Paschetta et al, 2010).

Les recherches sur le peuplement de Madagascar à partir d'outils bio-anthropologiques commencèrent à partir du milieu du XX<sup>e</sup> siècle. C'est durant cette période que l'on commence à s'intéresser à l'histoire des peuples à l'échelle régionale (Buikstra, 1991) en parallèle aux développements de la génétique des populations,



discipline qui devint prédominante à partir des années 1980 pour la bioarchéologie en général (Knudson et Stojanowski, 2008).

C'est en 1958 que Marie-Claude Chamla utilisa les données craniométriques et somatologiques des individus de Madagascar, afin de connaître leur origine par rapport aux hypothèses dominantes à son époque. Cependant, son étude dans le contexte des années 1960, était encore empreinte de l'approche raciologique et la taille de l'échantillon étudié était trop restreinte. De sorte que nous avons voulu réexaminer cette question avec de nouveaux échantillons et des concepts réactualisés, dans la continuité des approches que nous employons à l'heure actuelle sur l'histoire des populations en anthropologie (Relethford et al, 1994, 2001, 2002; Stojanowski et Schillaci, 2006; Von Cramon-Taubadel, 2011).

Thème de prédilection en bioanthropologie, les variations phénotypiques et génétiques sont apparues souvent corrélées à la géographie (Hiernaux et Froment, 1976; Relethford 2002, 2004; Li et al, 2008). Actuellement, la craniométrie peut être utilisée comme un outil complémentaire à la génétique pour déterminer l'origine géographique d'un individu tant en bioarchéologie que dans le domaine judiciaire (Hanihara, 1996, 1997; Hanihara et al, 2003; Howells, 1973, 1989, 1995; Manica et al, 2007; Neves et al, 2005; Relethford 1994, 2002; Ousley et al, 2009). Bien sûr, son utilisation a dépassé la vision biaisée des années 1900 avec ses classifications raciales (Gould, 2007). L'approche actuelle est aujourd'hui axée sur une meilleure compréhension des processus micro-évolutifs (migrations, métissages, impacts de l'environnement et de la génétique). Bien que consciente de ses limites méthodologiques, différentes bases de données de mesures craniométriques avec logiciels intégrés (FORDISC, Jantz et Ousley, 1993 et CRANID, Wright, 2009) permettent de déterminer approximativement l'origine géographique d'un individu (Ousley et al, 2009). Cependant, les données craniométriques peuvent également servir à explorer la variation phénotypique à l'échelle d'un groupe, soit uniquement en lien avec la géographie, voire également en corrélation, avec l'histoire et les langues (Pietrusewsky, 1973; Froment, 1998; Brace et al, 2001; Relethford, 2002, 2004 et 2010; Schillaci et Stojanowski, 2005; L'Abbé et al, 2006; Pinhasi et Von Cramon-Taubadel, 2009, etc.). Toutefois, dans la littérature récente, les études craniométriques ou toute autre discipline en lien avec la morphologie (dentaire ou

postcrânienne) tendent à développer des approches spécifiques à chaque population, en développant leur propre banque de données et d'analyses statistiques (Mackova et Velemínska, 2007; Morita et al, 2013; Kanchan et al, 2014). Cette approche est, en théorie, plus adaptée, car les questions posées et la nature des échantillons nécessitent, lors de chaque étude spécifique, de trouver des comparatifs différents et des analyses statistiques appropriées selon la taille de l'échantillon (Stojanowski et Schillaci, 2006; Buzon, 2006; Hanihara et Ishida, 2009; etc.).

Lors de notre travail, nous n'avons pas utilisé les logiciels cités précédemment avec leurs bases de données, préférant ainsi la « population specific approach » de Stojanowski et Schillaci (2006). Les données craniométriques que nous allons utiliser restent dans le domaine de la craniométrie traditionnelle et suivent les méthodes et applications discutées dans l'article de Pietrusewsky (2008). Dans notre cas, nous allons analyser la variation phénotypique présente au sein de la population malgache et ensuite, comparer cette dernière à des échantillons non malgaches, afin de vérifier si cette variation peut être expliquée avec les différents modèles proposés sur le peuplement de l'île de Madagascar.

Sur cette question, de nombreuses hypothèses basées sur l'utilisation de disciplines diverses ont été émises, et nous avons sélectionné les domaines les plus utilisés actuellement, tels que la génétique et la linguistique. La génétique connaît en effet un véritable essor sur la question des peuplements anciens (depuis les 40 dernières années et par exemple : Cavalli-Sforza et al, 1994). La linguistique a été utilisée dès le début du questionnement sur les origines de la population malgache et elle continue à être employée abondamment (Ruhlen, 1994). L'origine des populations comparatives, utilisée pour la présente maîtrise, a été choisie sur la base des travaux antérieurs portant sur les hypothèses proposées par ces deux disciplines (Dahl 1951, Adelaar 1989 et 1995, Hurler et al 2005, Soodyall et al 1996, Blench 2008, Tofanelli et al 2009).

Notre recherche, axée sur la variation phénotypique est une étude préliminaire sur la question du peuplement malgache, car les collections ostéologiques analysables pour Madagascar ne peuvent pas représenter de manière exhaustive toute la diversité humaine régionale et passée. Le peuplement a été probablement complexe et diversifié selon les régions de l'île et la période. Faute de restes humains anciens pour Madagascar, nous tenterons donc d'abord, de comprendre la variation subactuelle (considérée comme la

résultante de processus micro-évolutifs passés), et ensuite à partir de ces données, de tester les grandes hypothèses sur l'origine de ce peuplement issues de la génétique et de la linguistique.

## **1.2. Plan du mémoire**

Dans une première partie (chapitre 2), nous exposerons la problématique en introduisant le contexte théorique de notre recherche ainsi que nos objectifs détaillés.

Ensuite, nous présenterons les populations et la méthodologie choisies pour notre étude (chapitre 3). Cette partie comportera la description du corpus des données et du matériel utilisé, ainsi que la méthode de recueil des données, les analyses de la méthodologie (test d'erreurs intra- et inter-observateurs) et la description des analyses statistiques qui vont être employées.

Dans la partie suivante (chapitre 4), nous présenterons nos résultats à des échelles diverses (variations intra et inter-groupes).

Enfin, la dernière partie (chapitre 5) sera consacrée à l'interprétation et à la confrontation des résultats par rapport à ceux antérieurement émis grâce au recours à d'autres disciplines (linguistique et génétique). Cette démarche permettra de conclure notre sujet par une ouverture vers d'autres propositions pour de futures études.

## **Chapitre 2 : La recherche d'une origine**

Dans ce chapitre, nous allons exposer le contexte théorique et historique de notre recherche en abordant la diversité géographique, culturelle, génétique et linguistique des Malgaches, ainsi que les différentes hypothèses de peuplement de « l'île rouge » proposées par différentes disciplines. L'accent sera mis plus particulièrement sur les thèses soutenues en linguistique et génétique, en nous focalisant notamment sur le lien possible avec les données phénotypiques. Ce peuplement s'est effectué en plusieurs vagues migratoires d'origines diverses en fonction des régions de l'île sur une période de temps plus ou moins importante (à partir de 2300-2200 av. J.-C.) (Perez et al, 2003). C'est sur la base des hypothèses défendues par diverses disciplines que nous allons expliciter ensuite les objectifs de notre étude (p. 26).

### **2.1. Contexte théorique**

La situation géographique particulière de Madagascar, île située au milieu de l'océan Indien entre plusieurs continents, constitue un des facteurs explicitant son peuplement diversifié et complexe. Comme nous allons le voir ci-dessous, sa diversité ethnique, linguistique et génétique apporte des indices sur les processus de ce peuplement dans l'espace et dans le temps.

#### **2.1.1. Lieux géographiques et ethnies de Madagascar**

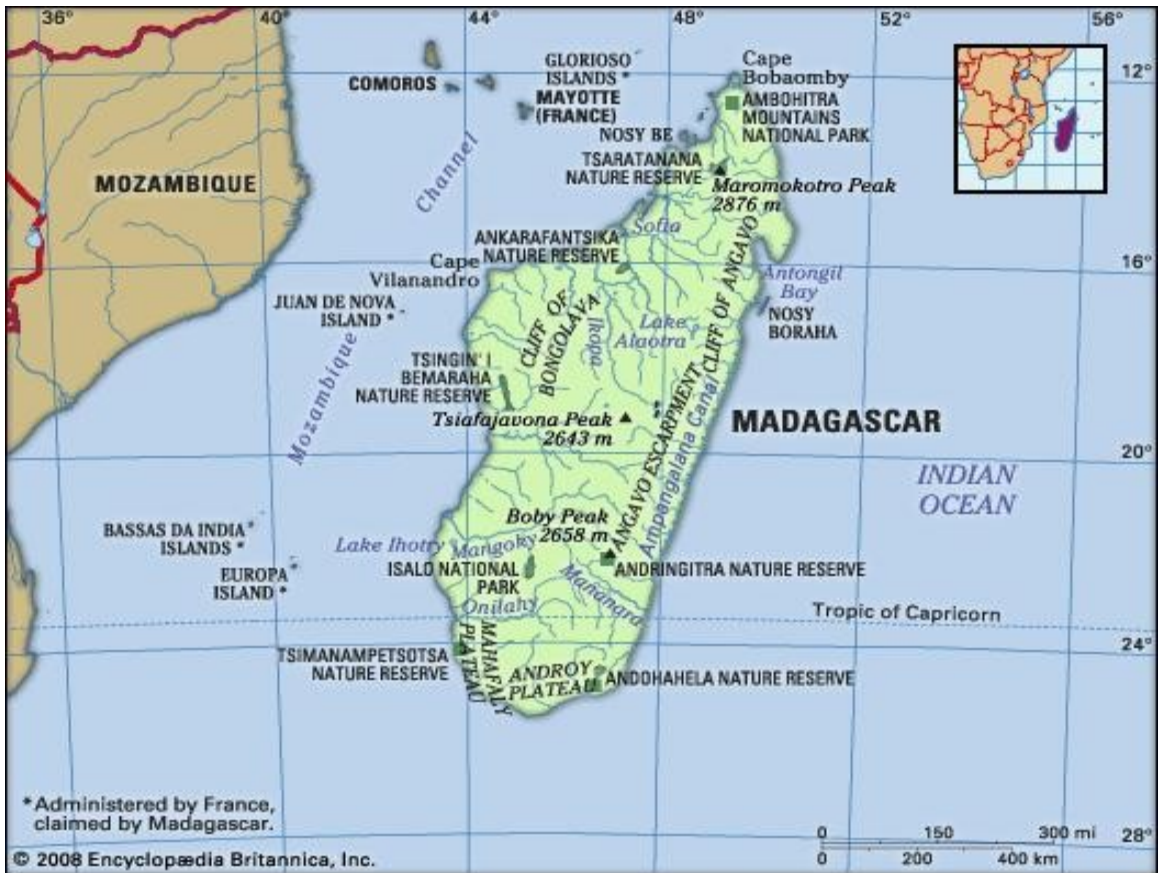
Madagascar est une île d'une superficie de 587 000 km<sup>2</sup> et elle s'étend sur 1580 km du Nord au Sud sur une largeur moyenne de 450 à 580 km. L'île est située dans la partie occidentale de l'océan Indien. Elle est séparée du continent africain et des côtes du Mozambique par le canal du Mozambique large d'environ 400 km. Madagascar est voisine de différentes îles et archipels. On retrouve ainsi l'archipel des Comores à 300 km au Nord-Ouest, l'île de la Réunion et l'île Maurice à environ 800 km à l'Est et enfin l'archipel des Seychelles à environ 1100 km au nord de l'île (*cf.* Figure 1).

Cette île est composée de 18 grandes « ethnies »<sup>1</sup> ou « tribus »<sup>2</sup> qui sont elles-mêmes divisées en « clans »<sup>3</sup>. La formation des « ethnies » s'est effectuée autrefois de deux

---

<sup>1</sup> Selon M. Weber (1968) : « les « ethnies » sont des groupes humains qui font preuve d'une croyance subjective dans leur ascendance commune à cause de ressemblances dans le type physique, dans les coutumes, ou des souvenirs partagés dans l'expérience de la colonisation et des migrations [...] » *traduit* (p.389).

manières différentes. La première relève de la filiation; en effet certains « clans » furent réunis dans un même royaume ou dans des royaumes où les souverains étaient parents, comme les royaumes Merina ou Sakalave. La seconde relève de la géographie, c'est la région géographique, donc la proximité, qui a rassemblé d'autres « clans » (Tanala ou Antandroy par exemple). Par conséquent, le nombre réel d'ethnies se situe plus entre 50 et 60 (Rakotonirina et Poirier, 1984). Pour notre étude, nous utiliserons les grandes divisions ethniques présentées à la figure 2.



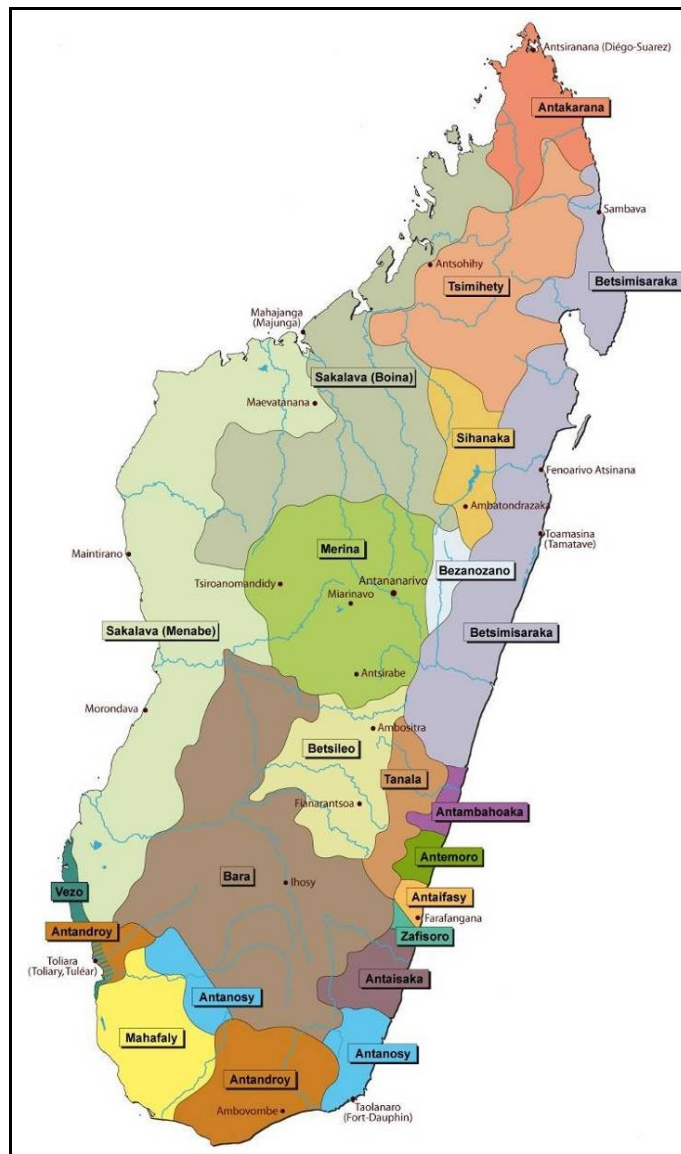
**Figure 1. Carte géographique de l'île de Madagascar (Encyclopædia Britannica Online, accès le 7 Janvier 2015, <http://academic.eb.com/EBchecked/media/61433/>).**

Le dialecte Merina d'Antananarivo est la langue officielle du pays, mais il existe de nombreux dialectes (23) au sein des différentes ethnies à Madagascar (Serva et al, 2012; Adelaar, 2013). De plus, il est important de noter que les ethnies ne sont pas fixées à un

<sup>2</sup> Selon J.J. Honigmann (1964), une « tribu » (en tant que système d'organisation sociale) peut être décrite comme un groupe ayant un territoire commun, une tradition de descendance commune, un langage commun, une culture commune et un nom commun – tous critères formant la base de l'union de groupes plus petits telle que des villages, des bandes, des districts, des lignages.

<sup>3</sup> Selon J. Maquet, le terme « clan » désigne un groupement fondé sur la parenté : ses membres se reconnaissent descendants d'un même ancêtre. Jacques MAQUET, « CLAN », Encyclopædia Universalis [en ligne], consulté le 29 mars 2015. URL : <http://www.universalis-edu.com/encyclopedie/clan/>

seul endroit géographique surtout chez les populations surabondantes du plateau (cf. figure 2 et tableau 1). Ainsi, il existe beaucoup de migrations vers les côtes et donc de métissage. Les populations ayant un mode d'élevage pastoral sont semi-nomades, comme certains Sakalava ou les Antandroy. Au niveau de la côte nord-est, la présence de la culture et de la religion islamique sont attestées par la linguistique et l'anthropologie culturelle (Adelaar, 2006). Par ailleurs, d'autres communautés vivent à Madagascar depuis le XIXe siècle, les Comoriens, les Chinois cantonnais, les Mauriciens, les Indo-pakistanaïens et les Français.



**Figure 2. Les différentes ethnies officielles de Madagascar selon leur emplacement géographique (infographie de Guillaume Pontonnier, *comm. pers.*).**

**Tableau 1. Localisation, mode de subsistance et dialectes selon l'ethnie et la zone géographique à partir des documents de l'encyclopédie africaine et malgache (Madagascar et territoires de l'Océan Indien, 1964), Murdock (1959), Kottak (1971), Razafindrazaka (2010) Hewitt et al (1996) et de Serva et al (2012).**

	Ethnies	Localisation	Mode de subsistance	Dialectes
La côte est	Betsimisaraka	Région côtière allant de Sambava jusqu'à la rivière Mananjary et région de Tamatave	Culture sèche du riz, pêche, élevage d'animaux, culture du café, poivre, vanille, canne à sucre et girofle	Fenoarivo-est et Mahanoro
	Sihanaka	Autour du lac Alaotra (entre Ambatondrazaka et Mandritsara)	Culture humide du riz et pêche	Ambatondrazaka
	Bezanozano	Sur le gradin (partie montagneuse) de la haute vallée de la rivière Mangoro et à l'est et à l'ouest du territoire des Betsimisaraka dans la région de Moramanga	Culture humide du riz	Bezanozano
	Antambahoaka	Mananjary	Culture sèche du riz, pêche et élevage d'animaux Refus de manger du porc et viande non saignés	Mananjary
	Antemoro	Au nord et au sud de Manakara (de Mananjary à Vohipeno) et autour de la vallée Matitana	Agriculture	Manakara
	Antaifasy et Zafisoro	Autour de Farafangana	Culture sèche du riz, pêche et élevage d'animaux	Farafangana
	Tanala	Sur le gradin de la forêt tropicale de l'est dans le triangle Ranomanafana, Mananjary et Fianarantsa	Culture sur brûlis, chasse et cueillette de plantes	Similaire au Merina
	Antesaka	Basse Mananara (région de Vangaindrano)	Culture sèche du riz, pêche et élevage d'animaux	Vaingaindrano
	Antanosy	Fort-Dauphin	Culture sèche du riz, pêche, élevage d'animaux et agriculture	Tolagnaro
	Antandroy	Région d'Ambovombe	Élevage pastoral d'animaux, pêche sur la côte et culture du manioc et du maïs	Ambovombe
Le plateau	Tsimihety	Au nord des hautes terres et à l'est dans la région de Farafangana	Culture sèche du riz et élevage pastoral d'animaux	Mandritsara
	Merina (Andriana et Hova)	Région d'Antananarivo	Culture du riz irrigué et élevage d'animaux	Antananarivo
	Betsiléo	Autour de Fianarantsao	Culture du riz irrigué et élevage d'animaux	Fianarantsao
	Bara	Région de l'Ihosy	Élevage d'animaux, pêche sur la côte et agriculture	Betroka
Les plaines de la côte ouest	Antakarana	Région de Diego-Suarez (massif des tsingys de l'Ankarana)	Élevage d'animaux, pêche sur la côte et agriculture	Antalaha, Vohémar, Ambilobe,
	Sakalava (Boina, Menabe : Vézo, Massikoro et Makoa, Mikea)	De Nosy Be à Tuléar, le pays Boina se situe au Nord et le Menabe est au Sud.	Élevage pastoral d'animaux, pêche sur la côte (Vézo et Makoa), culture du manioc, maïs et riz, chasse et cueillette (Mikea)	-Ambanja, Majunga, Maintirano, Morondava, Vézo (Toliara), Massikoro (Miary)
	Mahafaly	Sur le plateau entre les fleuves Menarandra et Onilahy	Élevage d'animaux, pêche sur la côte, culture du maïs, figues, manioc et tubercules sauvages	Ampanihy

Le tableau 1 relie la localisation, le mode de subsistance et les dialectes des différentes ethnies composant le peuple malgache. La répartition des ethnies est exposée par rapport à trois grandes zones géographiques : la côte est avec dix ethnies, le plateau avec quatre ethnies et les plaines de la côte ouest avec trois ethnies. Une diversité ethnique est plus visible sur la côte est que sur le reste de l'île. Plusieurs raisons peuvent expliquer cette différence. La présence des premiers établissements commerciaux sur cette façade de l'île est un élément explicatif. En effet, les premiers comptoirs commerciaux furent établis de ce côté de l'île, afin de faciliter les échanges commerciaux au niveau de l'Océan Indien. De plus, la présence de courants marins favorables a certainement un rôle dans l'établissement préférentiel de la population sur cette partie orientale de l'île (Razafindrazaka, 2010). On peut aussi noter qu'il y a des éléments d'ordre géographique, favorisant l'établissement de la population : la topographie des lieux, le climat plutôt humide et la végétation offrant un couvert dense de forêt proche d'une zone côtière (Dewar et Wright, 1993). Un dernier élément de réponse, plutôt d'ordre historique/politique, est aussi le rassemblement à l'ouest de la plupart des individus de plusieurs ethnies dans de grands royaumes (Merina et Sakalave par exemple).

#### 2.1.2. Hypothèses de peuplement issues de l'archéologie, de l'histoire et de l'anthropologie culturelle

De nombreux chercheurs de différentes disciplines se sont déjà penchés sur l'origine et l'histoire du peuplement de l'île depuis le début du XX<sup>e</sup> siècle, cependant il n'y a pas de consensus clair sur la question.

L'archéologie a joué un rôle important dans les essais des chercheurs, afin de découvrir l'origine et les différentes étapes du peuplement malgache. Les études archéologiques se sont concentrées sur les traces d'activité anthropique, notamment l'étude des traces de découpe sur les faunes subfossiles<sup>4</sup> (MacPhee et Burney, 1991; Burney et al, 2004; Gommery et al, 2011) et sur le matériel archéologique tel que la céramique (Vérin, 1969, 1975; Battistini et Vérin, 1972; McBain, 1992; Pearson, 1992; Wright et al, 1993; Dewar, 1995; Vérin et Wright, 1999; Allibert, 2002; Crowley, 2010). Selon Gommery et al (2011), les datations radiocarbone des ossements d'hippopotames

---

<sup>4</sup> Faunes s'étant éteintes à une période récente (deux millénaires ou moins).



subfossile (présentant des traces de découpe découvertes à Madagascar) permettent de situer la date d'arrivée des premiers habitants de l'île à deux millénaires avant notre ère. Leurs lieux de découverte indiqueraient aussi les deux voies possibles de colonisation. La première serait au nord-ouest par les Comores pour l'origine africaine, et la deuxième au nord-est pour l'origine asiatique. Les premières traces d'occupation humaine à partir des céramiques archéologiques ne remontent cependant qu'à partir du premier millénaire de notre ère, vers la fin du VIII<sup>e</sup> siècle sur le site de Nosy Mangabe au nord-ouest de l'île. Toutefois, l'assemblage des céramiques n'est pas assez distinctif pour pouvoir le relier à d'autres traditions (Dewar et Wright, 1993). Les premières preuves d'échanges (ex. céramiques) entre Madagascar et divers continents ne sont attestées qu'à partir de la période du XI<sup>e</sup> siècle (allant jusqu'à la fin du XIV<sup>e</sup> siècle). En effet, les découvertes réalisées au sud de l'île sur le site proche de la rivière Menarandra, relient Madagascar à un type de céramiques typique de l'Afrique de l'Est (Wright, 2012). Cette céramique comprenant des incisions triangulaires (TIW) provient des côtes de la Tanzanie, peuplée par les groupes Swahili (Chami, 1998). Sur le site de Mahilaka au nord de l'île, les couches stratigraphiques et leurs contenus donnent des pistes sur les origines des occupations successives. En effet, un mélange de poteries venues du Proche-Orient et de l'Extrême-Orient est attesté à partir du XII<sup>e</sup> siècle jusqu'au XV<sup>e</sup> siècle (Dewar et Wright, 1993). L'étude des céramiques archéologiques donne donc plusieurs pistes selon Wright (2012), notamment au niveau de la colonisation initiale de l'île grâce à la découverte de céramiques identiques à celle des côtes de l'Afrique de l'est, et au niveau du système d'échange au sein de l'océan Indien avec la découverte sur les sites malgaches de céramiques importées du Proche-Orient, d'Asie et d'Indonésie (Allibert, 2008).

L'histoire fournit quant à elle des pistes sur les différentes vagues de migrations qui eurent lieu durant le second millénaire de notre ère sur l'île. Cette période récente reflète probablement un peuplement de l'île rouge très complexe, car l'arrivée de populations s'intensifie. Les Arabes, les Portugais, les Hollandais, les Anglais, les Français et les Indiens font partie intégrante de l'histoire de l'île de Madagascar. Les études de Flacourt (1658, réédition 2007) et de Randrianja et Ellis (2009) détaillent l'histoire de ce peuplement à partir du XIII<sup>e</sup> siècle après J-C., date à laquelle les premières traces écrites attestent de ce phénomène.

De nombreuses études ethnologiques font état de multiples influences. En complément aux autres sources, elles nous apportent aussi des pistes concernant l'établissement et l'origine des différentes ethnies peuplant l'île Rouge. Les pratiques culturelles, la culture matérielle et l'architecture suggèrent des origines variées (Afrique, Asie et Proche-Orient). Le tableau 2 présente dix études clés par rapport à ce domaine de l'anthropologie. Les différentes pistes s'orientent plutôt vers une origine asiatique, bien que des influences africaines dans les instruments de musique et les techniques de tissage, ainsi qu'une influence islamique du Proche-Orient, soient visibles sur l'île de Madagascar.

**Tableau 2. Les pistes et hypothèses ethnologiques défendues quant à l'origine du peuplement de l'île de Madagascar selon les auteurs.**

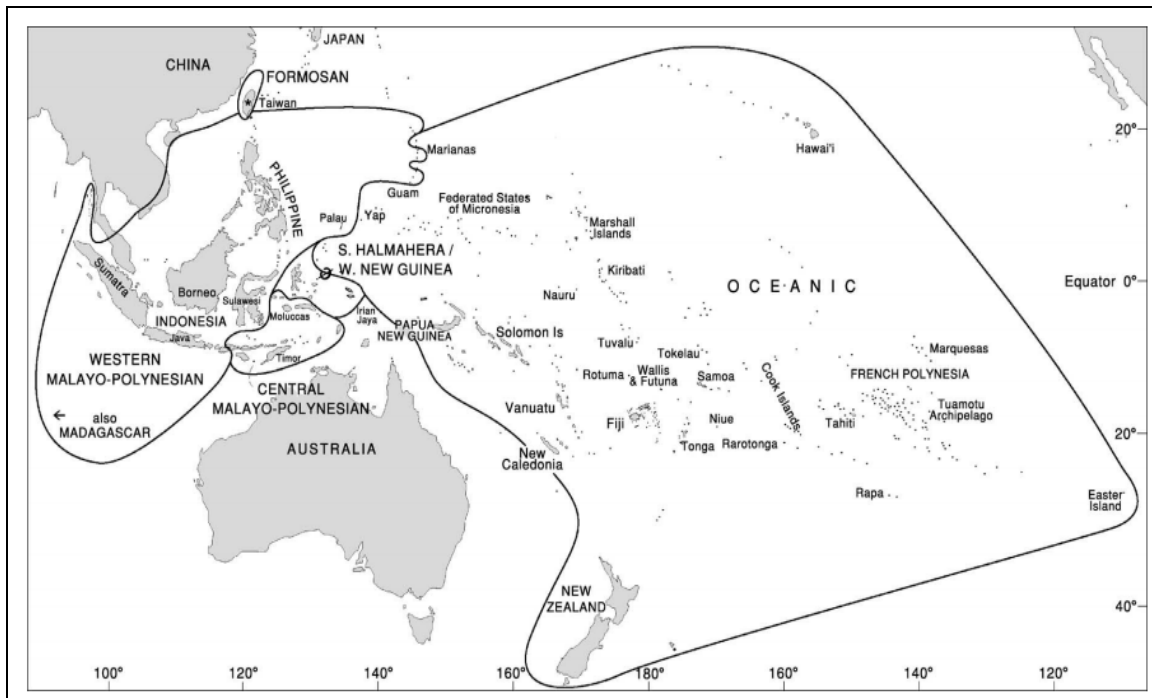
Auteurs (dates)	Hypothèses
<b>Mack (1986)</b>	La distribution des <b>canoës à balancier</b> ou <i>waka</i> est surtout associée aux Vezo, comme moyen de transport est un témoin intéressant de la piste d'une origine de l'Asie du Sud-est. En effet, les canoës à balanciers représentent encore à l'heure actuelle l'emblème des cultures d'Asie du Sud-est.
<b>Larson (2001)</b>	La pratique de <b>second enterrement</b> , appelé <i>famadihana</i> qui est typique de l'île de Madagascar, et qui trouve son origine en Asie du sud-est, chez les peuples de la famille austronésienne.
<b>Deschamps (1960)</b>	On retrouve des influences indonésiennes dans l' <b>architecture</b> rectangulaire des maisons ainsi que dans le <b>travail du fer</b> avec l'utilisation d'un système de soufflet à piston.
<b>Sacks (1938)</b>	Il y a une classe variée d' <b>instruments de musique</b> provenant d'Asie du Sud-est, d'Afrique ou du monde arabe. Les tubes de cithares sont une déviation de ceux retrouvés dans le Sud-est asiatique dénommé <i>valiha</i> . Les cordophones composés d'unealebasse comme caisse de résonance ( <i>jejolava</i> ) ont leur origine en Afrique. Les flûtes proviennent du monde arabe.
<b>Roth (1917) et Weir (1976)</b>	Un autre aspect de la culture matérielle ayant des origines diverses concerne le <b>tissage</b> . On retrouve des influences diverses dans la technologie malgache des métiers à tisser et des matières utilisées. Le tissage du coton est une influence provenant d'Indonésie et d'Afrique. Les métiers à tisser sont aussi spécifiques de certaines régions du monde. Le premier type est placé horizontalement, cette technique est usuelle dans l'est de l'Afrique et en particulier dans les aires du Sahara à la méditerranée (Roth, 1917), alors que le second type est arrimé aux poutres du toit d'une autre structure au sein de laquelle le tissage a lieu. Ce type de métier à tisser est bien documenté au Yémen (Weir, 1976). Une influence du sud-est et du sud de l'Asie est aussi remarquée dans la construction du métier à tisser avec la présence d'une sangle arrière chez les Zafimaniry, un sous-groupe des Betsiléo.
<b>Macks (1986); Kent (1970) et Vérin et Rajaonarimanana (1991)</b>	Il a existé un fort contact avec le <b>peuple islamique</b> à partir du XIIIe siècle. En effet, la première mosquée est retrouvée à Mahilaka, au niveau de la côte nord-ouest de l'île. Le <i>Sorabe</i> est un manuscrit sacré du Coran traduit en malgache retrouvé chez les populations du nord-ouest de l'île. On le compare aux formes yéménites (Macks, 1986) ou aux formes du Sud-est éthiopien (Kent, 1970). On peut également mentionner l'emprunt d'une pratique islamique de l'astrologie avec les guérisseurs ( <i>ombiasy</i> ) et l'importance de la destinée typique des populations islamiques (Vérin et Rajaonarimanana, 1991).
<b>Flacourt (1658, réédition 2007)</b>	On peut noter que les origines du <b>jeu</b> sur table, le <i>katra</i> sont de l'Afrique de l'est où ils sont connus comme <i>mancela</i> .

### 2.1.3. Thèses linguistiques

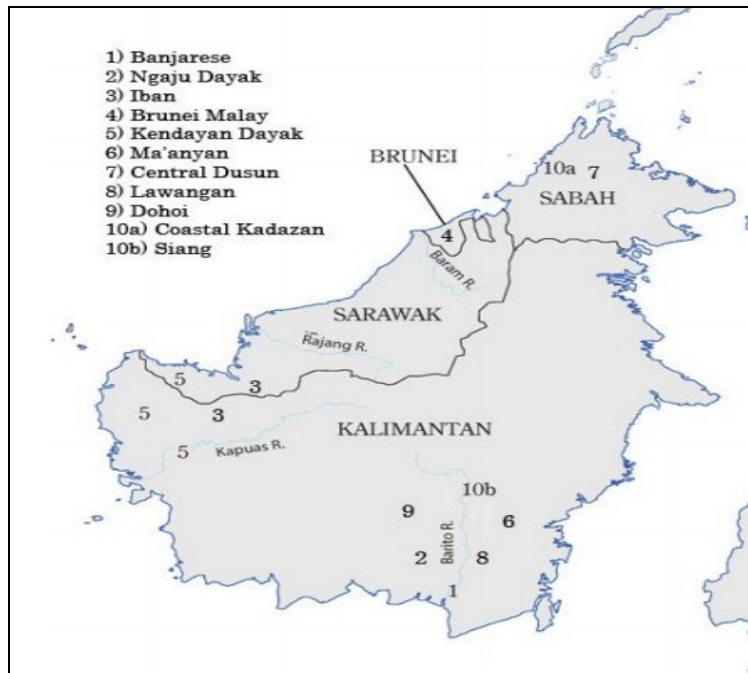
La langue malgache est partagée par tous les habitants de l'île et s'est diffusée en de multiples dialectes. On retrouve le malagasy seulement sur l'île de Madagascar et dans quelques villages des Comores. L'apport de la linguistique dans la question du peuplement de Madagascar remonte au début des recherches sur la question, c'est-à-dire à partir du XVII<sup>e</sup> siècle. Une revue de littérature à partir de 27 différentes études conduites depuis cette époque est présentée dans le tableau 3, et montre l'historique des études sur la question avec un bref aperçu des interprétations et de la méthodologie appliquée.

Les différentes hypothèses semblent se préciser davantage au fil du temps, et celle qui est privilégiée par les linguistes est celle d'un peuplement originaire de l'Asie du Sud-est au niveau du sud de la rivière Barito sur l'île de Bornéo à partir des langues de la branche malayo-polynésienne ouest (*cf.* figure 3 et 4) (F. Van Houtman, 1603; Dahl, 1951; Dyen, 1953; Murdock, 1959; Vérin et al, 1969; Adelaar, 1989, 1995; Reid et Liao, 2004; Blust, 2005; Ross, 2006; Petroni et Serva, 2008, Blust, 2008; Beaujard, 2011; Adelaar et Ritsuko, 2014). Ce seraient les vagues de migrations subséquentes, qui auraient enrichi la langue malgache. Ainsi, une relation avec les langues bantoues (Swahili principalement) sur les côtes nord et du nord-ouest de l'île est aussi mise en évidence par différents auteurs à partir de la fin des années 1990, mais plutôt dans une vision de créolisation, donc d'un apport linguistique déjà présent (Dahl, 1988; 1991; Vérin, 1990; Dewar et Wright, 1993; Simon, 2006; Allibert, 2008). De plus, le malgache au niveau du vocabulaire de la riziculture, aurait aussi été enrichi par la langue indienne (Bernard-Thierry, 1959; Vérin et Wright, 1999; Beaujard, 2003). Cependant, les études des dialectes malgaches sont récentes (Blench, 2008; Serva, 2012; Serva et al, 2012; Adelaar, 2013) et s'orientent vers l'hypothèse d'une diversification de la langue sur place pour les dialectes les plus importants (Merina, Tanala, Betsiléo, Antakarana, Tsimihety et Sakalave). De sorte que ces modifications au niveau des dialectes ne s'expliquent pas forcément par des vagues de migrations différentes, mais plutôt par une évolution sur place, en lien avec les divisions historiques ou culturelles des populations sur le territoire malgache (Adelaar, 2013). Les liens possibles entre la linguistique et les

autres domaines (par ex. génétique) sont donc à interpréter très prudemment, étant donné la diversité marquée des mécanismes évolutifs.



**Figure 3. Carte de la distribution des langues malayo-polynésienne (illustration de Ross, 2008).**



**Figure 4. Carte de la distribution des langues parlées sur l'île de Bornéo (illustration de Blust, 2013).**

**Tableau 3. Les différentes thèses linguistiques relatives à l'origine du peuplement malgache depuis le début du XXe siècle.**

Date	Auteurs	Méthodes, constat et hypothèses défendues
1603	F. Van Houtman <sup>5</sup>	Similarité du malgache et du malais.
1614	Père L. Mariano <sup>6</sup>	Deux langues sur la côte nord-est de Madagascar : l'une swahilie (bantou, Afrique) et l'autre ressemblant au malais.
1864	Van deer Tuuk <sup>7</sup>	Lien entre le malgache et les langues indonésiennes.
1908	Grandidier	Peuplement de l'île de Madagascar à partir d'une filière hindo-austronésienne suivie d'une migration africaine.
1908	Ferrand	Peuplement de l'île d'abord africain suivi par une seconde vague de migration africaine et seulement après migration austronésienne avec des apports perso-arabes.
1951	Dahl	Le malgache est proche du ma'anyan (langue austronésienne au niveau de la rivière Barito au sud-est de l'île de Bornéo)
1953	Dyen	Confirmation de l'hypothèse de Dahl par une analyse de glottochronologie.
1959	Murdock	Confirmation de l'hypothèse de Dahl (1951). Il propose que ce soient les Malais de Bornéo qui se sont établis à Madagascar durant le I <sup>er</sup> siècle av J-C, et auraient formé l'ethnie des Merina.
1959	Bernard-Thierry	Des éléments sanskrits (Indiens) sont retrouvés dans le malgache et auraient transité par l'Asie du sud-est.
1969	Vérin et al	Le ma'anyan est proche à 90 % du vocabulaire malgache.
1988, 1991	Dahl	Lien entre la langue bantoue (Afrique) et le malgache. Il propose une présence initiale d'une population bantoue sur l'île rouge.
1989, 1995	Adelaar	Emprunts et influence du vieux malais et javanais. Présence des langues du sud du Sulawesi dans le malgache. Le ma'anyan est proche d'autres langues du Barito (Bornéo).
1990	Vérin	Créolisation de la langue malgache par le bantou.
1993	Dewar et Wright	Longs contacts avec les langues bantoues.
1999	Vérin et Wright	Les ancêtres indonésiens des Malgaches auraient quitté le sud-est asiatique au même moment que la région a commencé à être sous une influence culturelle indienne c'est-à-dire vers le IV <sup>e</sup> siècle apr. J.-C.
2003	Beaujard	Réévalue les éléments sanskrits du malgache (75 mots) et réaffirme l'hypothèse de Bernard-Thierry (1959). Le vocabulaire ethnobotanique du malgache provient d'emprunts du vieux malais et javanais et des langues du sud du Sulawesi.
2004	Reid et Liao	Analyse de la structure morphosyntaxique du malgache. Découverte d'une origine proche du proto-austronésien avec une structure de type philippin : le malgache serait resté très conservateur avec une influence du malais après l'établissement sur l'île : il y aurait donc eu des contacts de longue durée et une influence du malais dans la langue du sud-est Barito pour expliquer la structure de type philippin.
2005	Blust	Le malgache, les langues du Barito et le sama-bajaw font partie du même groupe linguistique austronésien et la migration des ancêtres malgaches serait en lien avec la dispersion des sama-bajaw aux alentours du VII <sup>e</sup> siècle apr. J.-C.
2006	Ross	Le malgache fait partie de la branche malayo-polynésienne occidentale.
2006	Simon	Le malgache est une langue initialement austronésienne qui a subi une phase de créolisation et de re-lexicalisation.

<sup>5</sup> Cité par Vérin et Wright (1999)

<sup>6</sup> Cité par Vérin et Wright (1999)

<sup>7</sup> Cité par Vérin et al (1969)

		Le proto-malgache serait entré en contact avec une population proto-bantoue autour du I <sup>er</sup> siècle apr. J.-C.
2007	Blench	Évidence de population sur l'île avant l'arrivée des populations du sud-est Barito et du langage bantou. Les candidats les plus probables seraient de type Hazda (chasseurs-cueilleurs de Tanzanie et Somalie).
2008	Petroni et Serva	Séparation du ma'anyan et malgache vers 2650 av. J.-C., l'origine du langage serait multiple (malais et javanais). Les Dayaks, parlant le ma'anyan, auraient été importés comme esclaves sur l'île de Madagascar par des marins malais, qui auraient aussi apporté des esclaves d'autres régions de l'Asie du sud-est.
2008	Allibert	Il y a des emprunts bantous dans la langue malgache à une période plus ou moins récente (pré-swahili ou sous influence swahili).
2008	Blench	Analyse des différents dialectes malgaches, langues austronésiennes avec quelques emprunts bantous (du groupe sabaki, sous famille des langues bantoues de la côte centrale est africaine) pour certains termes spécifiques (nourriture, animaux domestiques, cuisines et entité spirituelle)
2008	Blust	Le malgache fait partie d'un groupe intégrant toutes les langues austronésiennes de l'Asie du sud-est continental, le nord Bornéo et les îles Sunda, mais il n'inclut pas les langues du Sulawesi.
2011	Beaujard	Les premiers migrants malgaches sont originaires du sud-est Barito et sont venus directement de l'Indonésie. Ils seraient par la suite entrés en contact avec les populations bantoues dans les Comores et au nord-est de Madagascar à la fin du I <sup>er</sup> siècle apr. J.-C.
2012	Serva, Serva et al	Il y a une parenté existant entre tous les dialectes malgaches (23). Le malgache est en relation avec le malais et le ma'anyan grâce une approche lexicale. Hypothèse d'un établissement sur la côte sud-est malgache vers 650 apr. J.-C.
2013	Adelaar	Deux grandes divisions des dialectes à Madagascar (central et sud-ouest), division historique contrastée par le fait que ce n'est pas le résultat de vagues de migration, ni l'arrivée de groupes de migrants linguistiquement différents, mais plutôt le résultat d'une évolution locale.
2014	Adelaar et Ritsuko	Reconstruction de pronoms personnels en proto-malgache : ils seraient liés au langage du sud-est du Barito (Bornéo) et de la branche proto malayo-polynésienne.

#### 2.1.4. Thèses génétiques

Les études génétiques ont notablement précisé notre compréhension du peuplement de l'île de Madagascar et confirmé les récentes hypothèses de certains linguistes et anthropologues culturels mentionnées plus haut. Après les débuts se concentrant sur les groupes sanguins ou autres traits (sicklémie, hémoglobine, etc.), les récentes découvertes concernant l'ADN mitochondrial, le polymorphisme du chromosome Y et les haplogroupes ont permis de développer différentes hypothèses sur l'origine des populations peuplant l'île de Madagascar. Les différentes études effectuées avant la fin des années 70, se sont orientées plutôt vers un peuplement originaire d'Afrique. Ce n'est qu'avec l'évolution des techniques en génétique que des éléments ont permis d'attribuer un peuplement plutôt originaire d'Asie (Migot et al, 1995; Soodyall et al, 1996, Rabe et

al, 2002; Linz et al, 2014). À partir des années 2000, une autre hypothèse est envisagée par les différents auteurs (Hurles et al, 2005; Dubut et al, 2009; Ricaut et al, 2009; Tofanelli et al, 2009; Capredon et al, 2012, 2013; Poetsch et al, 2013) : il s’agirait plutôt d’une origine double (africaine et indonésienne) voir multiple (africaine, indonésienne, indienne et arabo-islamique).

Il est intéressant de noter que, grâce aux dernières études génétiques, on peut observer les différences d’origine entre les hommes et les femmes peuplant l’île malgache. En effet, les études sur l’ADNmt (lignée maternelle) indiquent plutôt une origine asiatique (Soodyall et al, 1996; Razafindrazaka et al, 2010; Cox et al, 2012) voire mixte, c’est-à-dire africaine et asiatique (Dubut et al, 2009; Tofanelli et al, 2009; Capredon et al, 2013). Et les études sur le chromosome Y, ont d’abord conclu à une origine double (Asie et Afrique) de la lignée paternelle (Hurles et al, 2005), puis elles ont décelé un apport récent de la lignée d’Européens (Tofannelli et al, 2009). Finalement, une autre étude a décelé un apport arabo-islamique (Capredon et al, 2013). Bien qu’il existe une certaine corrélation entre les résultats des deux lignées (origine double dans les deux cas), les quelques différences observées ici nous donnent des informations sur l’existence d’un flux génique asymétrique selon le sexe. L’origine double (Afrique/Asie) semblerait plus égale pour les hommes que pour les femmes (où l’Asie semble prédominer) ceci pourrait s’expliquer par de nombreux facteurs culturels et démographiques (par ex : composition des vagues migratoires, grande mobilité des hommes), mais difficiles à identifier précisément.

Le tableau 4 résume onze études clés menées à partir des données génétiques de la population malgache.

**Tableau 4. Les différentes thèses génétiques expliquant l’origine du peuplement de l’île de Madagascar par ordre chronologique.**

Dates	Auteurs	Méthodes, constats et hypothèses défendues
1931	Herivaux et Rahoerson	Étude des groupes sanguins sur 273 individus Merina provenant de trois castes différentes (Andriana, Hova et Mainty). Le groupe A est prédominant chez les Merina avec une particularité chez les Hova où les groupes sanguins A, B, AB et O ont à peu près la même fréquence (25%).
1940	David	Étude des groupes sanguins sur 223 individus de populations Mahafaly et du sud de Tuléar. Selon David, le groupe A est d’origine africaine et le groupe B provient de l’Inde et de l’est de Java. Son hypothèse est la présence d’Africain en premier sur l’île (pygmée (Afrique centrale) puis africain (Afrique du Sud-est) et ensuite indonésien).

<b>1954</b>	Saugrain	Étude sur les anomalies des hématies (sicklémie <sup>8</sup> ) chez 1061 individus malgaches. La drépanocytose touche plus les habitants des côtes que les habitants des plateaux.
<b>1956</b>	Gavarrino	Les résultats de la prévalence de la drépanocytose chez 238 Malgaches sont plus élevés sur les hauts plateaux.
<b>1957</b>	Singer et al	Étude de la sicklémie chez 1546 Malgaches. La drépanocytose aurait été introduite sur l'île à partir de l'Afrique et non à partir de l'Inde. Ce sont les Sakalave et les Bara qui sont les plus touchés.
<b>1962</b>	Chabeuf et Zeldine	Étude de la drépanocytose chez 328 individus de la population de l'île Sainte-Marie (île malgache sur la côte est) par rapport aux populations de l'île de Madagascar (Betsimisaraka, Merina et malgaches indéterminés), des Comores, des Bantous, des Javanais, des Mozambicains et des habitants des Moluques (îles de Nouvelle-Guinée) qui regroupent 5809 individus. Le taux drépanocytaire est identique chez les populations de l'île de Sainte-Marie et les habitants des hauts plateaux. Au contraire, les populations de l'île Sainte-Marie ont un taux inférieur aux groupes de la région côtière de l'île de Madagascar. Les hypothèses défendues sont soit un peuplement par une vague de migrants de diverses origines soit un peuplement par des peuples déjà mélangés venant d'Afrique.
<b>1964</b>	Buettner-Janusch J. et V.	Analyse de l'hémoglobine, l'haptoglobine et des transferrines chez 284 individus de différentes ethnies malgaches. Le peuplement proviendrait d'un mélange de populations africaines. Les Merina et les tribus du plateau ne sont pas inclus dans cette hypothèse.
<b>1974</b>	Fourquet et al	Étude de l'hémoglobine S chez 3684 Malgaches. L'hémoglobine S aurait été introduite à Madagascar à partir de l'Inde, les Malgaches seraient le vecteur de la sicklémie en Afrique.
<b>1995</b>	Migot et al	Étude sur les haplotypes HLA (Human Leucocytes Antigen) de classe II à partir de 50 individus des hauts plateaux qui met en évidence un lien particulier entre les Javanais et les Malgaches. Il y aurait eu un faible apport des populations africaines chez les Malgaches.
<b>1996</b>	Hewitt et al	Étude de l'haplotype des $\beta$ -globine (hématologie pathologique donnant la drépanocytose) sur 1425 Malgaches. La drépanocytose se serait diffusée à Madagascar à partir des populations bantoues (Afrique), notamment de l'Afrique centrale ou de l'Est africain, mais pas du Zambèze (Afrique du Sud).
<b>1996</b>	Soodyall et al	Étude sur l'ADNmt <sup>9</sup> de 280 individus malgaches. Les auteurs ont découvert un motif typique à la population polynésienne (Sud-est asiatique et pacifique), la délétion 9-bp. Ce motif très restrictif met en évidence que 70,7 % des Malgaches de l'étude ont une origine asiatique et que 29,3 % ont une origine africaine. Les Sakalave auraient une origine bantoue provenant du Mozambique et les Merina auraient une origine asiatique. De plus, les données concordent avec une origine asiatique au niveau de Bornéo (région de la rivière Barito) des individus malgaches.
<b>2002</b>	Rabe et al	Étude de l'ovalocytose du Sud-est asiatique (SAO) <sup>10</sup> à partir de trois enquêtes conduites sur le plateau malgache qui prouve une origine indonésienne pour les Malgaches de cette région (Individus provenant de 158 écoles primaires et de 150 familles de trois populations différentes de Madagascar).

<sup>8</sup>La sicklémie aussi appelée drépanocytose est une anomalie des hématies (forme de faucille, hémoglobine S) et fut l'une des premières maladies génétiques à être découverte, d'où le nombre impressionnant de travaux effectués depuis les années 1950. Les résultats des études de ces dernières années sont en faveur d'une origine multicentrique à cause de l'existence de la mutation dans des contextes chromosomiques variables, avec quatre grands foyers géographiques de diffusion originels en Afrique (Pagnier et al, 1984; Lapoumroulie et al, 1992) et un foyer de diffusion au niveau de l'Inde et de l'est de l'Arabie Saoudite (Kulozik et al, 1986).

<sup>9</sup> L'ADN mitochondrial (ADNmt) est l'ADN provenant de la lignée maternelle d'un individu.

<sup>10</sup> La SAO est une anomalie génétique caractéristique des populations de Malaisie et de Papouasie-Nouvelle-Guinée.



<b>2005</b>	Hurles et al	Étude à partir du chromosome Y <sup>11</sup> de 362 hommes (provenant de 4 groupes ethniques malgaches différents et de 10 populations ancestrales des îles du Sud-est asiatique et du pacifique) et d'une base de données de séquence d'ADNmt : les auteurs ont mis en évidence une origine double et égale de la population malgache à partir des îles du Sud-est asiatique et de l'Afrique de l'Est). De plus, les auteurs avancent l'hypothèse d'une origine de la lignée paternelle asiatique au niveau de Bornéo.
<b>2009</b>	Dubut et al	Le séquençage complet de l'ADNmt de 3 individus malgaches pour les haplogroupes M23 et M46 a suggéré une origine multiple de la population malgache (africaine, indonésienne et indienne).
<b>2009</b>	Ricaud et al	Découverte d'une nouvelle branche du macrohaplogroupe M <sup>12</sup> , l'haplogroupe M23 qui a une distribution limitée à Madagascar et à quelques groupes africains et du Sud-est asiatique à partir de l'étude de l'ADNmt de 266 individus malgaches.
<b>2009</b>	Tofanelli et al	L'étude de l'ADNmt et des marqueurs ADN du chromosome Y de 133 individus malgaches (des hauts plateaux et de la côte) ont confirmé que les Malgaches seraient le résultat d'un mélange entre les populations d'Afrique et du Sud-est asiatique avec une contribution récente d'hommes européens. De plus, le modèle de diffusion des lignées uniparentales serait compatible avec au moins deux événements : un mélange primaire des individus proto-malais avec des locuteurs bantous ayant un haplotype typiquement du centre-ouest africain, suivi par un flux secondaire de locuteurs bantous provenant du sud, principalement des hommes établis sur les côtes malgaches <sup>13</sup> .
<b>2010</b>	Razafindra zaka et al	L'étude de l'ADNmt de 266 individus provenant de 3 groupes ethniques de Madagascar (Mikea, Vézo et Merina) a révélé une nouvelle variante du motif polynésien à Madagascar <sup>14</sup> . Les auteurs pensent que l'établissement initial s'est fait à partir d'un petit nombre d'individus qui sont arrivés à partir d'un même processus de migration.
<b>2012</b>	Capredon et al	Étude des marqueurs allotypiques (système Gm) des immunoglobulines d'Antemoro (Ethnies du sud-est de Madagascar) (N=85), de deux populations malgaches (N=82 et N=50) et d'une population des Comores. Homogénéité des Antemoro avec autre population de la côte sud-ouest et contribution génétique d'Afrique et du Sud-est asiatique/ Océanie dans le sud de Madagascar.
<b>2012</b>	Cox et al	Étude de comparaison de l'ADNmt et plus particulièrement du motif malgache. Un échantillon de 2745 individus indonésien est comparé aux 266 individus malgaches. Le scénario privilégié pour le premier peuplement de l'île est l'arrivée il y a 1200 ans d'un petit groupe de femmes indonésiennes (environ 30).
<b>2013</b>	Capredon et al	L'étude des lignées maternelles (ADNmt) de 129 Antemoro et des lignées paternelles (Ch. Y) de 135 Antemoro a permis de découvrir que la majeure partie de l'origine génétique des Antemoro (peuple sur la côte est de Madagascar) vient de l'Afrique subsaharienne et du Sud-est asiatique. Cependant, deux haplogroupes spécifiquement liés à des origines du Moyen-Orient au niveau de certains des chromosomes Y ont aussi été mis en évidence, ce qui indiquerait un apport d'une population arabo-islamique au niveau du peuplement de l'île malgache.
<b>2013</b>	Poetsch et al	L'utilisation de trois méthodes génétiques par rapport à l'origine d'une population (ADNmt, ch. Y et SNPs <sup>15</sup> ) sur 168 individus malgaches a permis

<sup>11</sup> Le chromosome Y permet de déterminer la lignée paternelle d'un individu.

<sup>12</sup> L'étude de l'ADNmt a permis de déterminer les racines de l'arbre phylogénétique de l'homme (le macrohaplogroupe L) qui représente le plus ancien lignage mitochondrial des humains en Afrique. Le macrohaplogroupe M a évolué à partir de la branche L3, une branche qui a quitté l'Afrique.

<sup>13</sup> L'origine des locuteurs bantouphones n'a pas pu être déterminée lors de cette étude génétique (sud-est ou centre-est de l'Afrique).

<sup>14</sup> Appelé motif malgache.

<sup>15</sup> SNPs (autosomal single-nucleotide polymorphisms): polymorphisme autosomale d'un seul nucléotide.

		d'arriver à plusieurs conclusions. L'analyse SNPs indique un héritage africain dominant et la prédominance d'une origine asiatique pour les populations des hauts plateaux n'a pas pu être confirmée à partir de ces trois méthodes.
2014	Linz et al	Analyse de l'histoire de l'établissement génétique d'une bactérie ( <i>Helicobacter Pylori</i> <sup>16</sup> ) chez 78 individus sénégalais et 24 individus malgaches. La distribution de la bactérie correspond à la distribution des migrations bantoues au niveau de l'Afrique. Au niveau de Madagascar l'hypothèse défendue est que la concurrence de la souche et le remplacement des marqueurs hspMaori spécifiques à la population austronésienne, par des souches hpAfrica1 provenant des migrants bantous est la raison probable de la présence de souches hspSAfrica chez les Malgaches originaires du Sud-est asiatique.

Les différentes études présentées ici ont été élaborées sur la base d'un échantillonnage restreint, en matière de nombre d'individus et de représentation de la diversité malgache. En effet, on peut remarquer que la plupart des échantillons comportent tout au plus deux ou trois ethnies différentes, ou bien ce sont des groupes de populations pris dans des régions bien spécifiques de l'île comme les plateaux, les hautes terres ou la côte. On remarque ainsi que le nord-ouest de l'île est oublié dans les études génétiques. La plupart des études génétiques se limitent à certaines populations et ne peuvent donc pas englober toute la diversité de l'île. Ces éléments mettent donc en exergue les limites des différentes études génétiques par rapport à l'échantillonnage de base des groupes.

La génétique a donc permis de formuler de multiples hypothèses sur l'origine du peuplement de l'île et de les préciser en fonction de plusieurs paramètres (ex. région, sexe). Actuellement, une origine mixte (Afrique et Asie au moins) est privilégiée, car il est difficile d'arriver à un consensus unique sur la question. En effet, la composante prédominante varie trop en fonction de la région et du sexe, et de nombreuses questions restent en suspens sur le métissage local entre groupes.

#### 2.1.5. L'apport des données phénotypiques par rapport à l'origine géographique des individus malgaches

Actuellement, la bioarchéologie regroupe la multiplicité des approches de l'ancienne anthropologie physique, mais avec une vision renouvelée. Les thèmes abordés par la bioarchéologie sont souvent de type identitaire (santé, alimentation, statut social, origine et la problématique des migrations à l'échelle d'un groupe) à partir des restes humains

<sup>16</sup> Bactérie qui donne une infection de l'estomac.

des populations passées (Jurmain et Nelson, 1994; Knudson et Stojanowski, 2008). Les données phénotypiques regroupent les données apparentes (visibles macroscopiquement) d'un individu qui correspondent à la réalisation de son génotype. On retrouve dans ce concept la morphologie des structures osseuses au niveau crânien et postcrânien, ainsi que divers traits liés aux tissus mous (couleur de la peau, type des cheveux) (Mays, 2000 et Rees, 2003). Cependant, la corrélation entre génotype et phénotype n'est pas toujours vérifiée, étant donné l'impact variable de divers facteurs difficilement isolables (ex : sélection). En effet, la plus grande part de la variation est expliquée par les processus d'isolement par distance, c'est-à-dire un flux génique décroissant avec une distance géographique qui augmente (Harvati et Weaver, 2006 ; Relethford, 2004, 2008 ; Roseman, 2004 ; Cavalli-Sforza et al, 1994). Cependant, il est difficile d'identifier toutes les causes de la variation, car d'autres variables peuvent entrer en compte tels que : le dimorphisme sexuel, l'influence du milieu écologique/culturel, l'asymétrie dans les flux géniques ou les unions endogames ou exogames (Stefan, 1999; Froment, 2002). La craniométrie actuelle utilisée grâce à une approche multivariée est capable d'analyser de façon très détaillée les variations morphologiques (taille et forme) à diverses échelles (intra- et inter-groupe), et ainsi de confronter ses résultats avec divers modèles de peuplements (Hanihara, 1991; Manica et al, 2007). Les analyses de bio-distances, issues en particulier de la génétique des populations, permettent d'explorer la structure des populations (affinités, degré d'hétérogénéité) et de reconstruire les flux géniques passés ou l'histoire d'une population (Relethford, 1996).

#### 2.1.5.1. Observer et interpréter la variation intra et inter-groupe

Il existe une certaine diversité humaine entre les populations bien qu'elle soit relativement faible (Jorde et al, 2000). En effet les populations, c'est-à-dire un groupe d'individus partageant des caractères communs, sont différentes les unes des autres. On parle ici de caractères polymorphiques<sup>17</sup>, ce qui explique la variabilité existante au sein de l'espèce humaine. Les découvertes réalisées grâce à la génétique des populations sont tout aussi transposables à la craniométrie (Relethford et Harpending, 1994; Roseman,

---

<sup>17</sup> Le polymorphisme est défini comme un locus génétique possédant plusieurs allèles retrouvés avec une certaine fréquence dans la population générale (Jurmain et Nelson, 1994 : 125; Cau et Seïte, 2007 : 575).

2004; Harvati et Weaver, 2006), puisqu'elles délivrent les mêmes estimations avec des marqueurs génétiques neutres<sup>18</sup>.

La définition d'une population lors d'une étude bio-anthropologique, reste toujours complexe à établir, car cette notion reflète des facteurs géographiques, écologiques et/ou sociaux (Jurmain et Nelson, 1994 : 123). C'est généralement le modèle géographique qui est utilisé pour regrouper des individus, puisque les phénotypes et les variations génétiques montrent une relation similaire avec la géographie (Bamshad et al, 2004). Cependant, cet exercice «classificatoire» reste difficile à réaliser, car, on sait depuis longtemps déjà qu'une grande partie de la variation rencontrée chez les groupes humains modernes est retrouvée au niveau intra-populationnel et non au niveau inter-populationnel. Lewontin, en 1972, a montré que la diversité entre groupes est estimée à 15% en utilisant le polymorphisme des protéines. De nombreuses études avec les mêmes résultats ont été menées sur différents sujets d'analyse comme les groupes sanguins (Livshits et Nei, 1990), la craniométrie (Froment, 1992 ; Relethford et Harpending, 2004), l'ADNmt (Merriwether et al, 1991), le chromosome Y (Hammer et al, 1998) ou le polymorphisme autosomal (Bowcock et al, 1991 ; Batzer et al, 1994 ; Deka et al, 1995 ; Jorde et al, 1995 ; Barbujani et al 1997, Stoneking et al, 1997). Ainsi, la majeure partie de la variation biologique humaine existe à l'intérieur des populations dites locales (unité de base, délimitée spatialement le plus précisément possible)<sup>19</sup>. Cependant, Jorde et al (2000) ont aussi réussi à démontrer génétiquement qu'il existe moins de variation entre les populations au sein des continents qu'entre les continents. La variation (génétique et phénotypique) semble donc limitée entre les grandes régions géographiques, ce qui reflèterait un équilibre entre flux génique et dérive génique selon Relethford (1994).

#### 2.1.5.2. La bioarchéologie humaine, une discipline peu utilisée dans l'étude du premier peuplement de Madagascar

Les ossements humains sont le point de départ de nombreuses études bioarchéologiques (ex. génétiques, pathologiques, nutritionnels, métriques). Ainsi, l'ostéologie humaine permet de nous renseigner sur le sexe, l'âge, la stature, l'origine

---

<sup>18</sup> Les marqueurs génétiques neutres réfèrent à un gène (ou à un locus) qui n'induit (presque) pas d'effet sur les aptitudes de celui-ci (Holderegger et al, 2006 :798).

<sup>19</sup> L'estimation est de 83,8 % avec plus ou moins 2,8 % d'intervalle (Latter, 1980).

géographique approximative, les accidents, les maladies et encore de nombreuses autres informations (ex. d'ordre culturel, démographique). En effet, les preuves biologiques du passé sont le plus souvent des ossements et des dents : des parties calcifiées qui résistent le mieux au temps et à la dégradation naturelle (Jurmain et Nelson, 1994).

La morphologie crânienne (craniométrie) constitue un outil supplémentaire au service de la génétique pour aider à déchiffrer l'histoire des populations (Harvati et Weaver, 2006). Au sein de cette discipline, la question de la variation intra- et inter-populationnelle est un des aspects, qui est le plus souvent étudié (Giles et Elliot, 1962; Howells, 1973, 1989, 1995 ; Krogman et Isçan, 1986 ; Ubelaker, 1989). En effet, il est possible d'inférer les relations biologiques entre groupes humains, notamment en déterminant les origines ou affinités des différents groupes descendants modernes, mais aussi en créant des modèles de dispersion pour ces groupes (Mays, 2000 : 279). Bien que la démarche soit discutable, puisqu'on infère le passé en comparant avec le présent, elle est souvent utilisée ou réadaptée avec des échantillons comparatifs les plus proches possible de ceux qui sont sous étude (Relethford, 1996; Stojanowski et Schillaci, 2006; Knudson et Stojanowski, 2008).

De nombreux travaux de morphométrie ont permis de montrer que les variations entre les humains « modernes » sont géographiquement « structurées », c'est-à-dire qu'elles sont corrélées aux distances géographiques (Harvati et Weaver, 2006; Relethford, 2004, 2009; Roseman, 2004). À partir des gènes, on peut retracer l'ancestralité d'une population en les rapprochant d'un ancêtre commun (Hudson, 1990; Barton et Wilson, 1995). Cependant, cette théorie de la coalescence des lignées génétiques fait l'objet d'une redéfinition afin d'intégrer la dérive génétique (Charlesworth et al, 2003), car elle ne prend pas en compte la structure de la population, les recombinaisons et les flux géniques ainsi que la sélection naturelle (Harpending et Rogers, 2000). En effet, il est essentiel de tenir compte des fluctuations dans la structure d'une population (ex. migration, évitement de la consanguinité, dérive génétique, goulot d'étranglement, sélection d'une mutation favorable), car suite à ces phénomènes, la variabilité génétique et morphologique peut être réduite (Relethford, 1992; Harpending et Rogers, 2000).

Selon Relethford (2009), le fait que la variation morphologique est corrélée à la géographie nous permet de prédire avec une précision relative une origine, lors de la comparaison de crânes provenant de différentes parties du monde. Par ailleurs, les mesures craniométriques comparativement aux marqueurs ADN, fournissent un modèle similaire de relation populationnelle, c'est-à-dire que les distances géographiques, génétiques et phénotypiques sont corrélées de manière générale (Relethford et Harpending, 1994; Froment, 1998; Roseman, 2004, Bamshad et al, 2004).

Néanmoins, il est important de préciser qu'il existe différentes approches utilisées en craniométrie par rapport à la recherche de l'ancestralité. Pour l'anthropologie médico-légale, la détermination de l'origine géographique ou ethnique d'un individu (dont l'identité est primordiale pour la police) est l'objectif central, et cela se réalise à partir des gènes et aussi des ossements (crâniens et postcrâniens) grâce à l'anthroposcopie<sup>20</sup> et l'ostéométrie<sup>21</sup> (Byers, 2008; Sauer et Wankmiller, 2009). En bioarchéologie, les méthodes ostéologiques sont plus ou moins similaires, mais l'objectif central repose plus souvent sur la compréhension de la variation au sein d'un groupe, puisque les découvertes sont aussi d'un autre type (ex. cimetière ancien). Dans ce cas, l'approche dite «*population specific*» (Buikstra, 1977; Pietrusewsky, 2000; Stojanowski et Schillaci, 2006) est bâtie à partir d'une banque de données appropriée (la plus proche possible spatio-temporellement) au matériel étudié et aux questions posées. Bien que ce type d'approche soit difficile à appliquer (ex. manque de collections archéologiques comparatives par rapport à l'abondance des collections subactuelles), elle est utilisée dans la mesure du possible par les anthropologues dans le cadre d'études portant sur l'origine des peuplements humains en Asie (Hanihara et al, 2009), en Amérique (Neves et al, 2005; Kemp et al, 2007), en Europe (Nehlich et al, 2009) et même en Afrique (Buzon et al, 2012).

En ce qui concerne Madagascar, deux études seulement (Chamla, 1958; Chippaux, 1968) furent réalisées à partir d'ossements provenant de populations historiques (XIX<sup>e</sup> et XX<sup>e</sup> siècle). La première fut réalisée par Chamla en 1958. L'auteure utilisa 275 crânes de différentes ethnies malgaches, afin de faire une comparaison avec 462 crânes provenant

---

<sup>20</sup> Il s'agit d'observer visuellement les différences entre les différents groupes ethniques existants.

<sup>21</sup> L'ostéométrie utilise les méthodes métriques pour tenter de rapprocher l'individu d'un groupe ethnique particulier. Cependant, la méthode pose problème par rapport aux populations de référence des collections (Giles et Eliot, 1962; Bruzek et Murail, 2006).

de populations d'Afrique du Sud (Zoulou, Angonni du lac Nyassa), et d'Afrique de l'Est (groupes côtiers du Mozambique) et de la Polynésie (côte Nord et Sud de la Nouvelle-Guinée et de la Nouvelle-Calédonie). Elle utilisa aussi diverses données somatologiques ou phénétiques (ex. mesures corporelles, couleurs de peau, texture des cheveux, forme des lèvres) et génétiques (groupes sanguins). En constatant de nombreuses similarités surtout entre les Malgaches et les Africains à partir de statistiques univariées (ex. indices du crâne et de la face, similarité et différences entre groupes), Chamla en conclut que l'origine première du peuplement proviendrait d'Afrique et que ce peuplement fut complété ensuite par des apports indonésiens. Chippaux, en 1968, réalisa une seconde étude analytique de quelques crânes malgaches (20) de la région de Bekopaka et des hauts plateaux. Cette étude de petite envergure est très limitée au niveau des résultats obtenus (ex. analyses univariées de mesures sous forme d'indices crâniens), et elle tente de déterminer les ethnies d'origine des vingt individus au sein de l'île malgache. La question de l'origine du peuplement de l'île n'est même pas examinée dans cette étude, et dans les deux cas (Chamla, 1958; Chippaux, 1968), l'approche univariée des années 60 restait statistiquement très incomplète et limitée.

Depuis cette époque, aucune étude morphométrique ne s'est penchée récemment sur la question du peuplement malgache. Par ailleurs que ce soit pour l'Afrique ou à l'échelle planétaire au sens large, les approches craniométriques se sont renouvelées avec l'analyse multivariée (ex. distances, probabilités) et la volonté de confronter les résultats avec la génétique (ex. Howells, 1989; Froment, 2002; Ribot, 2003, 2004; Knudson et Stojanowski, 2008; Franklin et al, 2010; Ribot, 2011) (voir chapitre 1). Quelle que soit l'approche utilisée (ex. craniométrie traditionnelle, morphométrie géométrique), l'utilisation des statistiques multivariées a permis de mieux comprendre la variation phénotypique, en termes de bio-distances, en relation avec le contexte des populations étudiées (ex. géographie, histoire). Ces analyses dites de bio-distances sont devenues à l'heure actuelle un outil complémentaire à la génétique pour examiner les relations phylogénétiques entre les différentes populations à partir des données phénotypiques. Ceci est le cas surtout pour la méthode de Relethford et Blangero (1990) issue de la génétique des populations, et utilisée couramment en bioarchéologie méso-américaine et sud-américaine mais pas encore en bioarchéologie africaine (ex. Stojanowski, 2004;

Nystrom, 2006). En effet, c'est à partir des années 80, que les chercheurs se sont interrogés sur l'intégration des données génétiques avec les données phénotypiques (William-Blangero et Blangero, 1989; Relethford et Blangero, 1990; Relethford et Harpending, 1994; Relethford et al, 1997; Relethford, 2003). Ainsi, Relethford et Blangero (1990) ont développé à partir de la méthode de Harpending et Ward (1982) basée sur des données génétiques actuelles, une approche applicable aux données phénotypiques avec la possibilité de faire varier le degré d'héritabilité des variables étudiées. Par rapport aux autres approches craniométriques, elles permettent de détecter des différences éventuelles dans les flux géniques à partir de la variabilité des marqueurs phénotypiques.

Au départ, la méthode de Relethford-Blangero est basée sur l'hypothèse qu'il existe une relation linéaire entre les moyennes de la variation intra-populationnelle et les distances par rapport au centroïde régional de chaque population étudiée (Justice et al, 2010). Codifiée dans un logiciel statistique (R matrix from MEtric Traits ou RMET), cette approche compare en effet la variation intra-populationnelle observée avec une variation intra-populationnelle attendue, qui se base sur les distances de chaque population au centroïde<sup>22</sup> régional et à la variance moyenne intra-populationnelle (Relethford et al, 1997; Relethford, 2003; Justice et al, 2010). Ainsi, les déviations au modèle permettent de créer les matrices R de distances inter-groupes. Ces dernières issues des variations phénotypiques permettent d'analyser la structure des populations au sein d'une région ou d'un cimetière (ex. degré d'hétérogénéité, flux génique extra-local, dérive).

Cette approche bien que très détaillée au niveau de l'échelle d'analyse n'a pas totalement remplacé les précédentes. En effet, initialement appliquée sur des populations contemporaines uniquement, elle nécessite le respect de certaines conditions dans le cas de populations archéologiques (ex. contemporanéité approximative, réseau régional bien circonscrit pour les échanges de gènes, durée et variation spatio-temporelle similaire) (Knudson et Stojanowski, 2008).

---

<sup>22</sup> Position moyenne de tous les points.



Ce bref aperçu des méthodes d'analyse en craniométrie nous a permis d'exposer l'évolution des approches et de montrer les avantages et limites de chacune. L'objectif n'est plus uniquement d'identifier un individu ou une migration, mais aussi de comprendre l'aspect micro-évolutif d'une ou des populations dans une région et un temps donné en fonction de divers processus (ex. métissages, isolement).

## **2.2. Objectifs de recherche**

Concernant la problématique du peuplement malgache, la profusion d'hypothèses formulées par les différents chercheurs tant en linguistique qu'en génétique a généré des études qui se contredisent parfois. En effet, les auteurs se penchent toujours sur l'origine de l'apport prédominant pour les populations sur l'île malgache (Dahl, 1951; Adelaar 1989, 1995, 2005 et 2009, Hurles et al, 2005; Ross, 2006; Soodyall et al 2006; Blench, 2008 et 2010; Allibert, 2008; Tofanelli et al, 2009; Razafindrazaka et al, 2010; Blust, 2013; Boivin et al, 2013; Dewar, 2014). La réponse à cette question complexe est souvent nuancée, les travaux des différents chercheurs s'orientant vers un modèle de peuplement composé d'origines multiples (asiatique, africaine, indienne et arabe) organisées en diverses strates au cours du temps (Dahl, 1988 et 1991; Soodyall et al, 1996; Hurles et al, 2005; Simon, 2006; Allibert, 2008; Blench, 2008; Dubut et al, 2009; Tofanelli et al, 2009; Beaujard, 2011; Capredon et al, 2013). Néanmoins, il reste encore à explorer d'autres disciplines ou d'autres objets d'étude, tels que les données phénotypiques. L'apport des données de la craniométrie nous permettant par ailleurs de tester les modèles de peuplement déjà proposés et de confronter le phénotype au génotype.

Dans une démarche comportant deux étapes, nous essaierons d'extraire des informations sur l'origine du peuplement, en observant les variations intra- et inter-populationnelles existantes au sein de l'île rouge, en fonction de divers aspects (ex. régions, ethnies, affiliations linguistiques (phase 1)). En effet, est-ce que la variation actuelle ou subactuelle au sein de la population de l'île de Madagascar montre des différences selon le niveau d'analyse utilisé ? La géographie, est-elle à l'origine de cette variation, et reflète-t-elle les diverses vagues de migration d'est (Asie) en ouest (Afrique) (phase 2)? De plus, de quels groupes comparatifs, les Malgaches se rapprochent-ils le plus ? Ces questions clés testeront les hypothèses d'origines multiples et de

prédominance asiatique ou africaine. Enfin, nous examinerons les problématiques liées à la méthodologie employée.

La progression de notre recherche s'ordonnera de la manière suivante :

➤ **Dans une première phase**, la variation morphologique sera évaluée au sein de l'île de Madagascar, afin de comprendre comment elle s'est «structurée».

**Premièrement, nous nous interrogerons sur les ethnies malgaches :**

### **1. Les diverses ethnies sont-elles significativement différentes entre elles ?**

De multiples indices en linguistique et en génétique nous accréditent l'hypothèse que les variations entre les ethnies malgaches ne seraient pas significatives. En effet, le malgache est la langue nationale, et elle est distribuée à travers tout le pays en se déclinant en différents dialectes ayant tous une même parenté (Serva et al, 2012). La diversification de la langue s'est effectuée sur place selon Adelaar (2013). Cette hypothèse d'homogénéité linguistique n'est pas forcément le reflet de la diversité biologique, puisque les langues et les gènes n'évoluent pas forcément en accord. Cette théorie entre donc en contradiction avec les différentes études développées au niveau génétique et citées plus haut. Cependant certaines études génétiques (Buettner-Janusch J. et V., 1964; Fourquet et al, 1974; Hewitt et al, 1996; Hurles et al, 2005; Dubut et al, 2009) considèrent plutôt le groupe malgache comme un groupe relativement homogène. On peut donc avancer l'hypothèse que si aucune différence ethnique au sein de l'île malgache n'est décelée au niveau craniométrique, ce constat pourrait s'expliquer par le fait que les groupes se sont déplacés au sein de l'île et se sont métissés avec d'autres, ou que la majorité des groupes qui sont arrivés sont malgré tout assez similaires entre eux.

**Cependant si le premier objectif nous montre une différence, nous tenterons de déterminer les possibles facteurs de cette variations inter- et intra-ethnique par l'hypothèse suivante :**

**2. Si les ethnies sont significativement différentes, ces différences sont-elles corrélées à divers facteurs tels que (A) le sexe (B) la géographie de l'île (C) l'histoire du peuplement ou (D) la diversité ethno-linguistique ?**

Par exemple, le facteur A peut être considéré comme source de variation inter- et intra-ethnique. En effet, la façon dont sont distribuées les unions par rapport à chaque

sexe peut être un facteur explicatif. Les différentes études en génétique évoquées dans le tableau 4 (p.16) attribuent une origine différente selon la localisation des populations et la lignée parentale. En effet, les populations des hauts plateaux (Merina, Bara) auraient principalement une origine indonésienne (Migot et al, 1995; Rabe et al, 2002), et secondairement une origine plutôt africaine pour la lignée paternelle et une origine indonésienne pour la lignée maternelle (Tofanelli et al, 2009; Cox et al, 2012). Les Sakalave, quant à eux, auraient une origine mozambicaine au niveau de la lignée maternelle (Soodyall et al, 1996). Si cette différence est visible au niveau génétique, on doit donc pouvoir retrouver cette différence au niveau des données phénotypiques ou craniométriques.

La géographie de l'île ou le facteur B, explique le fait que les ethnies situées sur la côte est et sur la côte ouest sont très différentes au niveau du mode de subsistance prédominant, cependant l'histoire du peuplement ou le facteur C est aussi intimement intriqué puisque cela reflète peut-être des vagues de migrations différentes ? L'agriculture et la culture du riz sont les éléments principaux sur la côte est (reflétant les habitudes des peuples asiatiques), alors que l'élevage et la pêche sont les modes de subsistance employés sur la côte ouest, les plateaux et le sud (reflétant les habitudes de peuples divers, autant africain qu'asiatique) (Murdock, 1959; Kottak, 1971; Hewitt et al, 1996). La géographie de l'île et les vagues migratoires seraient donc des éléments explicatifs (mais difficiles à séparer) de la variation phénotypique, car, le relief et le climat des zones privilégient un mode de subsistance plutôt qu'un autre.

Finalement, le facteur D ou la diversité linguistique est aussi un indice de la variation biologique, mais il est à prendre avec prudence, car les mécanismes évolutifs sont totalement différents (ex. acculturation linguistique, évolutions locales rapides). Par exemple, on peut ainsi remarquer qu'une grande division entre les dialectes malgaches existe au niveau du sud-ouest de l'île et des plateaux (Adelaar, 2013), mais cette différenciation s'explique par une évolution de la langue sur place. Un élément de réponse serait le fait que les grands royaumes, Bara ou Merina par exemple, étaient situés sur les plateaux et que ces groupes étaient séparés du reste de l'île, avec notamment la présence de différentes castes (Tofanelli et al, 2009).

➤ **Dans une seconde phase**, nous examinerons la variation morphologique malgache par rapport aux autres populations sélectionnées pour comparaison, afin de tester l'origine possible des groupes ancestraux qui ont peuplé Madagascar en quantité prédominante et/ou moindre.

**Le troisième objectif de notre recherche est de vérifier l'hypothèse principale émise par deux autres disciplines :**

**3. Est-ce que les résultats de notre recherche vont conforter l'hypothèse principale émise en linguistique et en génétique, suggérant une origine à prédominance indonésienne de la population malgache ?**

Si cette hypothèse est vérifiée par les données craniométriques nous pourrions conforter les résultats de plusieurs études sur le sujet (Dahl, 1951; Vérin et Wright, 1999; Soodyall et al, 1996; Rabe et al, 2002; Simon, 2006; Petroni et Serva, 2008; Ricaut et al, 2009; Beaujard, 2011; Cox et al, 2012 Adelaar et Ritsuko, 2014).

En effet, au niveau linguistique, les auteurs sont tous d'accords avec une origine indonésienne de la langue malgache, suivie par une créolisation et une re-lexicalisation de la langue et des apports de langues bantoues (et d'autres dans de moindres proportions) (ex. Dahl, 1988; 1991; Vérin, 1992; Dewar et Wright, 1993; Simon, 2006; Allibert, 2008). De plus, les données linguistiques nous indiquent plus précisément l'origine de la langue : une région située au sud de l'île de Bornéo. Si nous identifions, un rapprochement avec les données indonésiennes et plus particulièrement les éléments de Bornéo, nous pourrions alors suivre le raisonnement émis par les linguistes.

Au niveau de la génétique, nous pourrions déterminer si les hypothèses de Migot et al (1995), Soodyall et al (1996), Rabe et al (2002) et Linz et al (2014) et dans une moindre mesure par ceux défendant une origine double ou multiple (Hurles et al, 2005; Dubut et al, 2009; Ricaut et al, 2009; Tofanelli et al, 2009; Capredon et al, 2012, 2013; Poetsch et al, 2013) se recoupent avec nos données phénotypiques.

**4. Si la prédominance indonésienne n'est pas prouvée, quelles autres régions géographiques peuvent être à l'origine du peuplement de l'île et dans quelles proportions ?**

Ce sont les hypothèses émises en génétique portant sur les origines doubles ou multiples qui seront de préférence utilisées pour étayer notre étude (Hurles et al, 2005;

Dubut et al, 2009; Ricaut et al, 2009; Tofanelli et al, 2009; Capredon et al, 2012, 2013; Poetsch et al, 2013). Nous examinerons donc dans quelles proportions les données craniométriques peuvent se recouper avec telles ou telles hypothèses génétiques.

➤ **Finalement**, nous aborderons une question méthodologique;

**Ainsi, le quatrième objectif porte sur l'utilisation de l'analyse RMET :**

**Est-ce que l'analyse de la matrice R (RMET) apporte plus de précisions sur les distances géographiques par rapport aux analyses multivariées au niveau de la question du peuplement malgache ?**

L'approche utilisant la matrice R aura l'avantage de nous renseigner à partir des données phénotypiques sur des paramètres génétiques (ex. hétérogénéité, flux géniques et dérive) de la population étudiée (Relethford et Blangero, 1990; Relethford, 2002), ce que les analyses multivariées classiques ne permettent pas. Cependant, cette approche a été initialement développée pour des populations contemporaines pour lesquelles l'héritabilité et la taille de la population sont connues. Elle peut néanmoins être appliquée aux populations subactuelles et même archéologiques dans une certaine mesure. Notre tâche sera donc de tester cette démarche en parallèle à l'approche classique de la craniométrie utilisant les analyses statistiques multivariées non basées sur des modèles génétiques.

## **Chapitre 3 : Matériels et méthodes**

### **3.1. Description du corpus de données**

Nous allons décrire dans cette première section le corpus de données que nous avons examiné au cours de notre collecte de données. La collecte de données a été effectuée sur deux périodes. La première fut réalisée durant l'hiver 2013 et la seconde durant l'été 2014. Toutes deux ont été menées au Musée de l'Homme de Paris (Muséum National d'Histoire Naturelle). Nous avons travaillé sur la collection d'anthropologie physique du musée, d'où nous avons extrait un échantillon de 555 crânes. Cet échantillon représente 32 % des données de notre analyse exploratoire. Notre étude s'est concentrée uniquement sur les crânes humains dont le pays d'origine était connu. Les crânes proviennent de collections rassemblées durant la fin du XIX<sup>e</sup> siècle et le début du XX<sup>e</sup> siècle. Les populations sont donc considérées comme « modernes ». Ces différentes collections ont été réunies par le musée tout au long du XX<sup>e</sup> siècle. Nous avons utilisé uniquement le crâne et non la mandibule.

Par la suite, nous décrivons les données comparatives provenant des données compilées. Afin d'élargir notre échantillon de données comparatives au niveau des mesures traditionnelles, nous avons ajouté 1198 individus à ce premier échantillon de données collectées au musée. Ce qui représente 68% des données de notre étude. Le tableau 5 synthétise les données utilisées lors de cette étude.

Les différentes régions géographiques représentées dans l'étude furent sélectionnées en tenant compte des différentes hypothèses linguistiques et génétiques présentées précédemment (continents et régions impliquées dans le peuplement de Madagascar). Nous avons donc effectué plusieurs regroupements tant au niveau de l'île malgache qu'au niveau des différentes données de comparaisons. Ces regroupements nous ont permis d'avoir une représentabilité des groupes plus importante ( $N \geq 30$ ) et de pouvoir effectuer des comparaisons sur des échantillons ayant un nombre d'individus plus important. Les différents regroupements sont présentés dans le tableau 6 (p.33).

Nous avons effectué des regroupements géographiques au niveau des pays de comparaison. Ainsi, nous avons constitué un regroupement en continents (Asie et

Afrique), puis en sous-continent. En ce qui concerne le continent asiatique, nous avons réuni les pays du sous-continent indien (Inde et Sri Lanka), de la partie nord de l'Asie du Sud-est (Andaman, Birmanie, Cambodge, Laos, Thaïlande et Vietnam) et de la partie sud de l'Asie du Sud-est (Bornéo, Indonésie, Java, Malaisie, Nouvelle-Guinée et Philippines). Et finalement, pour ce qui est de l'Afrique, nous avons regroupé les pays en deux groupes ; le sud de la côte est de l'Afrique (Afrique du Sud et Mozambique) et le nord de la côte est de l'Afrique (Éthiopie, Kenya, Rwanda, Somalie et Tanzanie).

Pour l'île de Madagascar, nous avons regroupé les ethnies en 4 catégories par rapport à la localisation géographique et à différentes données d'ordre historique et ethnographique. Un regroupement simplement basé sur l'ethnie d'appartenance étant impossible vue de la taille de certains échantillons, nous avons regroupé certaines ethnies à partir de plusieurs facteurs de ressemblance. Ainsi, le groupement **nord-est** composé seulement de l'ethnie des Antakarana. En effet, cette ethnie est située sur un carrefour de migration important au nord-ouest de l'île, mais au fil du temps, ce groupement s'est affirmé comme une ethnie à part entière avec ses spécificités culturelles mêlant culture islamique et africaine (Live, 2003). Le groupement **côte est, sud-est et sud**, rassemble des individus de multiples ethnies, certaines plus importantes que d'autres. On retrouve ainsi les Betsimisaraka, les Bezanozano, les Sihanaka, les Antanosy, Antefasy et les Tanala. Les différents groupes ethniques rassemblés ici sont très hétérogènes au niveau historique et culturel. Cependant, il est important de noter que c'est sur cette partie de l'île que la plupart des échanges et ports commerciaux se sont développés. Donc malgré la grande hétérogénéité des groupes implantés dans cette zone, on peut noter un facteur de rassemblement au niveau du métissage qui a pu se produire sur cette partie de l'île. Les Sakalave, les Mahafaly et les Antandroy (N=50) sont réunis dans le groupement **côte ouest**. Ces différentes populations ont toutes un mode de subsistance de type pastoral, ainsi que des activités de pêche sur la côte (Murdock, 1959; Kottak, 1971). Finalement, le groupement **centre et plateau** réunit les différentes ethnies provenant des grands royaumes : les Merina, les Betsiléo et les Bara. Ces trois groupes sont très proches au niveau de la linguistique, de la localisation et du mode de vie.

**Tableau 5. Le corpus de données utilisées en fonction de la provenance géographique, du nombre d'individus et des publications.**

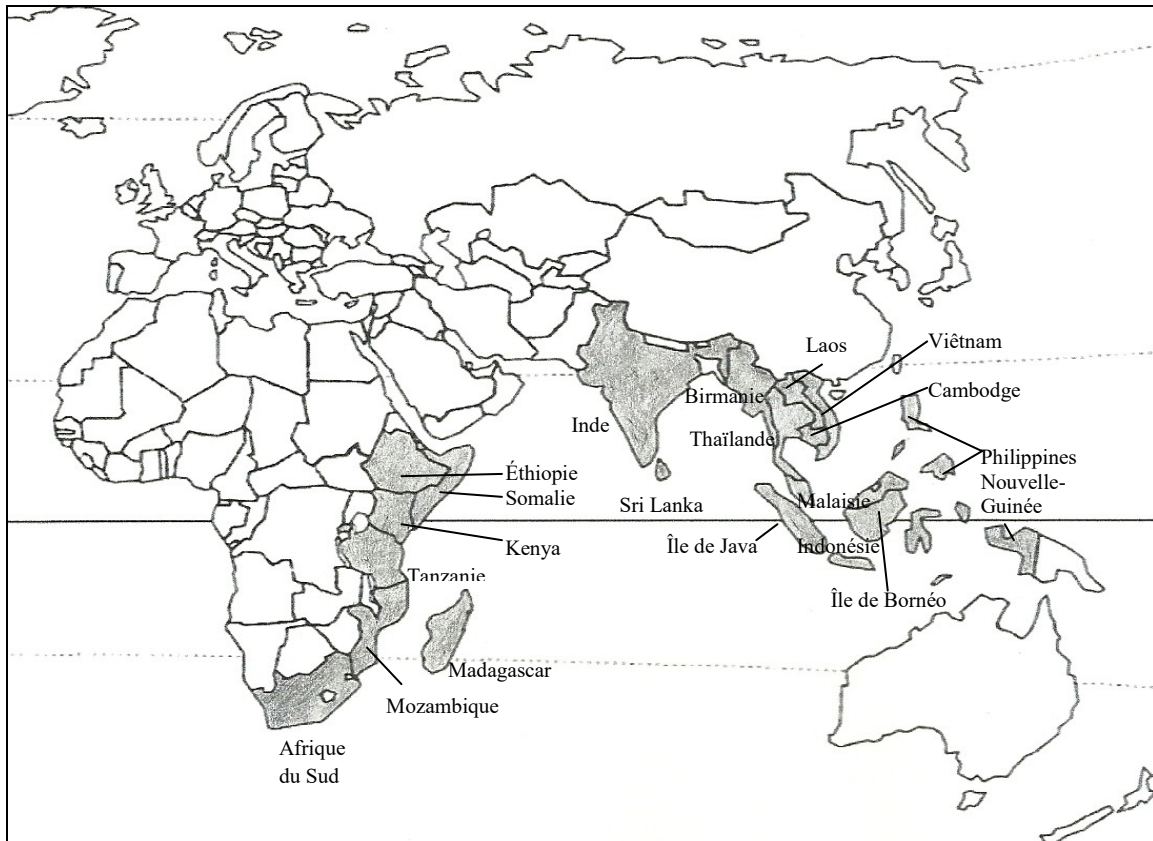
Contient	Sous- continent / regroupement	Nombre de Pays / ethnies	Références	Nombre de crânes
Madagascar	4 regroupements	13 ethnies	Personnelles (MNHN)	207 (119 ♂, 79 ♀)
Afrique	2 régions	7 Pays	Hamy 1882 Hiernaux 1972 Howells 1989 Kitson 1931 Lester 1927 Lester 1928 Reinecke 1896 Ribot 2003-2011 Sergi 1912 Shrubsall 1898 Wide 1896 Personnelles (MNHN)	592 (340 ♂, 203 ♀)
Asie	3 sous-continent	15 pays, régions	Von Bonin 1931 Howells 1989 Kitson 1933 Tildesley 1921 Koeze 1904 Personnelles (MNHN)	940 (650 ♂, 237 ♀)
Europe		6 pays	Howells 1989 Domurad 1979 Reicher 1913 Olivier 1972 Buyle-Bodin 1982 Kaczanowski 1965 Konduktorowa 1969	14 (11 ♂, 3 ♀)
			Total	1753 (1120 ♂, 521 ♀)

**Tableau 6. Synthèse des regroupements effectués**

Continent	- Afrique - Asie
Région, sous-continent	- Madagascar - Sous-continent indien (Inde et Sri Lanka) - Nord de l'Asie du Sud-est (Andaman, Birmanie, Cambodge, Laos, Thaïlande et Vietnam) - Sud de l'Asie du Sud-est (Bornéo, Indonésie, Java, Malaisie, Nouvelle-Guinée et Philippines) - Sud de la côte est de l'Afrique (Afrique du Sud et Mozambique) - Nord de la côte est de l'Afrique (Éthiopie, Kenya, Rwanda, Somalie et Tanzanie)
Madagascar	- Nord est (Antakarana) - Côte est, sud-est et sud (Betsimisaraka, Bezanozano, Sihanaka, Antanosy, Antefasy et Tanala) - Côte ouest (Sakalave, Mahafaly et Antandroy) - Centre et plateau (Merina, Betsiléo et Bara)



La figure 5 montre la localisation géographique des différents pays utilisés au cours de notre étude.



**Figure 5. Localisation géographique des données sous étude.**

### 3.1.1 Sélection des crânes du Musée de l'Homme

Lors de notre collecte de données, nous avons utilisé différents critères, afin de sélectionner les individus de notre étude, ces critères sont de trois ordres : conservation, caractéristiques démographiques (âge et sexe) et géographie.

#### 3.1.1.1. Conditions pour le choix des crânes

Sous cette dénomination, nous avons regroupé l'état de conservation ainsi que la présence de déformations.

##### 3.1.1.1.1. État de conservation

Nous avons sélectionné des individus présentant une bonne conservation. Les crânes devaient être complets ou très peu abîmés, afin de pouvoir réaliser toutes les mesures

sélectionnées. Par exemple, nous avons pu utiliser des crânes possédant une arcade zygomatique endommagée ou manquante. Du fait que le crâne est symétrique, la mesure est possible bien qu'elle soit approximative. Par contre, nous avons écarté les crânes trop altérés par des processus taphonomiques causés par des agents physiques (chimique, combustion, abrasion) ou humains (dissections).

#### 3.1.1.1.2. Présence de déformations

Les individus présentant des déformations dues à des accidents, des pathologies ou encore causés par l'homme (déformation artificielle crânienne), ne furent pas inclus dans l'étude.

#### 3.1.1.2. Les caractéristiques démographiques

Les caractéristiques démographiques regroupent l'estimation de l'âge ainsi que la détermination du sexe des individus à partir des observations effectuées sur les crânes.

##### 3.1.1.2.1. Détermination de l'âge des individus

Nous avons décidé de sélectionner les crânes d'adultes jeunes et matures seulement. C'est-à-dire les individus étant âgés de 20 à 60 ans. Les individus trop âgés (60 ans et plus) ne possédant plus certains des repères craniométriques utilisés ont été écartés.

L'âge des individus a pu être déterminé grâce à des méthodes visuelles. Nous avons d'abord examiné la dentition. La présence de dents définitives et notamment l'éruption de la 3<sup>e</sup> molaire nous ont permis de classer les individus dans la catégorie adulte (Alqahtani et al, 2010). Ensuite, nous avons examiné le degré d'oblitération des sutures crâniennes (Buikstra et Ubelaker, 1994), d'après les scores établis par Meindl et Lovejoy (1985), les sutures des maxillaires (Mann et al, 1991) et la suture basilaire ou sphéno-occipitale. La suture basilaire est un bon repère chronologique puisqu'elle commence à s'oblitérer vers l'âge de 17 ans et elle disparaît vers 20-23 ans (Krogman et Isçan, 1986).

##### 3.1.1.2.2. Estimation du sexe et dimorphisme sexuel

Une estimation visuelle du sexe à partir du crâne fut effectuée sur les individus sélectionnés pour notre étude. En effet, les différences existant entre les hommes et les

femmes au sein des populations sont des questions toujours en exploration en ostéologie, car une erreur de diagnostic sexuel peut influencer l'interprétation finale des résultats (Bruzek, 1996). Le dimorphisme sexuel est complexe chez l'homme au niveau des différences visibles sur le squelette. On considère généralement que les femmes possèdent une structure osseuse plus gracile et plus petite que les hommes (White et al, 2005). Cependant, le dimorphisme sexuel est spécifique à la population étudiée (VanVark et Schaafsma, 1992). En effet, il peut exister une différence inter-populationnelle de taille et de robustesse. Nous avons donc tenu compte des origines géographiques des individus pour déterminer le sexe des individus, en utilisant les individus dont le sexe était déjà attribué ou connu, afin d'établir une base de comparaison.

Nous avons utilisé le système de scores développé par Walker dans Buikstra et Ubelaker (1994). Nous avons ainsi regardé la crête nucale, le processus mastoïde, le rebord supra-orbitaire, la crête supra-orbitaire (glabelle) et quand le maxillaire inférieur était présent, l'éminence du menton. Toutefois, l'estimation du sexe n'a pu être probante dans certains cas et elle est donc restée indéterminée dans 55 cas sur 555 au total (347 hommes et 153 femmes).

### 3.1.1.3. Les provenances géographiques des crânes

Nous avons essayé d'avoir le plus grand échantillon possible en fonction des individus à notre disposition au musée. De nombreuses informations sont disponibles notamment l'origine (collection privée, donation, acquisition), la date de l'acquisition, le pays, la région, la localité et même parfois l'appartenance ethnique du crâne.

Nous avons donc d'abord sélectionné les individus provenant de l'île de Madagascar puis les individus de comparaison.

#### 3.1.1.3.1. Madagascar

Nous avons sélectionné 207 crânes de la collection du musée. Nous les avons classés par ethnies ou populations d'appartenance. Lorsque l'ethnie ou la population n'était pas précisée, nous avons utilisé la région ou la localité pour déterminer l'ethnie ou la population d'appartenance. Cependant, certains individus n'ont pas pu être associés à une ethnie spécifique, notamment les crânes de Nosy-Lava. L'île de Nosy-Lava étant le bague

de l'île de Madagascar se situant au large de la côte nord de l'île, regroupait probablement des individus venus de divers lieux (Feeley-Harnik, 1984).

**Tableau 7. Le nombre de crânes par ethnies de l'échantillon de l'île de Madagascar en fonction du sexe.**

<u>Regroupement</u>	<u>Ethnies malgaches</u>	<u>Homme</u>	<u>Femme</u>	<u>Indéterminé</u>	<u>Total</u>
Centre et plateau	Bara	5	7	0	12
	Betsiléo	11	18	0	29
	Merina	14	17	1	32
Côte-est, sud-est et sud	Antanosy	2	2	1	5
	Antaifasy (Zafisoro)	2	0	0	2
	Betsimisaraka	1	2	1	4
	Bezanozano	0	1	0	1
	Sihanaka	0	1	0	1
	Tanala	5	9	0	14
Côte-ouest, sud-ouest	Antandroy	2	0	0	2
	Mahafaly	0	4	0	4
	Sakalave	20	23	1	44
Nord	Antakarana	29	17	3	49
	Indéterminé	2	4	2	8
	<b>Total</b>	<b>119</b>	<b>79</b>	<b>9</b>	<b>207</b>

### 3.1.1.3.2. Asie

Nous avons sélectionné 256 individus pour le continent asiatique et l'Océan Indien.

**Tableau 8. Le nombre d'individus de l'échantillon du continent asiatique en fonction du sexe.**

<u>Sous-continent</u>	<u>Pays et îles</u>	<u>Homme</u>	<u>Femme</u>	<u>Indéterminé</u>	<u>Total</u>
Nord de l'Asie du sud-est	Birmanie	8	0	0	8
	Cambodge	13	1	2	16
	Laos	13	4	4	21
	Thaïlande	18	6	3	27
	Vietnam	22	3	5	30
Sous-continent indien	Inde	15	6	9	30
	Sri Lanka	1	1	0	2
Sud de l'Asie du sud-est	Malaisie	5	1	0	6
	Nouvelle-Guinée (Indonésie)	22	5	3	30
	Philippines	25	27	5	57
	Île de Bornéo (Malaisie, Indonésie et Brunei)	11	1	1	13
	Île de Java (Indonésie)	15	0	1	16
	<b>Total</b>	<b>168</b>	<b>55</b>	<b>33</b>	<b>256</b>

### 3.1.1.3.3. Afrique de l'Est et du Sud

Au niveau du continent africain, nous avons réussi à sélectionner 92 individus provenant de l'Afrique de l'Est et du Sud.

**Tableau 9. Le nombre d'individus de l'échantillon du continent africain**

<u>Sous-continent</u>	<u>Pays</u>	<u>Homme</u>	<u>Femme</u>	<u>Indéterminé</u>	<u>Total</u>
Nord de la côte est africaine	Comores	2	0	0	2
	Kenya	18	2	4	24
	Somalie	4	2	2	8
	Tanzanie	14	4	3	21
Sud de la côte est africaine	Afrique du Sud	18	9	3	30
	Mozambique	4	2	1	7
	<b>Total</b>	<b>60</b>	<b>19</b>	<b>13</b>	<b>92</b>

### 3.1.2 Sélections des crânes des données compilées

Les données compilées proviennent de 22 différentes publications (19 auteurs) et ont été sélectionnées par rapport à l'origine géographique et à l'âge des individus (adultes seulement). Ainsi, nous avons sélectionné 1198 individus à partir des bases de données compilées par Isabelle Ribot (2003, 2004, 2011 et *comm. pers.*) et par Alain Froment (*comm. pers.*). Les données compilées ont été contrôlées en reprenant les publications originales, de plus nous avons pu ajouter certaines mesures aux données compilées présentes dans les publications originales (la longueur et la largeur du foramen magnum par exemple (FOL /FOB)).

**Tableau 10. Le nombre d'individus en fonction de la publication, du pays de provenance et du sexe.**

Continent	Sous-continent	Pays	Publications (auteurs et dates)	<u>Homme</u>	<u>Femme</u>	<u>Indéter miné</u>	<u>Total</u>
Afrique	Sud de la côte-est africaine	Afrique du Sud	Howells 1989	55	46	0	101
			Shrubsall 1898	20	4	0	24
		Mozambique	Shrubsall 1898	19	4	4	27
	Nord de la côte-est africaine	Éthiopie	Lester 1928	13	5	4	22
			Sergi 1912	1	1	0	2
		Kenya	Kitson 1931	51	48	0	99
			Reinecke 1896	9	3	0	12
			Wide 1896	11	18	0	29
		Rwanda	Hiernaux 1972	1	0	0	1
			Ribot 2011	41	49	14	104
		Somalie	Hamy 1882	1	1	0	2
			Lester 1927	5	0	0	5
			Ribot 2011	22	1	10	33
			Sergi 1912	5	0	0	5
		Tanzanie	Ribot 1998	26	4	4	34

Continent	Sous-continent	Pays	Publications (auteurs et dates)	Homme	Femme	Indéterminé	Total
Asie	Nord de l'Asie du sud-est	Andaman	Von Bonin 1931	24	17	0	41
		Birmanie	Kitson 1933	21	17	17	55
			Tildesley 1921	61	63	0	124
	Sud de l'Asie du sud-est	Indonésie	Von Bonin 1931	176	0	0	176
		Philippines	Howells 1989	50	0	0	50
			Koeze 1904	86	52	3	141
		Von Bonin 1931	64	33	0	97	
Europe	Europe du Nord et du Sud	Allemagne	Howells 1989	3	0	0	3
		Chypre	Domurad 1979	1	0	0	1
		Danemark	Reicher 1913	1	1	0	2
		France	Olivier 1972 Buyle-Bodin 1982	4	2	0	6
		Pologne	Kaczanowski 1965	1	0	0	1
		Ukraine	Konduktorowa 1969	1	0	0	1
				Total	773	369	56

### **3.2. Récoltes des données brutes**

Nous avons choisi d'utiliser la liste de mesures linéaires compilées par Josiane Lettre (2009), qui regroupe les mesures les plus couramment utilisées dans la littérature. (Shrubsall, 1896; Martin et Saller, 1959; Holland, 1986; Howells, 1989 et Graw, 1999, Ribot, 2011). La liste et les illustrations des mesures linéaires sont présentées en annexe.

Les mesures ont été réalisées avec un pied à coulisse digital et un compas d'épaisseur gradué. Les mesures ont toutes été prises en millimètres. L'emplacement des points anatomiques, des mesures et les définitions des mesures sont présentés en annexe (annexe I et II, p.117 à p.121). L'outil de mesure utilisé est précisé à chaque définition. Plus précisément, 18% (7) des mesures sont effectuées sur la voûte crânienne, 48% (19) sur la face et 35% (14) sur la base crânienne pour un total de 40 mesures bidimensionnelles. Une moyenne des deux mesures a été effectuée pour les mesures comprenant une partie droite et gauche (ex. NLHb, OBBA, OBBb, OBH, GPO, OPPO, MLC et MWC), ainsi c'est un total de 32 mesures qui furent utilisées pour les analyses. Les données récoltées ont d'abord été enregistrées sur Excel, puis compilées sur SPSS pour Windows (version 22 et 23).

Durant la collecte de données, nous avons rencontré quelques difficultés avec la prise de certaines mesures. Les sutures fusionnées et donc invisibles nous ont posé de nombreux problèmes, tout comme les os surnuméraires au niveau des sutures

astérioniques ou occipitales. Pour avoir une collecte de données homogènes, nous avons décidé concernant les os surnuméraires de toujours prendre le point le plus postérieur au niveau astérionique et le point le plus supérieur au niveau occipital.

### **3.3. Aspects méthodologiques préliminaires**

Les mesures ne sont pas exemptes d'erreurs (Harris et Smith, 2009). En effet, de nombreux éléments peuvent être la cause d'erreurs de mesures et induire des problèmes de fiabilité et d'imprécision dans une recherche. Les vraies valeurs sont donc impossibles à déterminer, car il y a toujours un degré d'imprécision même s'il est « acceptable » (Ribot, 2011). L'objectif étant d'éliminer les variations « inacceptables ». Il existe deux sortes de catégories d'erreurs, les erreurs aléatoires et les biais systématiques. On retrouve dans les erreurs aléatoires des erreurs de lectures ou de compilation. Ces erreurs sont présentes autant dans les situations d'erreurs intra et inter-observateur et ne sont pas considérées comme sérieuses tant qu'elles n'introduisent pas de biais. Cependant, les biais qui apparaissent de manière systématique (comme les différences de technique de mesure et les erreurs de calibration des instruments) sont plus importants, et ils sont donc plus souvent présents au niveau de l'erreur inter-observateur (Ulijaszek et Kerr, 1999).

#### **3.3.1. Protocole pour l'erreur intra-observateur**

L'erreur intra-observateur a été calculée sur le même ensemble de données (19 crânes) pris par le même observateur sur un intervalle de 2 semaines (ensemble 1 et ensemble 3) à partir des 40 mesures (32 au final). L'ensemble 1 correspond à la première prise de mesure et l'ensemble 3 correspond à la deuxième prise de mesure.

#### **3.3.2. Protocole pour l'erreur inter-observateur**

L'erreur inter-observateur fut étudiée sur le même ensemble de données (18 crânes) provenant de 2 observateurs différents. L'ensemble des données 1 est le même que celui utilisé pour l'erreur intra-observateur hormis un individu que l'on a exclu, car il n'était pas présent dans l'ensemble 2. L'ensemble des données 2 provient des données compilées par Fabrice Demeter du MNHN. Pour ce protocole, seulement 12 mesures différentes ont été utilisées.

### 3.3.3. Tests statistiques

Un calcul de la différence de la moyenne (en mm) est obtenu à partir des deux ensembles de données comparées. Ce calcul est réalisé grâce à un t-test pour échantillons appariés comprenant le calcul du coefficient de corrélation (r). Nous avons préalablement vérifié la normalité des données et nous avons exclu la mesure BIMAS.Bra pour l'erreur intra-observateur et les mesures GOL et DKB pour l'erreur inter-observateur car ils ne suivaient pas une distribution normale. Nous avons donc comparé les ensembles 1 et 3 pour l'erreur intra-observateur et les ensembles 1 et 2 pour l'erreur inter-observateur. Le tableau 11 et 12 présente les mesures pour lesquelles des différences entre les observations sont significatives pour les deux types d'erreurs.

**Tableau 11. Analyse de l'erreur intra-observateur. Mesures présentant une différence entre les deux observations.**

Mesure	N	Moyenne ensemble 1	Moyenne ensemble 3	Différences de moyennes	Signification du T-test <sup>1</sup>	Coefficient de corrélation de Pearson (r <sup>2</sup> )
FRC	19	114,55	114,26	0,289	*	0,997
OBBa	19	39,7761	39,3324	0,44368	*	0,936
BIMAS.BRb	19	122	122,553	0,5526	*	0,987
NLHb	19	47,6284	47,2926	0,33579	*	0,984
XCB	19	134,45	135,026	0,5763	NS	0,925
LPB	19	26,23	25,9153	0,31263	NS	0,798
DKB	19	25,6579	25,2974	0,36053	NS	0,821

<sup>1</sup>Signification : \* P<0,05 et NS = non significatif

Les mesures FRC, OBBa, BIMAS.BRb et NLHb présentent une différence significative entre les observations 1 et 3. On remarque cependant que la différence est inférieure à 0,5, mais supérieure à 0,1. Aussi, la différence de moyenne la plus importante est de 0,5763 mm pour la mesure XCB, mais cette différence n'est pas significative. On peut noter que les coefficients de corrélation sont supérieurs à 0,925 pour toutes les autres mesures sauf pour les mesures LPB ( $r^2 \geq 0,798$ ) et DKB ( $r^2 \geq 0,821$ ) ce qui nous indique un biais systématique (points craniométriques différents).



**Tableau 12. Analyse de l'erreur inter-observateur. Mesures présentant une différence entre les deux observations.**

Mesure	N	Moyenne ensemble 1	Moyenne ensemble 2	Différences de moyennes	Signification du T-test <sup>1</sup>	Coefficient de corrélation de Pearson (r <sup>2</sup> )
XCB	18	134,336	132,42	1,9194	*	0,779
BBH	18	139,36	133,61	5,750	***	0,984
ZYB	18	130,72	127,00	3,722	***	0,941
NPH	18	67,2878	68,333	1,04556	**	0,986
NLHa	18	48,3217	49,20	0,87833	*	0,917
NLB	18	25,8494	25,361	0,48833	**	0,965
OBH	18	33,914	35,22	1,3078	***	0,892
OBBa	18	35,22	38,42	1,23833	**	0,824
BNL	18	105,000	100,33	4,6667	***	0,989
BPL	18	102,0050	97,78	4,22722	***	0,964

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05

Les mesures ont toutes des différences significatives entre les deux observateurs. On observe une différence de plus de 2 mm au niveau de 4 mesures. Cependant, le coefficient de corrélation est au-dessus de 0,917 pour 7 mesures sur 10 sauf pour XCB (r<sup>2</sup>≥0,779), OBH (r<sup>2</sup>≥0,892), OBBa (r<sup>2</sup>≥0,824). Différentes explications peuvent être avancées par rapport aux différences observables entre les deux ensembles. En effet, on remarque que les biais systématiques sont importants : les individus n'ont pas été observés avec les mêmes instruments de mesure, certaines mesures n'ont pas de point craniométriques bien défini, comme pour XCB ou OBH, et finalement certains éléments ont pu être endommagés (ex. *prosthion*, arcades zygomatiques) et ont donc dû être estimés approximativement (ex. BPL, ZYB).

À la suite de cette analyse, nous avons décidé de retirer les mesures BBH, ZYB, BNL et BPL pour nos analyses statistiques, car elles présentent trop de différences significatives au niveau de l'erreur inter-observateur.

### **3.4. Analyses statistiques utilisées**

Les différentes analyses sont abordées à partir de deux aspects. Le premier concerne le dimorphisme sexuel et le second est d'ordre géographique. Nous détaillerons donc les différentes techniques statistiques employées dans notre étude pour conclure sur un schéma synthétique des différentes analyses utilisées.

#### 3.4.1. La correction de la taille (score C)

À l'intérieur des grandes catégories géographiques, régionales et ethniques mentionnées dans les sections précédentes, nous avons testé dans quelle mesure le dimorphisme sexuel pouvait influencer sur les résultats, en effectuant les analyses pour chaque sexe séparément, puis en regroupant les sexes. Pour évacuer en partie les effets du dimorphisme sexuel, nous avons utilisé la méthode d'Howells (1989) qui permet de corriger la taille (facteur clé du dimorphisme sexuel) avec les « scores C ». Pour obtenir les scores C, il a fallu d'abord calculer les scores Z pour chaque mesure avec la formule mathématique suivante :  $((x - \text{moyenne}) / s) * 10$ , où x représente la mesure et s, l'écart-type. Ensuite nous avons calculé la variable Pensize grâce au score Z obtenu précédemment. On a ainsi additionné les différents scores Z, puis on les a divisés par le nombre de mesures selon la formule suivante :  $(Z_1 + Z_2 + \dots + Z_x) / \text{nombre de mesures}$ . Le score C a alors été obtenu en retranchant à chaque score Z, le Pensize de la façon suivante :  $C_1 = Z_1 - \text{Pensize}$ .

#### 3.4.2. Analyses statistiques univariées

Avant de procéder à des analyses statistiques, nous avons vérifié la normalité des données en réalisant un histogramme des fréquences de distribution et des tests de normalité (ex. Test de Levene et de Shapiro-Wilks), ainsi que des diagrammes en boîtes à moustaches pour éliminer les valeurs extrêmes (Hill et Lewicki, 2006) dues à des erreurs de mesures ou de compilations.

Plusieurs analyses de variance (ANOVA) ont été effectuées pour comparer les populations malgaches et non malgaches, le but de ces analyses étant de déterminer si la variation est significative. De plus, l'ANOVA permet de repérer les variables significatives avec un seuil de 5% à l'aide d'un t-test. Les tests post-hoc (Scheffé et Tamhane) permettent également de détecter les différences, en fonction de la taille de l'échantillon et de l'égalité des variances. Nous avons également effectué des tests non paramétriques (ex. test de Kruskal-Wallis), lorsque la taille des échantillons ne respecte pas les conditions de l'ANOVA, c'est-à-dire un  $N \geq 30$  avec des échantillons de taille similaire.

### 3.4.3. Analyses statistiques multivariées

Suite aux ANOVA ou tests non paramétriques, seules les variables significatives ou très significatives sont utilisées pour le reste des analyses afin de bien appréhender les différences entre les variables. Une analyse en composantes principales (varimax) permet de savoir quelles sont les variables (traits métriques), qui sont responsables de la variation globale. Cette analyse est suivie de tests (ex. ANOVA avec test post-hoc) sur les différentes composantes extraites pour explorer les différences (liées au sexe, régions).

Nous avons aussi décidé de réaliser des analyses discriminantes dans le but d'examiner la variation intra-groupe et inter-groupe. En effet, l'analyse discriminante multiple permet de classer les individus selon des groupes préétablis, de préférence avec des échantillons de taille égale. L'option validation croisée de l'analyse discriminante tente de vérifier les taux de mauvaises classifications des individus selon le sexe ou l'origine. Nous avons aussi utilisé une autre option, qui nous permet de classer les individus malgaches dans les regroupements géographiques en considérant le groupe malgache comme un échantillon inconnu.

### 3.4.4. Analyse de la matrice R (RMET)

L'approche du RMET développée par Relethford (1990) permet de fournir des paramètres issus de la génétique des populations en utilisant des traits quantitatifs phénotypiques (Relethford et Blangero, 1990; Relethford et al, 1997; Relethford, 2003; Pinhasi et Von Cramon-Taubadel, 2009). En effet, en utilisant les matrices de relation génétiques (matrice R) on peut calculer les distances génétiques, mesurer l'hétérogénéité et estimer la différenciation génétique d'une population (Relethford et Blangero, 1990; Relethford, 2001,2002; Wolfe Steadman, 2001; Schillaci et Stojanowski, 2005). La matrice R est calculée à partir des traits phénotypiques et permet une estimation des similarités génétiques entre et à travers les populations en se basant sur la variance des variables et la covariance dérivée des données craniométriques (Williams-Blangero et Blangero, 1989; Relethford et Harpending, 1994; Relethford et al, 1997; Schillaci et Stojanowski, 2005). Cette analyse est réalisée à partir d'un programme informatique de

génétique quantitative : RMET 5.0 développé par Relethford<sup>23</sup> (Relethford, 2004). L'analyse de la matrice R nous renseigne donc sur trois paramètres différents de la population génétique. Premièrement, l'isolement par les distances (ex. barrières géographiques ou sociales) entre les groupes est évalué à partir des matrices de distances intergroupes. Ensuite, la valeur du  $F_{ST}$  permet d'estimer le degré de sous-structure de la population trouvée dans la région, ou degré d'hétérogénéité (Relethford et Blangero, 1990; Relethford et al, 1997; Justice et al, 2010). Et finalement, l'analyse de la variance résiduelle nous permet d'évaluer le flux génique extra-local c'est-à-dire la différenciation génétique d'une population. Cette dernière étape compare les différences entre l'hétérogénéité observée et attendue au sein d'un groupe à travers des échantillons de populations (Powell et Neves, 1999; Wolfe Steadman, 2001; Schillaci et Stojanowski, 2005). Différentes conditions d'application sont préalables à l'analyse. Notamment au niveau de la sélection des pays de comparaison : les échantillons doivent être contemporains et avoir une certaine affinité entre eux (Knudson et Stojanowski, 2008). De plus, lors de cette analyse, nous avons utilisé une héritabilité de 0,55 (Relethford, 1994 et 2002) et compte tenu du fait que la taille de la population n'a pas pu être estimée, nous avons utilisé la valeur 1 (Relethford et Blangero, 1990; Roseman et Weaver, 2004; Nystrom, 2006; Ribot, *comm. pers.*). Ensuite, afin de réaliser les analyses à l'aide du logiciel RMET 5.0, nous avons dû sélectionner différentes données. Tout d'abord, les données utilisées ici seront les données corrigées pour la taille (score C). En effet, la proportion d'hommes et de femmes dans nos données n'est pas suffisante pour avoir des échantillons de même taille. Puis, nous avons sélectionné les variables regroupant le plus de données, c'est-à-dire huit mesures. Deux se situent sur la voûte (C-GOL et C-XCB) et six autres se situent au niveau de la face (C-NPH, C-NLHa, C-NLB, C-DKB, C-OBBa et C-OBH). Aussi, nous avons utilisé un échantillon de population européenne, dans nos analyses, car il est nécessaire d'inclure toutes les populations ayant pu avoir une influence. Finalement, nous avons décidé de réduire la taille de certains échantillons grâce à un échantillonnage aléatoire effectué sur SPSS (Version 22 et 23), afin d'avoir

---

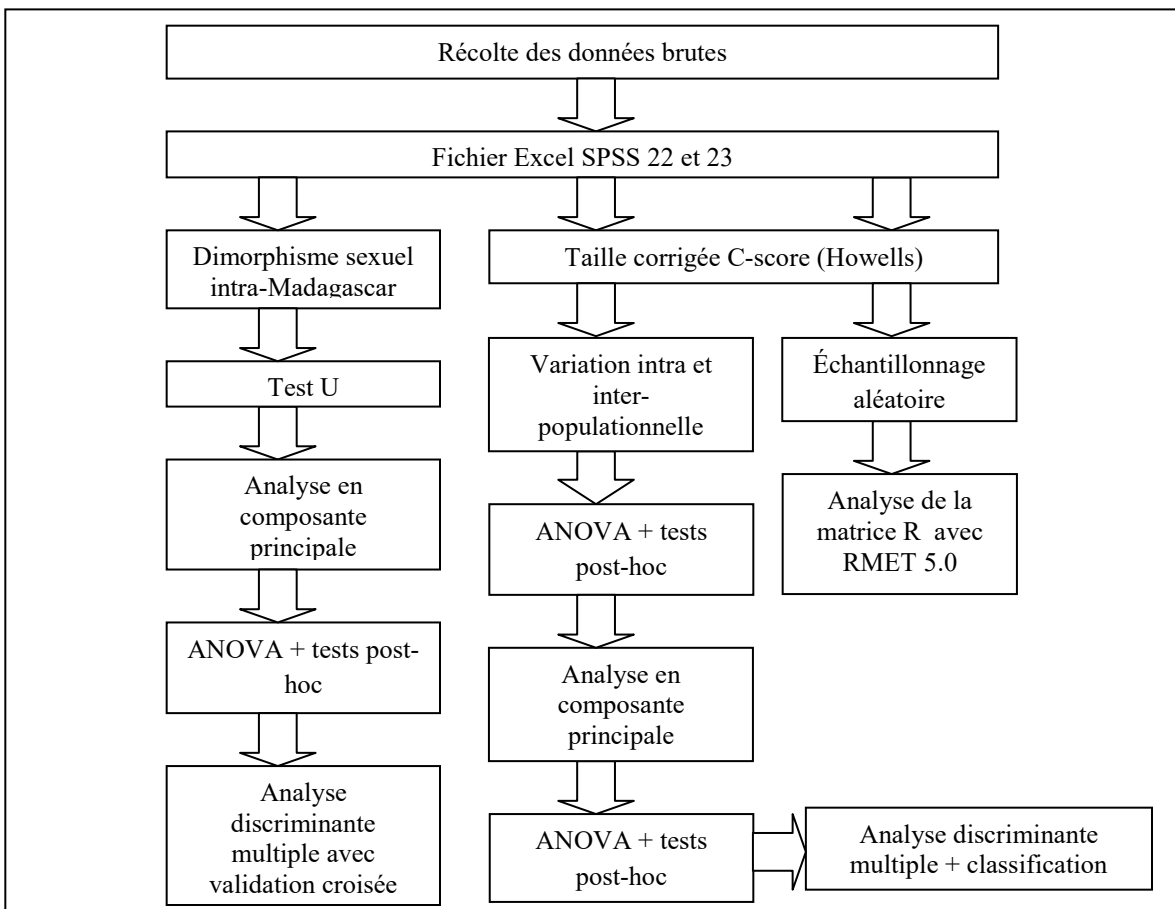
<sup>23</sup> Disponible à partir de la page internet: <http://employees.oneonta.edu/relethjh/programs/> consulté le 1 septembre 2015.

des échantillons de tailles à peu près égales (tableau 13) et de garantir une bonne représentation des résultats afin de l'étendre à la population entière.

**Tableau 13. Effectifs des échantillons suites à un échantillonnage aléatoire pour l'utilisation du logiciel RMET 5.0.**

Pays	N
Bornéo	13
Europe	14
Inde	14
Java	14
Kenya	14
Mozambique	15
Nouvelle-Guinée	16
Philippines	14
Tanzanie	15
Nord de Madagascar	15
Côte est, sud-est et sud de Madagascar	15
Côte ouest de Madagascar	15
Centre et plateau de Madagascar	14
Total	188

### 3.4.5. Synthèse des analyses utilisées



**Figure 6. Schéma des différentes analyses statistiques, méthodes et logiciels utilisés.**

## **Chapitre 4 : Présentation des résultats**

Dans ce chapitre, nous allons présenter les différents résultats obtenus à l'échelle intra- et inter-groupe. Tout d'abord, les analyses vont explorer les deux questions de la phase 1 de travail, en se focalisant sur la variation intra-populationnelle (sexe, région, ethnies) au sein de l'île de Madagascar (sections 4.1 et 4.2., p.47-52). Enfin, nous explorerons les deux questions de la phase 2, en examinant la variation inter-populationnelle (ex. distances entre groupes et lien avec la géographie et d'autres facteurs, comparaison du degré d'hétérogénéité au sein de chaque groupe), en comparant Madagascar à d'autres groupes (sections 4.3 et 4.4, p.57-80). Finalement, la section 4.5. (p.85) présente un bilan des résultats et des tendances les plus marquantes.

### **4.1. Dimorphisme sexuel à l'intérieur de l'île de Madagascar**

#### 4.1.1. Variation du dimorphisme sexuel chez les malgaches et au sein des regroupements malgaches

Nous avons utilisé 198 individus malgaches (119 hommes et 79 femmes). Les analyses ont été effectuées en utilisant les 4 regroupements régionaux décrits dans le chapitre 3 (regroupement nord, côte est, côte ouest, centre et plateau).

##### 4.1.1.1. Analyses univariées

Cette méthode nous permettra de déterminer les mesures les plus dimorphiques au sein de chaque regroupement régional ainsi que d'appréhender le dimorphisme sexuel au sein des malgaches. Nous avons effectué un test de U sur chaque regroupement et sur l'échantillon malgache, étant donné que la taille des échantillons à comparer était petite et trop variable (tableau 14 ).

**Tableau 14. Résultats des tests de U pour échantillons indépendants pour le dimorphisme sexuel au sein des regroupements régionaux de Madagascar et des malgaches (N=198) à partir de 28 mesures.**

Mesures	Regroupement nord (N=46)		Regroupement côte est (N=25)		Regroupement côte ouest (N=50)		Regroupement centre et plateau (N=72)		Malgaches (N=198)	
	Test de U	Sig.	Test de U	Sig.	Test de U	Sig.	Test de U	Sig.	Test de U	Sig.
GOL	167,00	NS	53,00	NS	222,00	NS	229,50	***	2790,00	***
XCB	202,00	NS	62,00	NS	188,50	*	349,00	**	3177,50	***
ASB	130,00	**	65,50	NS	240,50	NS	340,50	**	2959,50	***
FRC	192,50	NS	54,50	NS	192,00	*	278,00	***	2921,50	***
PAC	185,50	NS	38,00	NS	255,00	NS	456,50	*	3443,50	**
OCC	191,50	NS	49,00	NS	283,50	NS	557,00	NS	3814,00	*
NPH	239,00	NS	62,00	NS	106,50	**	172,50	***	2594,50	***
EKB	78,00	***	60,00	NS	168,50	**	188,50	***	2036,50	***
ZMB	134,00	*	68,00	NS	163,00	**	232,50	***	2509,50	***
MAB	172,00	NS	56,50	NS	213,50	NS	225,00	***	2663,00	***
PMH	189,00	NS	47,00	NS	205,50	NS	330,50	**	3940,00	NS
NLHa	175,50	NS	60,50	NS	152,50	**	191,00	***	2429,00	***
NLHb	195,00	NS	66,50	NS	160,00	**	226,00	***	2719,00	***
NLB	176,50	NS	62,00	NS	297,00	NS	400,50	**	3770,00	*
DKB	118,00	**	61,00	NS	271,50	NS	161,50	***	2858,50	***
OBBa	172,00	NS	47,00	NS	155,00	**	576,00	NS	3345,50	**
OBb	167,00	NS	53,00	NS	133,00	*	459,50	*	2887,00	***
OBH	194,00	NS	39,00	NS	173,00	**	452,00	*	3347,00	**
BIMA S.BRa	151,00	*	60,00	NS	210,00	NS	182,00	***	2516,50	***
BIMA S.BRb	126,50	**	57,50	NS	145,50	**	79,50	***	1851,00	***
FOL	181,50	NS	40,00	NS	181,00	*	394,00	*	2964,50	***
FOB	230,00	NS	57,00	NS	147,00	**	416,00	*	3452,50	**
BcB	227,00	NS	32,00	NS	192,50	*	353,00	**	3476,50	**
LPB	213,00	NS	55,00	NS	241,00	NS	621,50	NS	4569,00	NS
GPO	129,00	**	64,50	NS	191,00	*	151,50	***	2249,00	***
OPPO	152,00	*	46,50	NS	203,00	NS	335,50	**	2811,00	***
MLC	227,00	NS	63,00	NS	289,00	NS	447,00	*	4121,00	NS
MWC	140,00	*	64,00	NS	298,00	NS	478,50	NS	3691,50	*

<sup>1</sup>Signification asymptotique : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

D'emblée, on remarque que le dimorphisme sexuel est marqué au sein de l'île de Madagascar et au niveau du regroupement centre et plateau (24 mesures sur 28 mesures sont significatives). A contrario on ne note pas de différences significatives au niveau du regroupement côte est, peu de différences significatives entre les sexes au niveau du regroupement nord et un peu plus au niveau du regroupement ouest (9 et 15 mesures significatives respectivement côte pour les deux regroupements). Cependant, ces différences peuvent aussi refléter une plus grande taille d'échantillon que pour les autres groupes.

#### 4.1.1.2. Analyses multivariées pour le regroupement centre et plateau

Afin de mieux appréhender les variations régionales au niveau du dimorphisme sexuel, nous avons effectué des analyses multivariées au niveau du regroupement, qui présente le plus de mesures significativement différentes (regroupement centre et plateau). De plus, pour éviter des répétitions d'informations, nous avons éliminé, NLHb et BIMAS.BRa, puisque ces variables sont moins dimorphiques que NLHa et BIMAS.BRb. Nous avons réalisé une analyse factorielle en composantes principales, suivie d'un test de U et d'une analyse discriminante multiple. Lors d'une analyse factorielle ou discriminante, les individus ayant des mesures manquantes sont exclus de l'analyse, il y a donc 59 individus (33 hommes et 26 femmes) qui ont été retenus ici.

Au niveau de ce regroupement régional (N=59), nous avons pu mettre en évidence six composantes principales qui expliquent 72,66% de la variance totale (Annexe III, p. 122). La première composante qui explique 33,5% de la variance est liée à des variables de la face : distance bi-orbitale (EKB), largeur maxillo-alvéolaire (MAB), et largeur bi-maxillaire (ZMB). La seconde composante explique 12,38% de la variance totale. Celle-ci est liée à des variables de la voûte à la longueur crânienne (GOL), à la distance nasion-bregma (FRC), à la distance bregma-lambda (PAC) et à la longueur dorsale du crâne (OPPO). La troisième composante est influencée par des variables en lien avec la hauteur de la face : hauteur nasale (NLHa) et hauteur nasion-prosthion (NPH), celle-ci rassemble 9,23% de la variance totale.

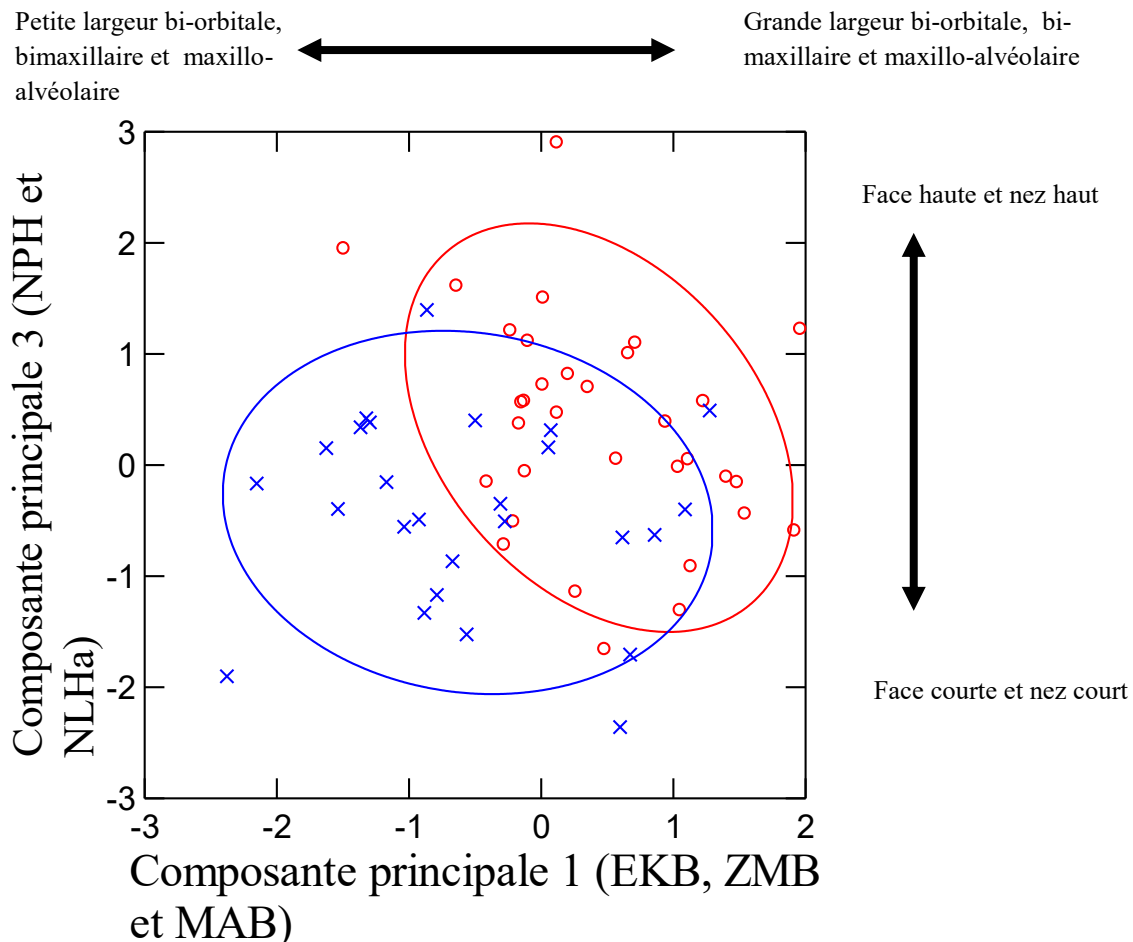
Un test de U (Mann-Whitney) a été effectué sur les six composantes extraites et révèle que ce sont les composantes 1 et 3 qui sont les plus significatives par rapport au dimorphisme sexuel (tableau 15). La figure 7 nous indique les composantes les plus significatives, et la superposition des ellipses nous indique que le dimorphisme sexuel est bien visible au niveau de ce regroupement régional.



**Tableau 15. La signification des scores de régression obtenus de l'ACP sur le regroupement régional centre et plateau par rapport au dimorphisme sexuel.**

Composantes	Test de U	Signification <sup>1</sup>
1	183,00	***
2	281,00	*
3	236,00	**
4	398,00	NS
5	355,00	NS
6	319,00	NS

<sup>1</sup>Signification asymptotique : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif



**Figure 7. Analyse du dimorphisme sexuel au sein du regroupement régional centre et plateau de Madagascar. La composante principale 1 (axe x- 33,50% de la variance) vs la composante 3 (axe y- 9,23% de la variance). Les ellipses de confiance représentent 80% de la variation (hommes =○, femmes=x).**

Une analyse discriminante multiple est effectuée avec les mêmes variables que pour l'ACP, c'est-à-dire celle présentant une différence significative. L'échantillon retenu est de 59 individus (33 hommes et 26 femmes). La hauteur nasion-prosthion (NPH), la

largeur inter-orbitale (DKB) et la largeur bi-mastoïdale (BIMAS.BRb) sont les variables qui ont un impact sur la fonction (tableau 16). La fonction a une valeur propre de 1,672 et un lambda de Wilks de 0,374. Les résultats de la classification effectuée sur l'échantillon (N=72 où 69 individus ont été retenus pour la classification) nous indique qu'il y a 92,8% des individus ont été assignés au bon sexe sans la validation croisée et 91,3% avec la validation croisée ; 86,7% des femmes (86,7% sans la validation croisée) et 97,4% des hommes (94,9% avec la validation croisée) (tableau 17). Ce résultat confirme l'identification des variables et des régions les plus dimorphiques. Cependant, il faut nuancer le résultat en tenant compte de la petite taille de l'échantillon utilisée.

**Tableau 16. Coefficients standardisés de la fonction discriminante canonique – Regroupement centre et plateau (dimorphisme sexuel).**

Variables	Fonction 1 (100% de la variance, valeur propre de 1,672)	Lambda de Wilks	Signification du lambda de Wilks <sup>1</sup>
NPH	0,510	0,374	***
DKB	0,357		
BIMAS.BRb	0,656		

<sup>1</sup>Signification après un test de Khi-Deux : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

**Tableau 17. Résultats de la classification selon le sexe des individus au sein du regroupement régional centre et plateau de Madagascar (N=69).**

	Sexe	Femmes	Hommes	% des cas correctement classifié	Total
Sans validation croisée	Femmes	26	4	86,7%	30
	Hommes	1	38	97,4%	39
Avec la validation croisée	Femmes	26	4	86,7%	30
	Hommes	2	37	94,9%	39

Par la suite, nous avons effectué des tests de normalité (Shapiro-Wilks) pour exclure certaines mesures. En effet, les analyses de la variance nécessitent des données suivant une distribution normale. Ainsi, nous avons retiré cinq mesures chez les hommes (NLHb, OBBa, BIMAS.BRb, FOB et OPPO), et quatre mesures chez les femmes (NPH, MAB, BIMAS.BRb et OPPO). Pour les données corrigées pour la taille (scores C), nous avons retiré onze mesures (C-GOL, C-NPH, C-MAB, C-NLHa, C-NLHb, C-NLB, C-OBBa, C-BIMAS.BRb, C-FOL, C-FOB et C-OPPO).

## 4.2. Variation intra-populationnelle au sein de l'île de Madagascar

Nous avons utilisé 150 individus provenant de 4 ethnies différentes (Antakarana, 29 hommes et 17 femmes ; Betsilé, 18 hommes et 11 femmes ; Merina, 17 hommes et 14 femmes ; Sakalave, 24 hommes et 20 femmes) et 155 individus au niveau des scores C (49 Antakarana ; 29 Betsilé ; 32 Merina et 45 Sakalave).

### 4.2.1. Analyses univariées

Des analyses de variance (ANOVA) ont été effectuées, afin de déterminer les mesures présentant des différences significatives au sein des différentes ethnies sélectionnées. Les deux premières analyses (tableau 18 et 19) portent sur les données brutes (hommes et femmes séparément). La troisième analyse (tableau 20) porte sur les données corrigées pour la taille (méthode d'Howells).

**Tableau 18. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) de 23 mesures au sein de 4 ethnies malgaches pour les hommes (N=88).**

Mesure	Test de F	Signification <sup>1</sup>
GOL	0,982	NS
XCB	0,294	NS
ASB	0,524	NS
FRC	1,371	NS
PAC	1,746	NS
OCC	3,274	*
NPH	1,999	NS
EKB	4,323	**
ZMB	2,168	NS
MAB	0,328	NS
PMH	2,313	NS
NLHa	0,985	NS
NLB	3,150	*
DKB	2,814	*
OBBb	3,749	*
OBH	2,959	*
BIMAS.BRa	0,806	NS
FOL	1,360	NS
BcB	0,944	NS
LPB	0,867	NS
GPO	2,733	*
MLC	1,816	NS
MWC	2,796	*

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

**Tableau 19. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) de 24 mesures au sein de 4 ethnies malgaches pour les femmes (N=62).**

Mesure	Test de F	Signification <sup>1</sup>
GOL	0,256	NS
XCB	1,031	NS
ASB	1,354	NS
FRC	0,653	NS
PAC	0,555	NS
OCC	1,049	NS
EKB	2,883	*
ZMB	2,623	NS
PMH	1,639	NS
NLHa	1,243	NS
NLHb	1,156	NS
NLB	0,880	NS
DKB	4,767	**
OBBa	0,710	NS
OBBb	1,817	NS
OBH	0,247	NS
BIMAS.BRa	2,421	NS
FOL	0,604	NS
FOB	0,713	NS
BcB	0,758	NS
LPB	3,214	*
GPO	1,827	NS
MLC	0,351	NS
MWC	1,473	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

On peut noter que huit mesures sont significativement différentes chez les hommes, alors que nous avons seulement trois mesures significativement différentes pour les femmes. Les différences sont localisées au niveau du haut de la face (région du nez et des orbites). Ce qui nous conduit à conclure qu'il a moins de différences morphologiques entre les femmes de ces 4 ethnies que chez les hommes. On peut aussi remarquer le fait qu'il n'y a pas de mesures qui présentent des différences très significatives (P<0,001) pour les différentes analyses de la variance, ce qui montre le peu de différences entre les ethnies étudiées. On remarque dix mesures significativement différentes pour les scores C surtout localisées au niveau de la face et de la base crânienne.

**Tableau 20. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) de 21 mesures au sein de 4 ethnies malgaches pour les scores C (N=155).**

Mesure	Test de F	Signification <sup>1</sup>
C-XCB	0,788	NS
C-ASB	1,555	NS
C-FRC	0,509	NS
C-PAC	1,707	NS
C-OCC	2,910	*
C-BBH	3,687	*
C-BNL	3,547	*
C-BPL	1,110	NS
C-ZYB	2,910	*
C-EKB	5,063	**
C-ZMB	4,045	**
C-PMH	2,225	NS
C-DKB	2,789	*
C-OBBb	2,247	NS
C-OBH	1,103	NS
C-BIMAS.BRa	3,480	*
C-BcB	1,511	NS
C-LPB	1,188	NS
C-GPO	4,097	**
C-MLC	0,510	NS
C-MWC	4,001	**

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

#### 4.2.2. Analyses multivariées

Par la suite, nous avons réalisé deux analyses factorielles en composantes principales en utilisant les variables présentant des différences significatives pour les hommes et les scores C.

##### 4.2.2.1. Analyse de la variation intra-ethnique masculine

Trois composantes principales ont été extraites pour les hommes (N=87), le total expliquant 67,13% de la variance (Annexe IV p.123). La première qui explique 34,35% de la variance totale est influencée par la largeur des orbites (OBBb). La seconde qui est liée à la largeur nasale maximale (NLB) et à la largeur inter-orbitale (DKB) explique 16,84% de la variance totale. Finalement, la troisième composante explique 13,00% de la variance totale et elle est liée à la distance lambda-opisthion (OCC).

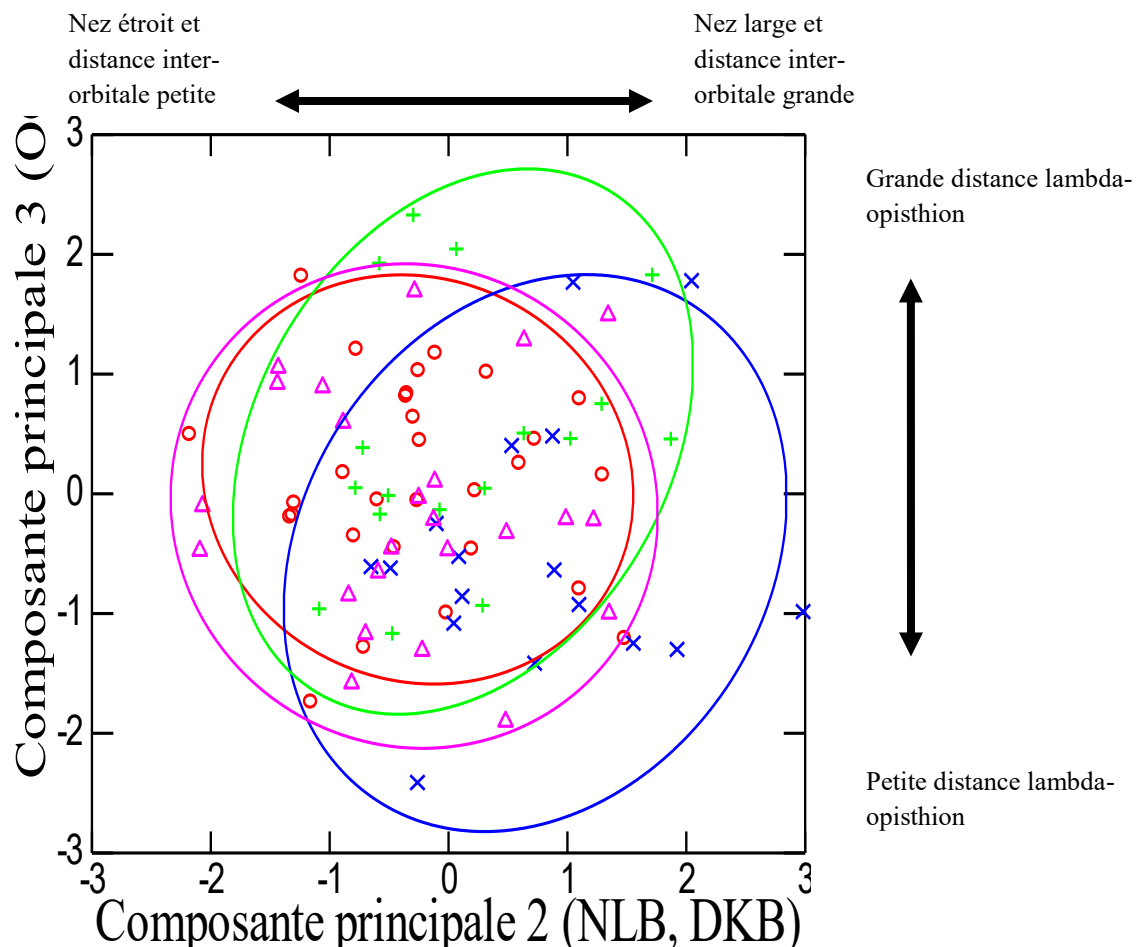
Une ANOVA suivie de différents tests post-hoc (Scheffé) a été effectuée sur les trois composantes extraites et révèle que ce sont les composantes 2 et 3 qui sont les plus discriminantes par rapport à la variation entre les ethnies ou intra-Madagascar (tableau 21). La figure 8 montre les composantes les plus significatives au niveau de la variation

inter-ethnique chez les hommes malgaches. On note que les Antakarana et les Sakalave sont plus proches entre eux et que les Merina et les Betsiléo sont légèrement plus éloignés de ces ethnies. Les Antakarana et Sakalave sont situés entre les deux.

**Tableau 21. La signification des scores de régression obtenus de l'ACP et résultats de l'ANOVA et tests post-hoc sur 4 ethnies malgaches par rapport à la variation intra-ethnique masculine.**

Composantes	Test de F	Signification <sup>1</sup>	Différences selon les tests post-hoc <sup>1</sup>	
			Ethnies	Sig.
1	2,123	NS	N/O	NS
2	5,045	**	Antakarana vs Betsiléo	*
			Betsiléo vs Sakalave	*
3	2,868	*	N/O	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif



**Figure 8. Analyse de la variation intra-populationnelle chez les hommes de 4 ethnies de Madagascar. La composante principale 2 (axe x- 16,84% de la variance) vs la composante 3 (axe y- 13,00% de la variance). Les ellipses de confiance représentent 85% de la variation (Antakarana =○, Betsiléo=x, Merina =+ et Sakalave =△).**

4.2.2.2. Analyse de la variation intra-ethnique des scores C  
(sexes confondus)

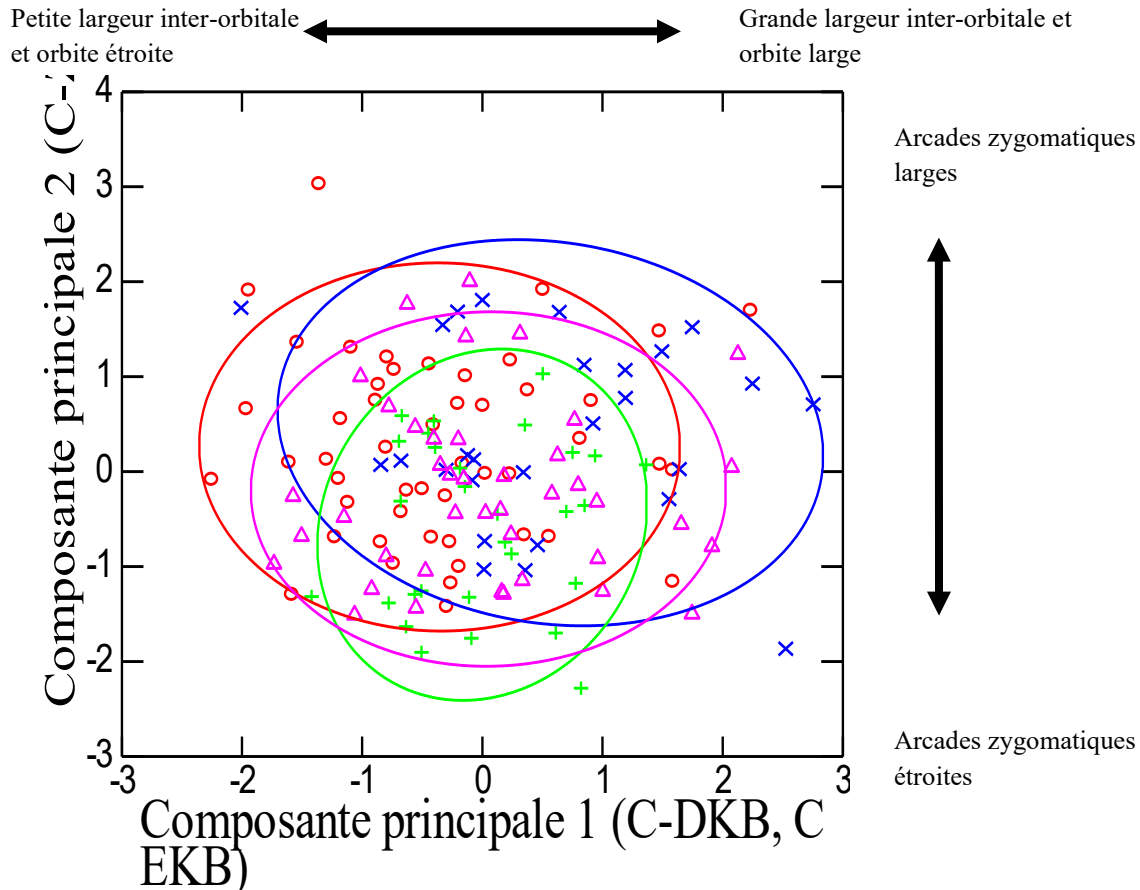
Trois composantes principales ont été extraites pour les scores C (N=146), le total expliquant 52,74% de la variance (Annexe V p.123). La première qui explique 24,10% de la variance totale est influencée par la largeur inter-orbitale (DKB) et largeur bi-orbitale (EKB). La seconde explique 15,49% de la variance totale. Finalement, la troisième composante explique 13,46% de la variance totale et elle est liée à la longueur basion-nasion (BNL) et à la distance glabellé-porion (GPO).

Une ANOVA suivie d'un test post-hoc (Scheffé) a été effectuée sur les trois composantes extraites et révèle que ce sont les composantes 1 et 2 qui sont les plus discriminantes par rapport à la variation entre les ethnies ou intra-Madagascar (tableau 22). La figure 9 montre les composantes les plus significatives au niveau de la variation inter-ethnique chez les malgaches (sexes confondus). On note que les Antakarana et les Sakalave sont les ethnies les plus proches. Au contraire, on note une différence importante entre les Betsiléon et les Merina.

**Tableau 22. La signification des scores de régression obtenus de l'ACP et les résultats de l'ANOVA et des tests post-hoc sur 4 ethnies malgaches par rapport à la variation intra-ethnique des scores C.**

Composantes	Test de F	Signification <sup>1</sup>	Différences selon le test post-hoc <sup>1</sup>	
			Ethnies	Sig.
1	5,449	**	Antakarana vs Betsiléon	**
2	6,826	***	Merina vs Antakarana	**
			Merina vs Betsiléon	**
3	1,440	NS	NS	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01, \* P<0,05, NS= Non Significatif



**Figure 9. Analyse de la variation intra-populationnelle de 4 ethnies de Madagascar à partir des scores C. La composante principale 1 (axe x- 24,10% de la variance) vs la composante 2 (axe y- 15,49% de la variance). Les ellipses de confiance représentent 85% de la variation (Antakarana =○, Betsiléo=x, Merina =+ et Sakalave =△).**

#### **4.3. Variation inter-populationnelle entre la population de l'île de Madagascar et les différentes populations de comparaison**

Dans cette section nous examinerons les différences entre les groupes malgaches et les populations de comparaison à l'aide de différents regroupements. Tout d'abord, nous explorerons les différences entre Madagascar et les continents (Asie et Afrique), puis entre Madagascar et les grands regroupements géographiques présentés au Chapitre 3. Nous avons effectué des analyses pour chaque sexe et pour les données corrigées pour la taille (sexe confondu). Nous avons utilisé un échantillon de 1739 individus (1110 hommes et 519 femmes) pour les données brutes et de 1740 individus pour les données corrigées pour la taille.



#### 4.3.1. La variation entre les continents (Afrique et Asie) et l'île de Madagascar

Nous avons sélectionné 1739 individus provenant de l'île de Madagascar (121 hommes et 79 femmes) et de deux continents différents (Asie : 650 hommes et 236 femmes ; Afrique : 339 hommes et 204 femmes) pour les données brutes ainsi que 1740 individus pour les données corrigées pour la taille (Madagascar :209 ; Asie :939 et Afrique :592).

##### 4.3.1.1. Analyses univariées

Nous avons effectué trois analyses de la variance (ANOVA) afin de déterminer si des différences existent entre ces trois échantillons de populations selon les données brutes (hommes et femmes séparées) ou corrigées (tableau 23, 24 et 25).

**Tableau 23. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les hommes des échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 23 mesures (N=1110).**

Mesure	Test de F	Signification <sup>1</sup>
GOL	206,396	***
XCB	106,427	***
ASB	16,945	***
FRC	25,518	***
PAC	14,418	***
OCC	17,499	***
NPH	2,032	NS
EKB	39,819	***
ZMB	5,620	**
MAB	12,592	***
PMH	19,350	***
NLHa	84,624	***
NLB	4,174	*
DKB	34,526	***
OBBb	7,230	**
OBH	3,774	*
BIMAS.BRa	16,075	***
FOL	32,105	***
BcB	0,348	NS
LPB	12,893	***
GPO	21,091	***
MLC	17,708	***
MWC	0,540	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

**Tableau 24. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les femmes des échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 24 mesures (N=519).**

Mesure	Test de F	Signification <sup>1</sup>
GOL	134,595	***
XCB	35,671	***
ASB	12,862	***
FRC	20,501	***
PAC	14,227	***
OCC	23,264	***
EKB	30,224	***
ZMB	8,019	***
PMH	17,158	***
NLHa	29,110	***
NLHb	8,671	***
NLB	16,945	***
DKB	9,999	***
OBBa	36,830	***
OBBb	10,191	***
OBH	0,474	NS
BIMAS.BRa	5,153	**
FOL	25,589	***
FOB	14,199	***
BcB	1,978	NS
LPB	25,648	***
GPO	11,083	***
MLC	3,702	*
MWC	0,914	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

**Tableau 25. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les scores C des échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 23 mesures (N=1740).**

Mesure	Test de F	Signification <sup>1</sup>
C-XCB	191,539	***
C-ASB	2,884	NS
C-FRC	21,130	***
C-PAC	2,864	NS
C-OCC	19,886	***
C-BBH	122,763	***
C-BNL	87,932	***
C-BPL	187,504	***
C-ZYB	50,569	***
C-EKB	43,894	***
C-ZMB	41,244	***
C-PMH	30,741	***
C-DKB	17,099	***
C-OBBb	12,190	***
C-OBH	2,862	NS
C-BIMAS.BRa	16,366	***
C-BcB	7,691	**
C-LPB	10,402	***
C-GPO	18,847	***
C-MLC	63,198	***
C-MWC	11,944	***

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

On note qu'il existe des différences marquées entre les individus des différentes populations examinées ici, autant pour les données brutes, que pour les données corrigées pour la taille. À la suite des analyses de variance, des tests post-hoc (Scheffé et Tamhane) ont été effectués dans le but de préciser entre quels échantillons de populations les différences sont les plus significatives (annexes VI, VII et VIII, p.124-126).

Chez les hommes on remarque que les différences sont plus importantes entre les individus malgaches et asiatiques qu'entre les individus malgaches et africains. En effet, il y a 14 mesures très significativement différentes au niveau de la comparaison entre malgaches et asiatiques contre 10 entre les individus malgaches et africains. Pour les femmes nous notons le même phénomène, mais de manière plus accentuée. Ainsi, 13 mesures sont significativement différentes entre les femmes malgaches et asiatiques tandis qu'il y en a 8 entre les femmes malgaches et africaines.

Au niveau des scores C (sexe confondu), les différences sont plus importantes entre les individus malgaches et africains qu'entre les individus malgaches et asiatiques. Car on retrouve 8 mesures significativement différentes au niveau des tests post-hoc entre Madagascar et l'Asie et 10 mesures pour les résultats entre Madagascar et l'Afrique. Cette différence entre les analyses effectuées sur les hommes et les femmes et sur les scores C peut s'expliquer par la taille de l'échantillon et la correction de la taille (méthode d'Howells) qui gomme les différences entre les individus.

#### 4.3.1.2. Analyses multivariées

Pour les analyses qui suivent, seules les variables présentant une différence significative au niveau de la différenciation continentale ont été conservées. De plus, pour éviter des répétitions d'informations, nous avons éliminé, certaines variables comme NLHb et OBBb, puisque ces variables sont moins significatives que NLHa et OBBA pour les femmes et inversement pour les scores C.

Nous avons réalisé plusieurs analyses factorielles en composante principale (ACP) en fonction du sexe et des données corrigées pour la taille.

Ainsi, quatre composantes principales ont été extraites pour les hommes (N=327), le total expliquant 59,83% de la variance (annexe IX, p.127). La première composante qui explique 33,76% de la variance totale est influencée par la longueur maximale crânienne

(GOL) et la distance bregma-lambda (PAC). La seconde qui est liée à la largeur crânienne maximale (XCB) explique 10,27% de la variance totale. La troisième composante explique 8,58% de la variance totale et elle est liée à la hauteur pré-maxillaire (PMH). Finalement, la quatrième composante explique 7,21% de la variance et elle n'est liée à aucune mesure en particulier.

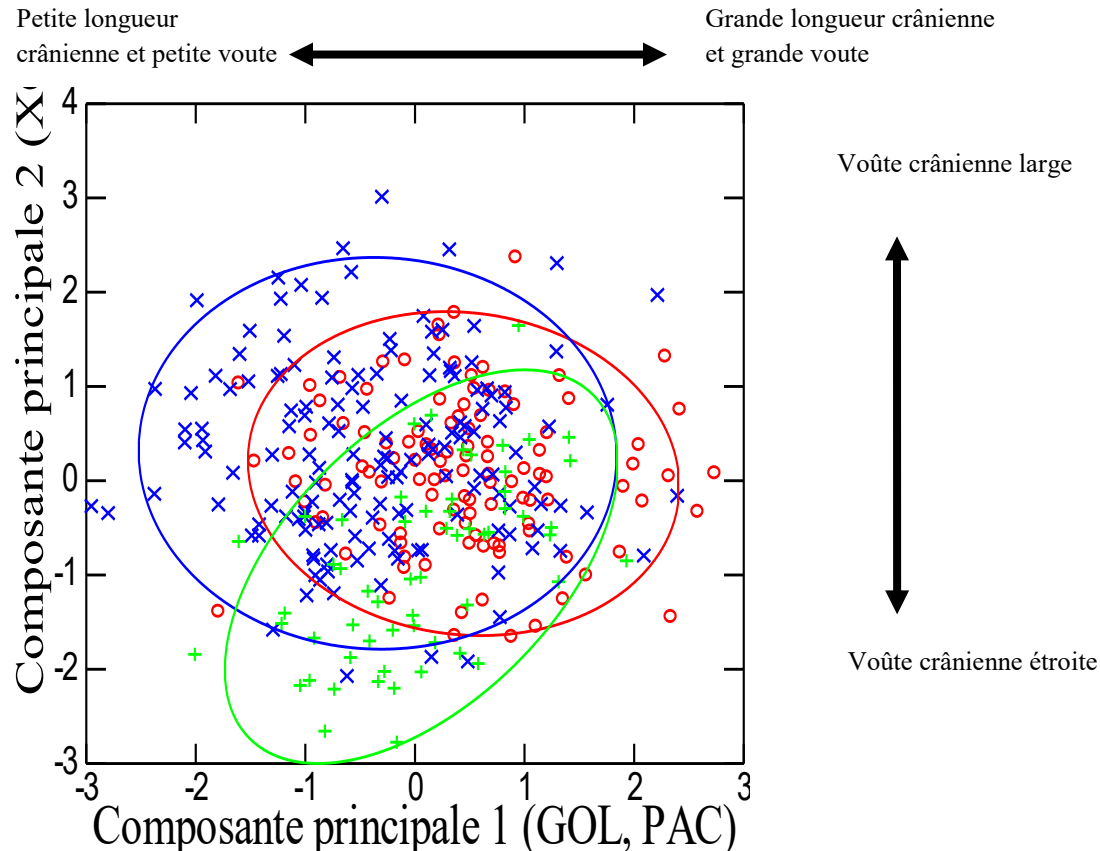
Une analyse de la variance ANOVA suivie d'un test post-hoc (Scheffé) ont été effectuées sur les quatre composantes extraites (scores de régression), et elle révèle que ce sont les composantes 1, 2 et 3 qui sont les plus discriminantes par rapport à la variation inter-populationnelle (tableau 26).

**Tableau 26. Analyse de la variance (ANOVA) sur les scores de régression obtenus de l'ACP et résultats des tests post-hoc pour tester les différences entre les hommes de l'île de Madagascar, d'Asie et d'Afrique.**

Composantes	Test de F	Signification <sup>1</sup>	Tests post-hoc <sup>1</sup>	
			Madagascar vs continent	Sig.
1	22,890	***	Madagascar vs Asie	***
			Madagascar vs Afrique	*
2	38,706	***	Madagascar vs Asie	NS
			Madagascar vs Afrique	***
3	37,527	***	Madagascar vs Asie	***
			Madagascar vs Afrique	NS
4	1,923	NS	Madagascar vs Asie	NS
			Madagascar vs Afrique	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

La figure 10 montre les composantes 1 et 2 qui sont les plus importantes au niveau de l'explication de la variation inter-populationnelle chez les hommes (Madagascar vs continents). En effet, les composantes 1 et 2 expliquent un pourcentage de la variance totale important tout en étant très significatives au niveau de l'analyse de la variance et des tests post-hoc. On remarque que les hommes de l'île de Madagascar se situent entre les individus asiatiques et africains. On note toutefois que les ellipses de confiance entre les asiatiques et les malgaches sont plus proches qu'entre les individus malgaches et africains.



**Figure 10. Analyse de la variation inter-populationnelle chez les hommes malgaches, asiatiques et africains. La composante principale 1 (axe x- 33,76% de la variance) vs la composante 2 (axe y- 10,27 % de la variance). Les ellipses de confiances représentent 90% de la variation (Madagascar =o, Asie=x, Afrique =+).**

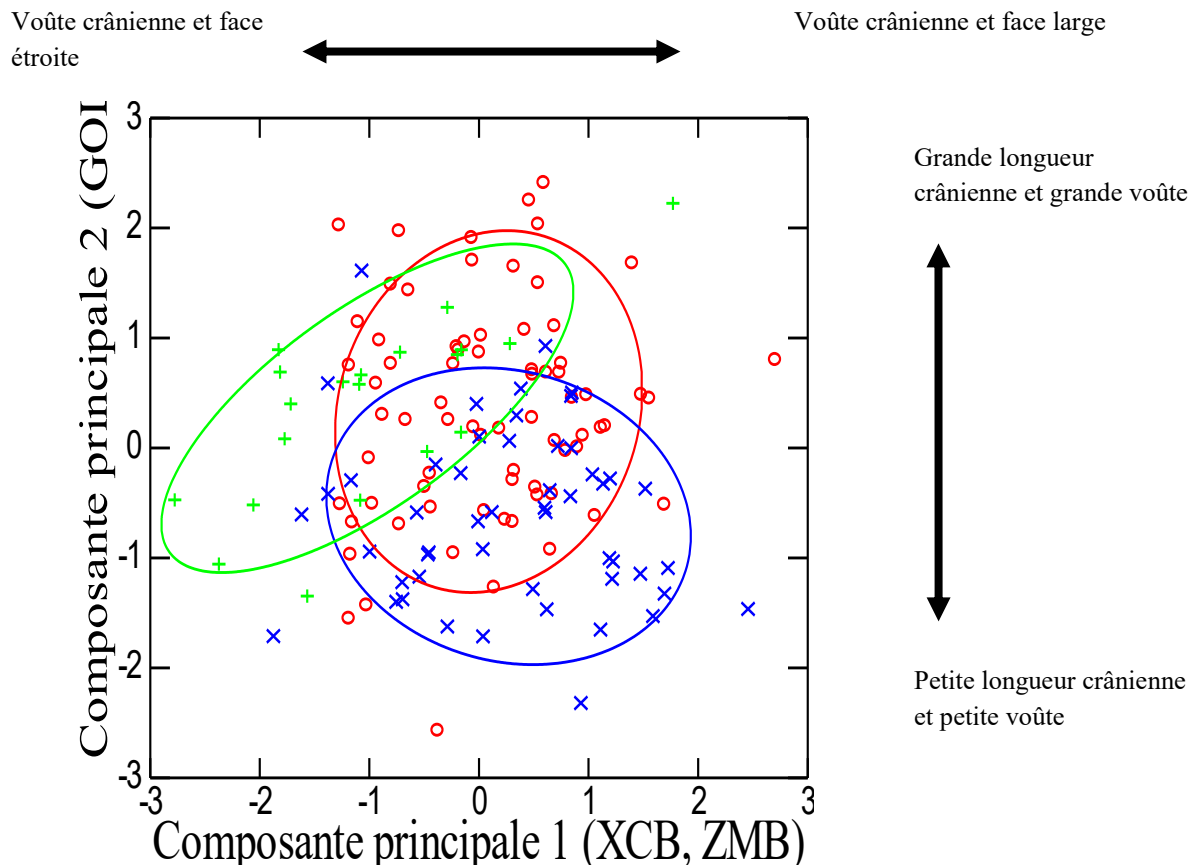
Pour les femmes nous avons extrait cinq composantes principales (N=145), le total expliquant 64,81% de la variance (annexe X, p.128). La première composante qui explique 30,87% de la variance totale est influencée par la largeur maximale du crâne (XCB) et la largeur bi-maxillaire (ZMB). La seconde qui est liée à la longueur maximale du crâne (GOL) et à la distance bregma-lambda (PAC) explique 10,15% de la variance totale. La troisième composante explique 9,64% de la variance totale et elle est liée à la largeur bi-orbitale (EKB), à la largeur nasale maximale (NLB) et à la largeur inter-orbitale (DKB). La quatrième composante explique 7,88% de la variance et elle est liée à la largeur et la longueur du foramen magnum (FOL et FOB). La cinquième composante est liée à la distance lambda-opisthion (OCC) et explique 6,27% de la variance totale.

Une analyse de la variance (ANOVA) suivie d'un test post-hoc (Scheffé) ont été effectués sur les cinq composantes extraites et révèle que ce sont les composantes 1,2 et 4 qui sont le plus significatives par rapport à la variation inter-populationnelle (tableau 27).

**Tableau 27. Analyse de la variance (ANOVA) sur les scores de régression obtenus de l'ACP et résultats du test post-hoc pour tester les différences entre les femmes malgaches, asiatiques et africaines.**

Composantes	Test de F	Signification <sup>1</sup>	Test post-hoc <sup>1</sup>	
			Madagascar vs continent	Sig.
1	14,938	***	Madagascar vs Asie	NS
			Madagascar vs Afrique	***
2	18,974	***	Madagascar vs Asie	***
			Madagascar vs Afrique	NS
3	7,247	**	Madagascar vs Asie	**
			Madagascar vs Afrique	NS
4	20,246	***	Madagascar vs Asie	***
			Madagascar vs Afrique	*
5	0,255	NS	Madagascar vs Asie	NS
			Madagascar vs Afrique	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif



**Figure 11. Analyse de la variation inter-populationnelle chez les femmes malgaches, asiatiques et africaines. La composante principale 1 (axe x- 30,87% de la variance) vs la composante 2 (axe y- 10,15 % de la variance). Les ellipses de confiances représentent 75% de la variation (Madagascar =○, Asie=X, Afrique =+).**

La figure 11 montre les composantes les plus significatives au niveau de la variation inter-populationnelle chez les femmes (Madagascar vs continent). Les données nous

indiquent que les femmes de Madagascar se rapprochent tout autant des femmes africaines que des femmes asiatiques. En effet, les malgaches sont situés entre les ellipses de confiance africaine et asiatique. Les mêmes résultats sont retrouvés au niveau des hommes, mais à partir de variables différentes, et les différences intercontinentales sont plus marquées chez les femmes.

Pour les scores C (N=521), nous avons extrait six composantes qui expliquent 62,27% de la variance totale (annexe XI, p.129). La première composante explique 15,81% de la variance totale et elle est liée à la longueur basion-nasion (C-BNL) et la longueur basion-prosthion (C-BPL). La seconde composante extraite représente 13,63% de la variance totale et elle n'est reliée à aucune mesure en particulier. La troisième composante explique 11,17% de la variance totale et elle est liée à la largeur bi-zygomatique (C-ZYB). La quatrième composante explique 8,81% de la variance et elle est liée à la hauteur pré-maxillaire (C-PMH). La cinquième composante est liée à la largeur des orbites (C-OBBb) et explique 6,71% de la variance totale. Finalement, la dernière composante représente 6,15% de la variance totale et est liée à la largeur inter-orbitale (C-DKB).

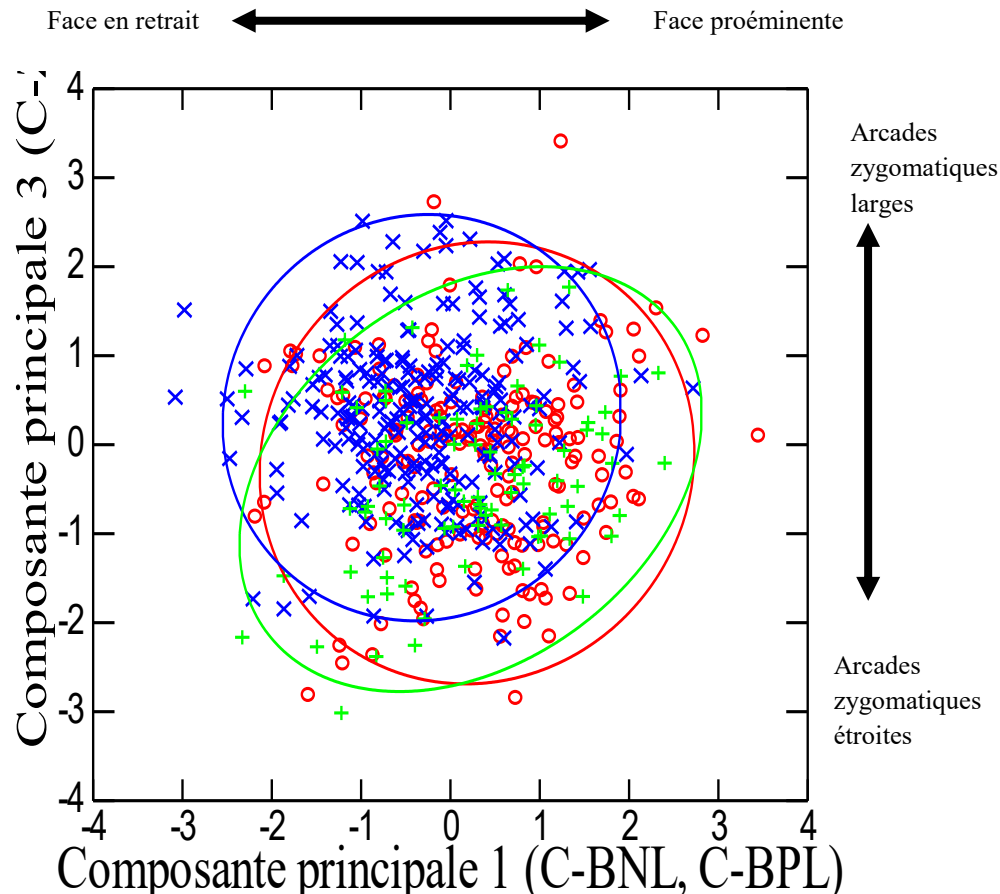
Une analyse de la variance (ANOVA) suivie d'un test post-hoc (Scheffé) ont été effectuées sur les six composantes extraites et révèle que toutes les composantes présentent des différences très significatives par rapport à la variation entre les malgaches, les asiatiques et les africains (tableau 28).

**Tableau 28. Analyse de la variance sur les scores de régression obtenus de l'ACP et résultats du test post-hoc pour tester les différences entre les malgaches, asiatiques et africaines (score C).**

Composantes	Test de F	Signification <sup>1</sup>	Test post-hoc <sup>1</sup>	
			Madagascar vs continent	Sig.
1	25,001	***	Madagascar vs Asie	***
			Madagascar vs Afrique	NS
			Madagascar vs continent	***
2	37,316	***	Madagascar vs Asie	***
			Madagascar vs Afrique	***
3	23,606	***	Madagascar vs Asie	***
			Madagascar vs Afrique	NS
4	27,607	***	Madagascar vs Asie	*
			Madagascar vs Afrique	***
5	14,801	***	Madagascar vs Asie	*
			Madagascar vs Afrique	*
6	21,564	***	Madagascar vs Asie	**
			Madagascar vs Afrique	*

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

La figure 12 montre les composantes les plus significatives au niveau de la variation pour les données corrigées pour la taille (Madagascar vs continent). On remarque que les individus de l'île de Madagascar se rapprochent plutôt des individus d'Asie, par opposition aux analyses précédentes qui ne montrent pas la prédominance d'un groupe par rapport à l'autre.



**Figure 12. Analyse de la variation inter-populationnelle pour les données corrigée pour la taille de l'île de Madagascar et de deux regroupements continentaux. La composante principale 1 (axe x- 15,81% de la variance) vs la composante 3 (axe y- 11,17% de la variance). Les ellipses de confiances représentent 95 % de la variation (Madagascar =  $\circ$ , Asie= $\times$ , Afrique = $+$ ).**

#### 4.3.2. La variation entre les regroupements géographiques (régionaux) et l'île de Madagascar

Nous avons sélectionné 1605 individus pour les données brutes et 1707 individus pour les données corrigées dans cette section. Ils proviennent de l'île de Madagascar (121 hommes et 79 femmes, 209 individus pour le score C), du regroupement du nord de l'Asie du Sud-est (180 hommes et 111 femmes, 322 pour le score C), du regroupement du sud de l'Asie du Sud-est (454 hommes et 119 femmes, 586 pour les scores C), du



regroupement du sud de l’Afrique (116 hommes et 65 femmes, 189 pour les scores C) et du regroupement de la côte Sud-est africaine (222 hommes et 138 femmes, 401 pour les scores C).

#### 4.3.2.1. Analyses univariées

Comme dans la section précédente, nous avons effectué trois analyses de la variance (ANOVA) afin de déterminer si des différences existent entre ces cinq échantillons de populations selon les données brutes (hommes et femmes séparées) ou corrigées (tableau 29, 30 et 31).

**Tableau 29. Résultats de l’analyse de la variance (ANOVA) entre les hommes des échantillons des regroupements géographiques au niveau de 23 mesures (N=1093).**

Mesure	Test de F	Signification <sup>1</sup>
GOL	117,580	***
XCB	65,843	***
ASB	22,716	***
FRC	22,758	***
PAC	16,097	***
OCC	20,004	***
NPH	3,018	*
EKB	33,059	***
ZMB	3,419	**
MAB	7,526	***
PMH	8,542	***
NLHa	49,673	***
NLB	6,544	***
DKB	17,350	***
OBBb	4,269	**
OBH	3,331	*
BIMAS.BRa	12,876	***
FOL	15,711	***
BcB	0,406	NS
LPB	6,402	***
GPO	29,660	***
MLC	10,796	***
MWC	0,777	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

**Tableau 30. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les femmes des échantillons des regroupements géographiques au niveau de 24 mesures (N=512).**

Mesure	Test de F	Signification <sup>1</sup>
GOL	79,382	***
XCB	23,314	***
ASB	5,459	***
FRC	11,302	***
PAC	10,541	***
OCC	16,012	***
EKB	15,136	***
ZMB	5,684	***
PMH	8,457	***
NLHa	18,213	***
NLHb	3,048	*
NLB	14,412	***
DKB	7,831	***
OBBa	26,804	***
OBBb	4,441	**
OBH	3,563	**
BIMAS.BRa	2,936	*
FOL	11,971	***
FOB	7,699	***
BcB	2,444	*
LPB	12,850	***
GPO	8,823	***
MLC	3,012	*
MWC	0,810	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

**Tableau 31. Résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) entre les scores C des échantillons des regroupements géographiques au niveau de 23 mesures (N=1707).**

Mesure	Test de F	Signification <sup>1</sup>
C-XCB	107,716	***
C-ASB	5,751	***
C-FRC	14,352	***
C-PAC	7,961	***
C-OCC	17,093	***
C-BBH	72,343	***
C-BNL	64,740	***
C-BPL	103,956	***
C-ZYB	33,144	***
C-EKB	29,586	***
C-ZMB	21,969	***
C-PMH	20,631	***
C-DKB	15,576	***
C-OBBb	7,223	***
C-OBH	16,369	***
C-BIMAS.BRa	8,832	***
C-BcB	4,857	**
C-LPB	10,627	***
C-GPO	25,138	***
C-MLC	35,074	***
C-MWC	9,719	***

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

On note qu'il existe des différences marquées entre les individus des différentes populations examinées ici, autant pour les données brutes, que pour les données corrigées pour la taille. A la suite des analyses de variance, des tests post-hoc (Scheffé et Tamhane) ont été effectués dans le but de préciser entre quels échantillons de populations les différences sont les plus significatives (annexes XII, XIII et XIV, p.130-134).

Chez les hommes on note qu'il existe une plus grande différence entre les malgaches et les individus du nord de l'Asie du sud-est (11 mesures significativement différentes) ainsi qu'entre les malgaches et les échantillons du Sud de l'Asie du sud-est et de la côte sud-est africaine (7 et 8 mesures significativement différentes respectivement). Au contraire, on remarque qu'il y a peu de différences entre les malgaches et les populations du sud de l'Afrique (1 mesure significativement différente). On remarque aussi que les femmes malgaches se rapprochent des femmes du sud de l'Afrique (aucune mesure significativement différente). Et nous notons qu'il y a peu de différences significatives entre les femmes malgaches et celles des échantillons du nord et du sud de l'Asie du sud-est (4 et 5 mesures significativement différentes) ainsi qu'entre les femmes de la côte sud-est africaine (3 mesures significativement différentes).

Au niveau des scores C (sexe confondu), les différences sont similaires à celles retrouvées pour les hommes et les femmes. Les individus malgaches se rapprochent plus des individus du sud de l'Afrique (2 mesures significativement différentes) que des individus du nord et du sud de l'Asie du sud-est (9 mesures significativement différentes chacune) et des côtes sud-est africaines (6 mesures significativement différentes).

#### 4.3.2.2. Analyses multivariées

Pour les analyses qui suivent, seules les variables présentant une différence très significative au niveau de la différenciation régionale ont été conservées ( $P < 0,001$ ). De plus, nous avons éliminé les mesures NLHb et BIMAS.BRa puisque celle-ci sont très proches de NLHa et BIMAS.BRb, mais elles sont moins significatives.

Pour les analyses en composantes principales, six composantes principales ont été extraites chez les hommes ( $N=310$ ), le total expliquant 57,87% de la variance (annexe XV, p.136). La première composante qui explique 31,90% de la variance totale est influencée par la longueur maximale crânienne (GOL) et la distance bregma-lambda (PAC). La seconde explique 10,65% de la variance totale. La troisième composante

explique 8,49% de la variance totale. Les composantes 2 et 3 ne sont pas influencées de façon importante par certaines mesures, cependant la composante 2 se rapproche le plus de la mesure BIMAS.Bra (la distance entre les deux mastoïdes) et la composante 3 de la mesure NLB (la largeur nasale maximale). La quatrième composante explique 6,83% de la variance et elle est liée à la hauteur pré-maxillaire (PMH).

Une analyse de la variance (ANOVA) suivie de différents tests post-hoc (Scheffé ou Tamhane) a été effectuée sur les quatre composantes extraites et révèle que ce sont les composantes 1 et 2 qui sont les plus discriminantes par rapport à la variation inter-populationnelle (tableau 32). La figure 13 montre les composantes les plus significatives au niveau de la variation inter-populationnelle chez les hommes (Madagascar vs régions). Les hommes malgaches sont plus similaires aux individus du sud de l'Asie du Sud-est.

**Tableau 32. Analyse de la variance des scores de régressions obtenus de l'ACP et résultats des tests post-hoc entre l'île de Madagascar et aux regroupements régionaux par rapport à la variation intra-populationnelle chez les hommes.**

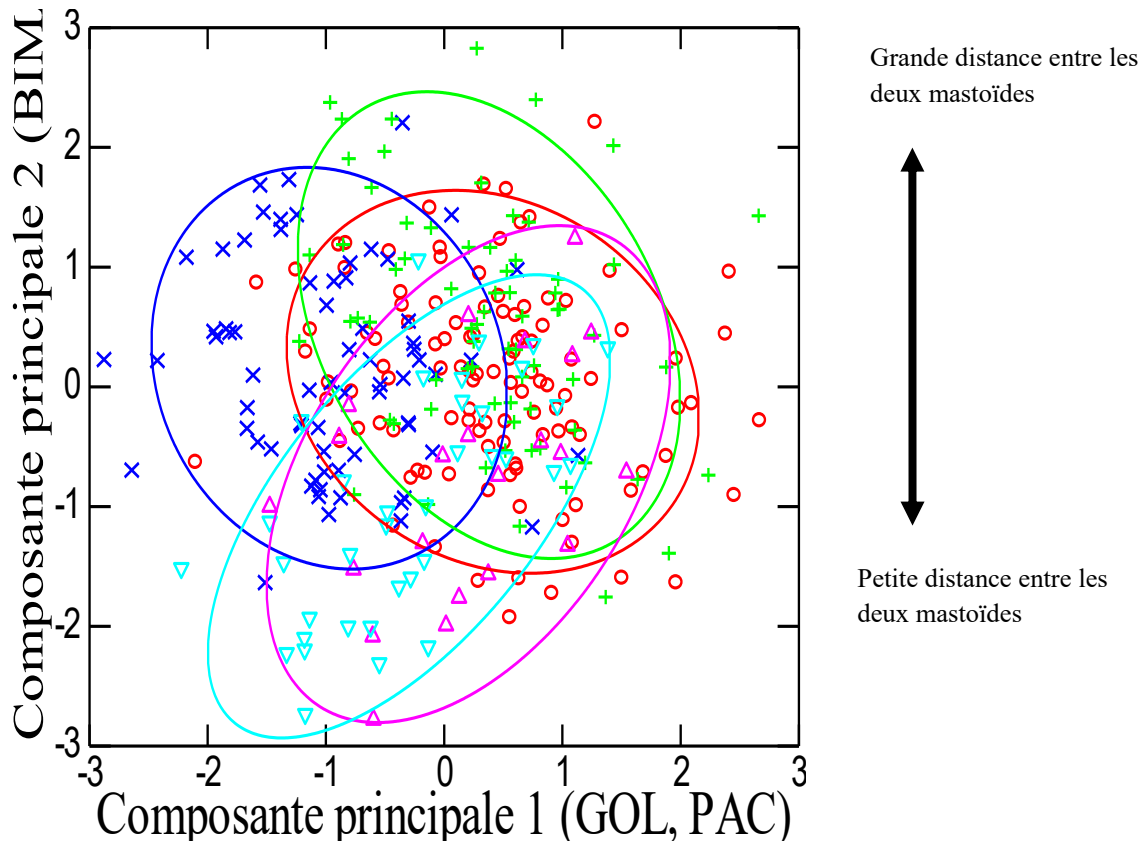
Composantes	Test de F	Signification <sup>1</sup>	Tests post-hoc <sup>1</sup>	
			Madagascar vs région	Sig.
1	35,585	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	**
2	21,637	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	*
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	**
			Madagascar vs côte sud-est africaine	***
3	7,710	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	**
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	**
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
4	10,531	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

Petite longueur  
crânienne et petite voûte



Grande longueur crânienne et  
grande voûte



**Figure 13. Analyse de la variation inter-populationnelle chez les hommes de l'île de Madagascar et entre les regroupements régionaux. La composante principale 1 (axe x-31,90 % de la variance) vs la composante 2 (axe y-10,65 % de la variance). Les ellipses de confiances représentent 85% de la variation (Madagascar =○, nord Asie du sud-est=X, sud Asie du sud-est=+, sud de l'Afrique=△, côte sud-est africaine=▽).**

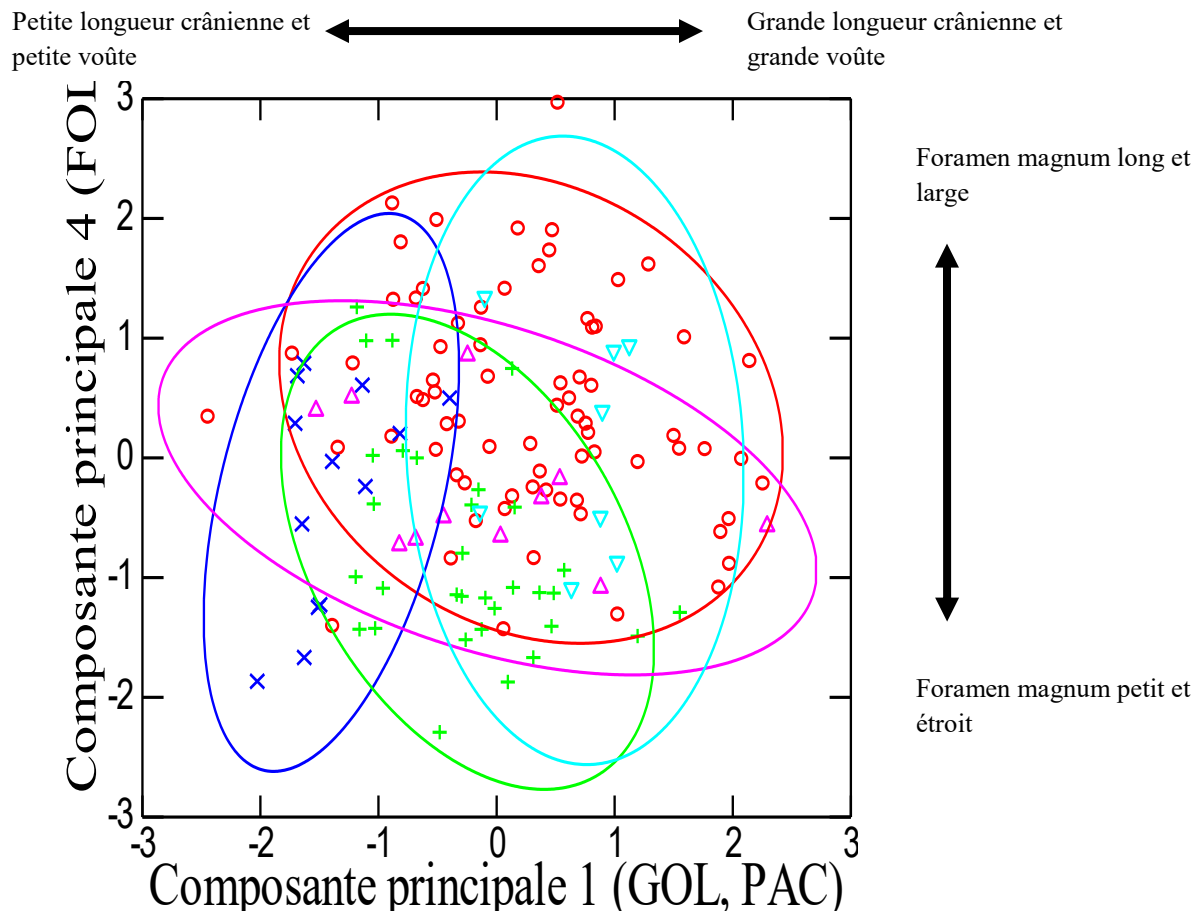
Pour les femmes nous avons extrait cinq composantes principales (N=138), le total expliquant 63,87% de la variance (annexe XVI, p.137). La première composante qui explique 28,35% de la variance totale est influencée par la longueur maximale du crâne (GOL) et la distance bregma-lambda (PAC). La seconde qui est liée à la largeur maximale du crâne (XCB) explique 10,71% de la variance totale. La troisième composante explique 10,26% de la variance totale et elle est liée à la largeur inter-orbitale (DKB), à la largeur bi-orbitale (EKB) et à la largeur nasale (NLB). La quatrième composante explique 8,25% de la variance et elle est liée à la largeur et à la longueur du foramen magnum (FOB et FOL). La cinquième composante est liée à la distance lambda-opisthion (OCC) et explique 6,30% de la variance totale.

Une analyse de la variance (ANOVA) suivie d'un test post-hoc (Scheffé) ont été effectuées sur les cinq composantes extraites et révèlent que ce sont les composantes 1 et 4 qui sont les plus discriminantes par rapport à la variation inter-populationnelle (tableau 33). La figure 14 montre les composantes les plus significatives au niveau de la variation inter-populationnelle chez les femmes (Madagascar vs régions). On remarque que les femmes malgaches se rapprochent plus des femmes d'origine africaines (sud de l'Afrique et côte sud-est africaine).

**Tableau 33. Analyse de la variance sur les scores de régressions obtenues de l'ACP avec des tests post-hoc entre l'île de Madagascar et les différentes régions sélectionnées par rapport à la variation inter-populationnelle pour les femmes.**

Composantes	Test de F	Signification <sup>1</sup>	Tests post-hoc <sup>1</sup>	
			Madagascar vs région	Sig.
1	12,437	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
2	9,607	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	*
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
3	4,188	**	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
4	11,205	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
5	1,726	NS	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif



**Figure 14. Analyse de la variation inter-populationnelle chez les femmes de l'île de Madagascar et entre les regroupements régionaux. La composante principale 1 (axe x- 28,35 % de la variance) vs la composante 4 (axe y- 8,25 % de la variance). Les Ellipses de confiances représentent 90 % de la variation (Madagascar =  $\circ$ , nord Asie du sud-est= $\times$ , sud Asie du sud-est= $+$ , sud de l'Afrique= $\triangle$ , côte sud-est africaine= $\nabla$ ).**

Pour les scores C (N=490), nous avons extrait un grand nombre de composantes (7) qui explique 61,93% de la variance totale (annexe XVII, p.138). La première composante explique 13,99% de la variance totale et elle est liée à la longueur basion-nasion et basion-prosthion (C-BNL et C-BPL). La seconde composante extraite représente 11,48% de la variance totale et elle est surtout reliée à la largeur des zygomatiques (C-ZYB). La troisième composante est liée à la largeur bi-orbitale (C-EKB) et représente 9,91% de la variance totale. La quatrième composante explique 8,85 % de la variance totale et est en relation avec la distance nasion-bregma (C-FRC). La cinquième composante est liée à la hauteur du pré-maxillaire (C-PMH) et explique 6,30% de la variance totale. La sixième composante est liée à la largeur bi-astérionique (C-ASB) et représente 5,98% de la

variance totale. Finalement, la dernière composante est liée à la hauteur des orbites (C-OBH) et explique 5,43% de la variance totale.

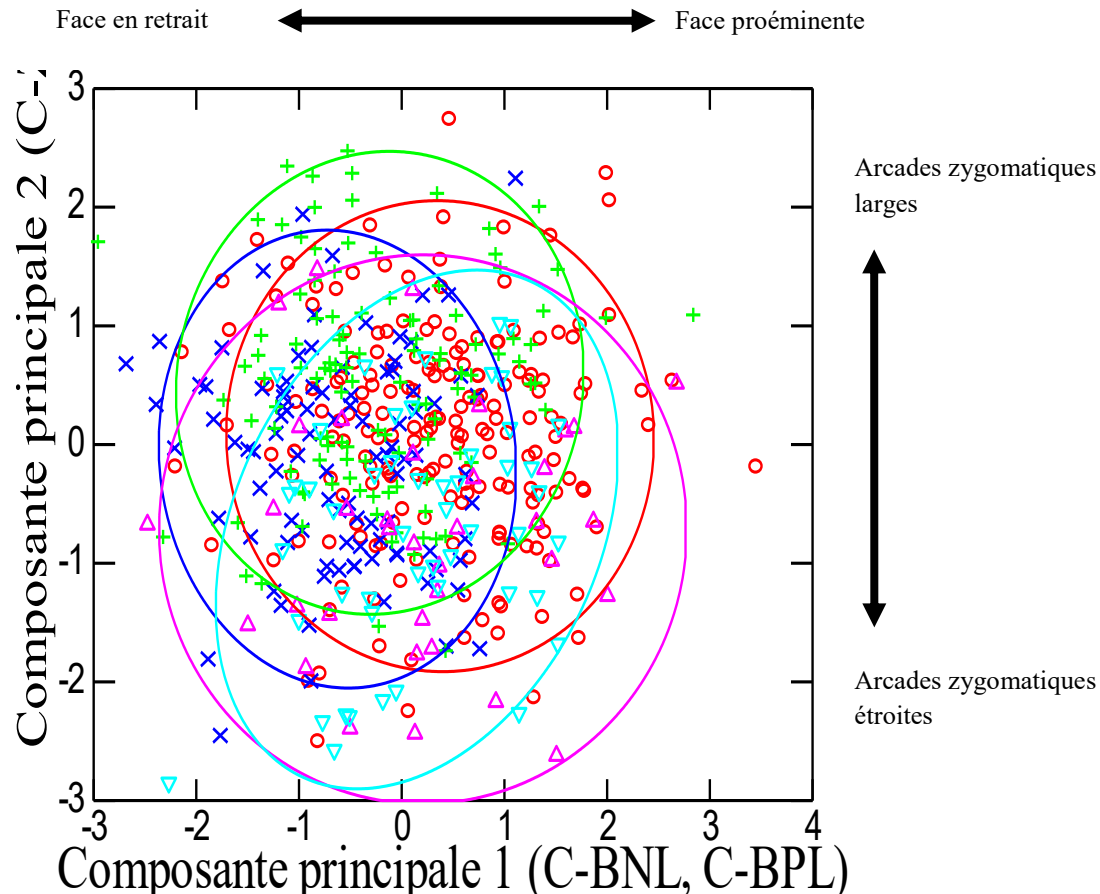
Une analyse de la variance (ANOVA) suivie de tests post-hoc (Scheffé) ont été effectuées sur les sept composantes extraites et révèle que ce sont les composantes 1 et 2, qui sont les plus discriminantes par rapport à la variation inter-populationnelle (tableau 34). La figure 15 montre les composantes les plus significatives au niveau de la variation inter-populationnelle pour les données corrigées pour la taille (Madagascar vs région). L'ellipse de confiance des individus malgaches se rapproche des ellipses des individus d'origines asiatiques (Nord et Sud de l'Asie du sud-est).

**Tableau 34. Analyse de la variance sur les scores de régression obtenus de l'ACP et les résultats des tests post-hoc entre l'île de Madagascar et deux continents par rapport à la variation intra-populationnelle.**

Composantes	Test de F	Signification <sup>1</sup>	Test post-hoc <sup>1</sup>	
			Madagascar vs région	Sig.
1	21,130	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
2	22,932	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	**
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	***
			Madagascar vs côte sud-est africaine	***
3	20,264	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
4	14,505	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	*
5	18,769	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	*
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
6	18,991	***	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	**
7	4,140	**	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
			Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
			Madagascar vs côte sud-est africaine	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif





**Figure 15. Analyse de la variation inter-populationnelle pour les données corrigées pour la taille de l'île de Madagascar et entre les regroupements régionaux. La composante principale 1 (axe x- 13,99% de la variance) vs la composante 2 (axe y- 11,48% de la variance). Les ellipses de confiances représentent 90% de la variation (Madagascar =○, nord Asie du sud-est=X, sud Asie du sud-est=+, sud de l'Afrique=△, côte sud-est africaine=▽).**

#### 4.3.3. Classification des individus malgaches dans les regroupements géographiques par l'analyse discriminante multiple

Cette analyse va nous permettre de classer des cas inconnus (les individus malgaches) dans un groupe défini (régions géographiques citées ci-haut). Trois analyses avec différentes mesures suivant une distribution normale ont été exécutées dans cette section. Nous présenterons d'abord les résultats obtenus pour les hommes, puis les femmes et finalement ceux obtenus pour les données corrigées pour la taille ou sexe confondu (score C).

#### 4.3.3.1. Classification des hommes malgaches

L'échantillon est de 1109 hommes (N valide =209). Quatre fonctions discriminantes ont été calculées par l'analyse discriminante multiple (tableau 35 et 36). Nous allons détailler seulement les deux premières fonctions. Celles-ci expliquent respectivement 47,70% et 41,10% de la variance totale. La longueur maximale du crâne (GOL) est la variable qui a le plus d'impact sur la fonction 1. La deuxième fonction est quant à elle liée à la largeur bi-orbitale (EKB).

**Tableau 35. Valeur propre et pourcentage de la variance des fonctions discriminantes chez les hommes (N=209) lors d'une analyse discriminante.**

Fonction	Valeur propre	% de la variance	% cumulé	Lambda de Wilks	Khi-deux	Sig.
1	1,345	47,70	47,70	0,149	381,236	***
2	1,159	41,10	88,80	0,349	210,796	***
3	0,261	9,20	98,10	0,753	56,859	***
4	0,054	1,90	100,00	0,949	10,557	NS

<sup>1</sup>Signification après un test de Khi-Deux : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

**Tableau 36. Coefficients des fonctions discriminantes canoniques standardisées chez les hommes de 5 regroupements régionaux.**

	Fonction			
	1	2	3	4
GOL	<b>-1,199</b>	-0,498	-0,163	<b>-0,752</b>
ASB	-0,091	0,316	0,057	<b>0,823</b>
PAC	0,480	0,214	-0,221	<b>0,785</b>
OCC	0,281	0,404	0,544	-0,091
EKB	-0,687	<b>0,935</b>	0,129	-0,953
ZMB	0,493	-0,227	-0,159	-0,054
PMH	0,121	-0,412	0,289	-0,023
NLHa	0,474	-0,066	0,519	-0,431
DKB	-0,209	-0,446	0,622	<b>0,861</b>
OBBb	0,197	-0,634	-0,022	0,126
GPO	0,320	0,697	-0,417	0,226

**Tableau 37. Probabilité à priori pour les hommes des régions géographiques utilisés dans l'analyse discriminante multiple (N=209).**

Région géographique	Probabilités à priori (%)	Observations utilisées dans l'analyse
		Non pondérées
Sous-continent indien	5,70	12
Nord de l'Asie du sud-est	33,0	69
Sud de l'Asie du sud-est	34,00	71
Sud de l'Afrique	10,50	22
Côte sud-est africaine	16,70	35
Total	100,00	209

Le tableau 37, nous indique que la différenciation sera la plus forte pour les groupes du Nord et du Sud de l'Asie du sud-est (33% et 34% de chance qu'un cas appartienne à ces deux groupes).

Au total, 50% des hommes malgaches sont assignés aux individus du sud de l'Asie du sud-est, 24,1% des malgaches au groupe du sud de l'Afrique, 20,7% des malgaches aux habitants de la côte sud-est africaine et finalement 5,2% des hommes malgaches aux peuples du nord de l'Asie du sud-est (tableau 38). On peut noter que 78,6% des observations originales sont classées correctement. Ces résultats indiquent clairement une origine triple des hommes malgaches, avec une prépondérance pour une origine venant du sud de l'Asie du sud-est.

**Tableau 38. Résultats de la classification des hommes malgaches selon 5 groupes régionaux (N=336)**

	Groupes régionaux	Appartenance au groupe prévu					Total
		Sous-continent indien	Nord Asie du sud-est	Sud Asie du sud-est	Sud Afrique	Côte sud-est africaine	
Effectif	Sous-continent indien	8	5	0	0	3	16
	Nord Asie du sud-est	1	66	4	0	3	74
	Sud Asie du sud-est	0	5	64	4	0	73
	Sud Afrique	0	2	3	10	7	22
	Côte sud-est africaine	2	3	2	3	25	35
	Madagascar	<b>0</b>	<b>6</b>	<b>58</b>	<b>28</b>	<b>24</b>	<b>116</b>
%	Sous-continent indien	50,0	31,3	0	0	18,8	100,0
	Nord Asie du sud-est	1,4	89,2	5,4	0	4,1	100,0
	Sud Asie du sud-est	0	6,8	87,7	5,5	0	100,0
	Sud Afrique	0	9,1	13,6	45,5	31,8	100,0
	Côte sud-est africaine	5,7	8,6	5,7	8,6	71,4	100,0
	Madagascar	<b>0</b>	<b>5,2</b>	<b>50,0</b>	<b>24,1</b>	<b>20,7</b>	<b>100,0</b>

#### 4.3.3.2. Classification des femmes malgaches

L'échantillon est de 519 femmes (N valide =71). Quatre fonctions discriminantes ont été calculées par l'analyse discriminante multiple (tableau 39 et 40). Nous allons détailler seulement les deux premières fonctions. Celles-ci expliquent respectivement 63,30% et 22,30% de la variance totale. La largeur bi-maxillaire (ZMB) est la variable qui a le plus d'impact sur la fonction 1. La deuxième fonction est quant à elle liée à la largeur des orbites (OBBa) et à la largeur bi-orbitale (EKB).

**Tableau 39. Valeur propre et pourcentage de la variance des fonctions discriminantes chez les femmes (N=71) lors d'une analyse discriminante.**

Fonction	Valeur propre	% de la variance	% cumulé	Lambda de Wilks	Khi-deux	Sig.
1	2,133	63,30	63,3	0,120	136,812	***
2	0,751	22,30	85,6	0,376	63,144	***
3	0,405	12,00	97,6	0,658	27,008	**
4	0,082	2,40	100,00	0,924	5,098	NS

<sup>1</sup>Signification après un test de Khi-Deux : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

**Tableau 40. Coefficients des fonctions discriminantes canoniques standardisées chez les femmes de 5 regroupements régionaux.**

	Fonction			
	1	2	3	4
GOL	0,560	0,148	<b>-0,709</b>	-0,522
ASB	-0,143	0,031	1,122	-0,212
EKB	0,502	<b>0,773</b>	0,470	0,328
ZMB	<b>-0,956</b>	0,412	-0,600	0,416
PMH	0,574	-0,134	-0,159	<b>0,713</b>
OBBa	0,100	<b>-0,922</b>	0,383	-0,014

Le tableau 41, nous indique que la différenciation sera la plus forte pour les groupes du Sud de l'Asie du sud-est (45,10% de chance qu'un cas appartient à ses deux groupes).

**Tableau 41. Probabilité à priori pour les hommes des régions géographiques utilisés dans l'analyse discriminante multiple (N=71).**

Région géographique	Probabilités à priori (%)	Observations utilisées dans l'analyse
		Non pondérées
Sous-continent indien	9,00	7
Nord de l'Asie du sud-est	18,30	13
Sud de l'Asie du sud-est	45,10	32
Sud de l'Afrique	15,50	11
Côte sud-est africaine	11,30	8
Total	100	71

Au total, 42,7% des malgaches sont assignés aux individus du sud de l'Asie du sud-est, 40% des malgaches au groupe du sud de l'Afrique, 12% des malgaches aux habitants de la côte sud-est africaine et finalement 5,3% des femmes malgaches aux peuples du nord de l'Asie du sud-est (tableau 42). On peut noter que 85,9% des observations originales sont classées correctement. Ces résultats indiquent clairement une origine double des femmes malgaches.

**Tableau 42. Résultats de la classification des femmes malgaches selon 5 groupes régionaux (N=146)**

	Groupes régionaux	Appartenance au groupe prévu					Total
		Sous-continent indien	Nord Asie du sud-est	Sud Asie du sud-est	Sud Afrique	Côte sud-est africaine	
Effectif	Sous-continent indien	7	0	0	0	0	7
	Nord Asie du sud-est	1	10	2	0	0	13
	Sud Asie du sud-est	1	2	28	1	0	32
	Sud Afrique	0	0	0	10	1	11
	Côte sud-est africaine	0	0	0	2	6	8
	Madagascar	<b>0</b>	<b>4</b>	<b>32</b>	<b>30</b>	<b>9</b>	<b>75</b>
%	Sous-continent indien	100,0	0	0	0	0	100,0
	Nord Asie du sud-est	7,7	76,9	15,4	0	0	100,0
	Sud Asie du sud-est	3,1	6,3	87,5	3,1	0	100,0
	Sud Afrique	0	0	0	90,9	9,1	100,0
	Côte sud-est africaine	0	0	0	25,0	75,0	100,0
	Madagascar	<b>0</b>	<b>5,3</b>	<b>42,7</b>	<b>40,0</b>	<b>12,0</b>	<b>100,0</b>

#### 4.3.3.3. Classification pour les données corrigées pour la taille (score C ou sexe confondu)

L'échantillon est de 1739 individus (N valide =329). Quatre fonctions discriminantes ont été calculées par l'analyse discriminante multiple (tableau 43 et 44 ). Nous allons détailler seulement les deux premières fonctions. Celles-ci expliquent respectivement 58,80% et 29,00% de la variance totale. La hauteur totale du crâne (C-BBH) est la variable qui a le plus d'impact sur la fonction 1. La deuxième fonction n'est quant à elle reliée à aucune variable en particulier.

**Tableau 43. Valeur propre et pourcentage de la variance des fonctions discriminantes (N=329) lors d'une analyse discriminante sur les scores C.**

Fonction	Valeur propre	% de la variance	% cumulé	Lambda de Wilks	Khi-deux	Sig.
1	1,267	58,80	58,80	0,214	492,329	***
2	0,625	29,00	87,8	0,484	231,219	***
3	0,235	10,90	92,7	0,787	76,248	***
4	0,028	1,30	100,00	0,973	8,843	NS

<sup>1</sup>Signification après un test de Khi-Deux : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

**Tableau 44. Coefficients des fonctions discriminantes canoniques standardisées chez les individus (score C) de 5 regroupements régionaux.**

	Fonction			
	1	2	3	4
C-ASB	0,099	0,245	0,188	<b>0,873</b>
C-FRC	0,418	0,047	0,242	0,330
C-PAC	0,315	0,206	0,556	-0,005
C-OCC	0,184	0,420	-0,040	-0,081
C-BBH	<b>-0,720</b>	0,042	0,107	0,166
C-BNL	0,594	0,381	0,284	-0,422
C-ZYB	-0,336	0,277	-0,090	-0,040
C-EKB	0,552	0,292	-0,396	0,093
C-ZMB	-0,168	-0,167	0,553	-0,030
C-PMH	0,402	-0,183	0,271	0,255
C-BcB	0,273	-0,080	0,436	-0,106
C-LPB	0,266	-0,241	0,409	0,509
C-GPO	-0,240	0,291	0,316	0,055

**Tableau 45. Probabilité à priori pour les individus (score C) des régions géographiques utilisés dans l'analyse discriminante multiple.**

Région géographique	Probabilités à priori (%)	Observations utilisées dans l'analyse
		Non pondérées
Sous-continent indien	8,80	29
Nord de l'Asie du sud-est	29,80	98
Sud de l'Asie du sud-est	35,30	116
Sud de l'Afrique	10,90	36
Côte sud-est africaine	15,20	50
Total	100	329

Le tableau 45, nous indique que la différenciation sera la plus forte pour les groupes du Nord et du Sud de l'Asie du sud-est (35,30% et 29,80% de chance qu'un cas appartienne à ces deux groupes). Au total, 44% des malgaches sont assignés aux individus du sud de l'Asie du sud-est, 21,2% des malgaches aux habitants de la côte sud-est africaine, 19,7% des malgaches au groupe du sud de l'Afrique, 9,3 % des individus malgaches correspondent aux groupes du nord de l'Asie du sud-est et finalement 5,7% des malgaches aux peuples du nord de l'Asie du sud-est (tableau 46). On peut noter que 73,2% des observations originales sont classées correctement. Ces résultats coïncident avec les résultats obtenus pour les hommes malgaches qui indiquent une origine triple des malgaches, avec une prépondérance pour une origine venant du sud de l'Asie du sud-est.

Toutefois, on note que pour les scores C (sexes confondus), le groupe des individus de la côte sud-est africaine est plus important que le groupe des individus du sud de l'Afrique et que des malgaches sont classés parmi les groupes du sous-continent indien.

**Tableau 46. Résultats de la classification des individus malgaches (score C) selon 5 groupes régionaux (N=525)**

	Groupes régionaux	Appartenance au groupe prévu					Total
		Sous-continent indien	Nord Asie du sud-est	Sud Asie du sud-est	Sud Afrique	Côte sud-est africaine	
Effectif	Sous-continent indien	18	5	4	1	3	31
	Nord Asie du sud-est	2	83	11	0	2	98
	Sud Asie du sud-est	3	14	92	2	5	116
	Sud Afrique	2	4	7	16	8	37
	Côte sud-est africaine	2	3	6	5	34	50
	Madagascar	<b>11</b>	<b>18</b>	<b>85</b>	<b>38</b>	<b>41</b>	<b>193</b>
%	Sous-continent indien	58,1	16,1	12,9	3,2	9,7	100,0
	Nord Asie du sud-est	2,0	84,7	11,2	0	2,0	100,0
	Sud Asie du sud-est	2,6	12,1	79,3	1,7	4,3	100,0
	Sud Afrique	5,4	10,8	18,9	43,2	21,6	100,0
	Côte sud-est africaine	4,0	6,0	12,0	10,0	68,0	100,0
	Madagascar	<b>5,7</b>	<b>9,3</b>	<b>44,0</b>	<b>19,7</b>	<b>21,2</b>	<b>100,0</b>

#### **4.4. Analyse RMET**

Nous avons utilisé les données obtenues par un échantillonnage aléatoire, présenté au chapitre 3, avec les mesures corrigées pour la taille (C-GOL, C-XCB, C-NPH, C-NLHa, C-NLB, C-DKB, C-OBBa et C-OBH) afin d'équilibrer la taille des échantillons.

Les analyses RMET ont été réalisées en 2 étapes.

Étape 1 (analyse 1) : Nous avons exploré les différences/ similarités existant au sein du regroupement malgache (N=59) en utilisant 4 régions (Nord de Madagascar, N=15 ; Côte est, sud et sud-est de Madagascar, N=15 ; Côte ouest de Madagascar, N=15 ; Centre et plateau de Madagascar, N=14).

Étape 2 (analyses 2 à 4) : Nous avons analysé les différences/ similarités entre les populations malgaches et quelques populations des continents africains, asiatiques et européens (N=129). Ces populations ont été choisies en fonction de la taille des échantillons et des variables disponibles telles que : île de Bornéo (N=13), Inde (N=14), île de Java (N=14), Kenya (N=14), Mozambique (N=15), Nouvelle-Guinée (N=16),

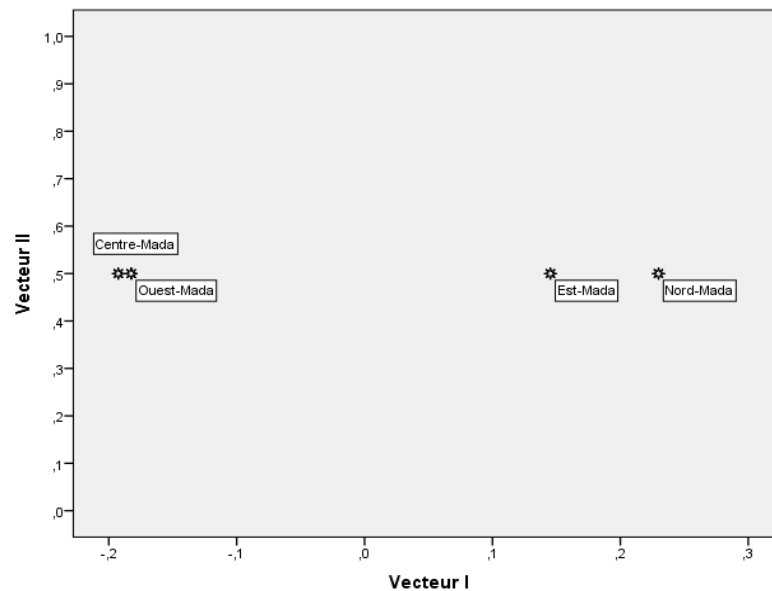
Philippines (N=14), Tanzanie (N=15) et Europe (N=14). Durant cette étape, les groupes malgaches ont été comparés à l'Asie et à l'Afrique.

Nous présenterons d'abord les principales coordonnées de la matrice de R à l'aide de diagrammes de dispersion (ordre des distances génétiques). Puis nous examinerons les résultats du niveau de diversité phénotypique ( $F_{ST}$ ). Finalement, nous détaillerons les analyses de variance résiduelle de la population malgaches.

#### 4.4.1. Les ordres des distances génétiques

##### 4.4.1.1. Analyse 1 (populations malgaches)

Les deux valeurs propres correspondent à 100% de la variation au niveau des distances génétiques entre regroupements malgaches (figure 16). Les individus du regroupement centre et ouest de Madagascar sont très proches, alors que les populations du regroupement est et nord sont relativement proches entre elles et sont beaucoup plus éloignées des deux autres.



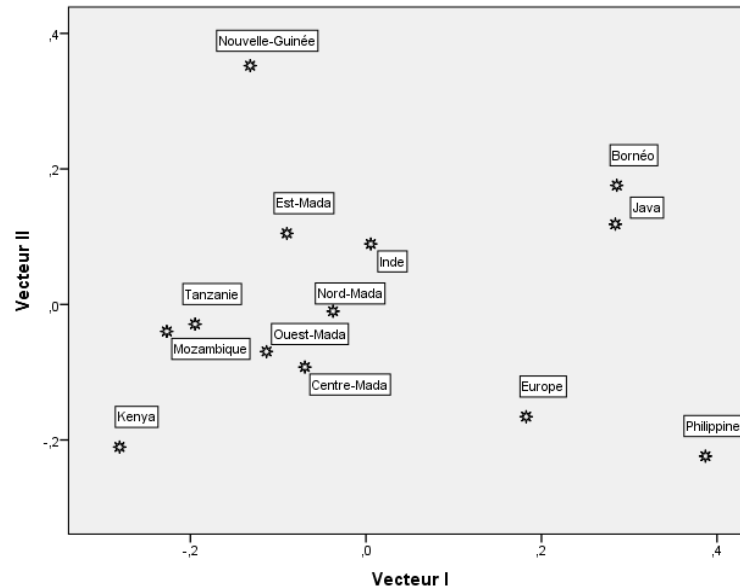
**Figure 16. Diagramme de dispersion entre les populations malgaches (N=59). Le vecteur I (axe x- 100% de la variation) vs le vecteur II (axe y- 0% de la variation).**

##### 4.4.1.2. Analyse 2 (populations malgaches vs populations Asie, Afrique et Europe)

Les deux valeurs propres correspondent à 70,6% de la variation au niveau des distances génétiques entre les populations malgaches et les populations d'Asie, d'Afrique



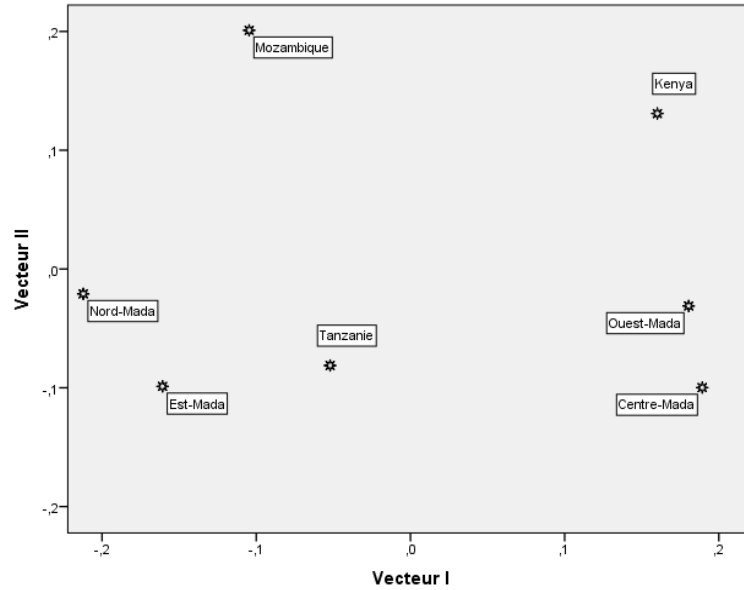
et d'Europe (figure 17). Les populations malgaches sont plus proches des peuples d'Afrique et d'Inde. On remarque que les populations européennes sont assez éloignées des populations malgaches et se rapprochent plutôt des philippins.



**Figure 17. Diagramme de dispersion entre les populations malgaches et les populations du continent africain et asiatique (N=188). Le vecteur I (axe x- 44,6% de la variation) vs le vecteur II (axe y- 26% de la variation).**

#### 4.4.1.3. Analyse 3 (populations malgaches vs populations africaines)

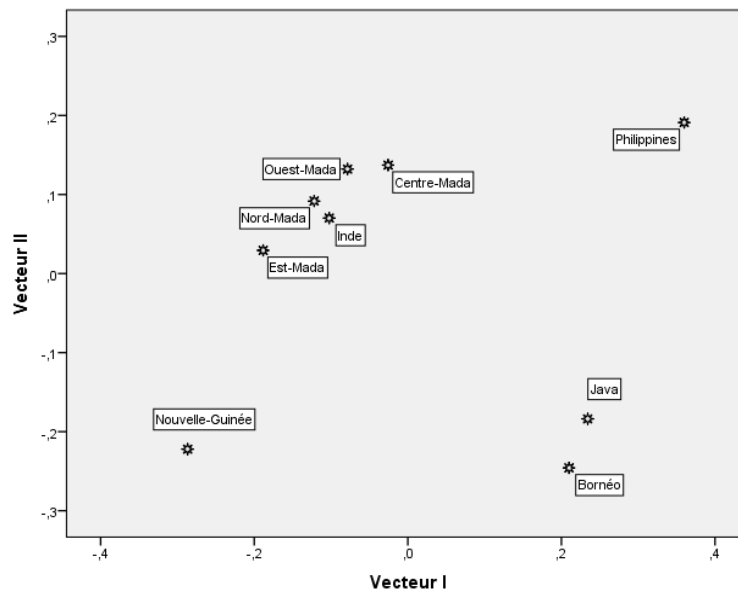
Les deux valeurs propres correspondent à 81,6% de la variation au niveau des distances génétiques entre les populations malgaches et les populations d'Afrique (figure 18). Les populations malgaches de l'Est et du Nord de Madagascar sont plus proches des peuples de la Tanzanie.



**Figure 18. Diagramme de dispersion entre les populations malgaches et les populations africaines (N=103). Le vecteur I (axe x- 55,2% de la variation) vs le vecteur II (axe y- 26,4% de la variation).**

#### 4.4.1.4. Analyse 4 (populations malgaches vs populations asiatiques)

Les deux valeurs propres correspondent à 74,4% de la variation au niveau des distances génétiques entre les populations malgaches et les populations d'Asie (figure 19). Les populations malgaches sont plus proches des peuples de l'Inde.



**Figure 19. Diagramme de dispersion entre les populations malgaches et les populations asiatiques (N=130). Le vecteur I (axe x- 46,2% de la variation) vs le vecteur II (axe y- 28,2% de la variation).**

#### 4.4.2. Le niveau de diversité phénotypique ( $F_{ST}$ )

On remarque que le niveau de diversité phénotypique est très peu élevé au sein du regroupement malgache ( $F_{ST}$  non biaisé : 0,021026) quand on le compare au  $F_{ST}$  (0,0362) obtenu par Relethford (2001 : 633) au niveau des populations de l'Asie de l'Est. Ce qui montre l'homogénéité de cette population. Le niveau de diversité phénotypique pour les populations malgaches regroupées à celles des deux continents est plus élevé ( $F_{ST}$  non biaisé : 0,079275). Aussi on note une diversité plus élevée pour l'analyse portant sur les populations asiatiques ( $F_{ST}$  non biaisé : 0,079333) comparativement à l'analyse au niveau des populations africaines qui ont un niveau bien plus bas presque similaire à l'analyse 1 ( $F_{ST}$  non biaisé : 0,032938). Relethford obtient un  $F_{ST}$  beaucoup plus haut au niveau des populations sub-sahariennes d'Afrique ( $F_{ST}$  : 0,0899), car ces dernières étaient échantillonnées sur tout le sous-continent. Par contre, nos populations malgaches se rapprochent ici plus de nos échantillons africains (plus restreints que ceux de Relethford) au niveau de leur degré de diversité (tableau 47).

**Tableau 47. Valeurs du  $F_{ST}$  avec erreurs standards pour chaque analyse effectuée.**

Analyse	$F_{ST}$	$F_{ST}$ non biaisé	Erreurs standards
1 (populations malgaches)	0,054955	0,021026	0,014024
2 (populations malgaches vs populations asiatiques, africaines et européennes)	0,113942	0,079275	0,010299
3 (populations malgaches vs populations africaines)	0,066952	0,032938	0,011510
4 (populations malgaches vs populations asiatiques)	0,114063	0,079333	0,012376

#### 4.4.3. Les analyses de la variance résiduelle sur les populations malgaches (analyse Relethford-Blangero)

On note l'existence d'un flux génique extra-local (extérieur à Madagascar) important pour l'est de Madagascar, car la valeur résiduelle est bien au-dessus de 0,100 (tableau 48). À l'inverse, les régions du Nord et de l'ouest ont plutôt une valeur en dessous, ce qui montre plutôt un phénomène inverse, c'est-à-dire des contacts biologiques externes inférieurs à la moyenne. On remarque que le centre de Madagascar possède une variance positive peu élevée (0,097), ce qui suggère qu'il y avait moins de contacts avec d'autres populations.

**Tableau 48. Analyse de la variance résiduelle au sein de la population malgache (N=59)**

Population	Distance phénotypique régionale au centroïde r (ii)	Variance moyenne observée	Variance moyenne attendue	Variance résiduelle
Nord de Madagascar	0,041722	0,725	0,976	-0,251
Côte Est de Madagascar	0,008329	1,359	1,010	0,348
Côte Ouest de Madagascar	0,015330	0,809	1,003	-0,194
Centre et plateau de Madagascar	0,018723	1,096	1,000	0,097

#### **4.5. Synthèse des résultats**

Le tableau 49 rassemble de façon visuelle tous les résultats pertinents de notre analyse exploratoire.

On note que le dimorphisme sexuel est marqué au sein de l'île de Madagascar, il est notamment très visible au sein du regroupement centre et plateau. Au niveau de la variation intra-populationnelle de l'île on remarque que les ethnies Antakarana et Sakalave sont proches entre elles et au contraire les Betsiléo et les Merina sont plus éloignées. Toutefois, ces remarques ne sont visibles qu'au niveau des hommes et des données corrigées (score C) car on retrouve peu de différences inter-ethniques chez les femmes.

Les analyses de la variation inter-populationnelles font apparaître quelques contradictions au niveau de certaines données. Cependant, les résultats mettent en lumière l'existence d'une origine double des hommes et des femmes malgaches (Afrique et Asie) avec au niveau des regroupements géographiques une origine triple (sud de l'Asie du sud-est, sud de l'Afrique et côtes sud-est africaines) dans des proportions différentes selon le sexe. Néanmoins grâce aux données corrigées (score C) on remarque une prédominance asiatique pour l'origine des individus malgaches (sud de l'Asie du sud-est).

Les analyses RMET, nous indiquent au niveau de la variation intra-populationnelle que les individus du centre et de l'ouest de l'île de Madagascar ont des origines plus homogènes comme les individus de l'est et du nord. De plus, la variance résiduelle indique que l'est de Madagascar a été marqué par une forte immigration. En ce qui concerne la variation inter-populationnelle, on note que les malgaches se rapprochent des populations d'Inde et d'Afrique. Par ailleurs, les malgaches du nord et de l'est sont proches des individus originaires de Tanzanie.

**Tableau 49. Tableau de synthèse des principaux résultats**

Type d'étude	Échantillon	Type d'analyse	Variabes clés	Résultats
Dimorphisme sexuel intra-Madagascar	4 régions (nord, côte est, côte ouest et centre et plateau) N=119 hommes, 79 femmes	Analyse univariée : Test de U Analyses multivariées : ACP, ADM	EKB, ZMB, MAB, NPH, NLHa, DKB et BIMAS.BRb	<b>Dimorphisme sexuel marqué au sein de l'île</b> surtout au niveau du <b>regroupement centre et plateau</b> (résultats de classification de 91,3% avec 86,7% de femmes et 94,9% d'hommes assignés au bon sexe avec la validation croisée)
Variation intra-Madagascar	4 ethnies (Antakarana, Betsiléo, Merina et Sakalave) N=150 individus (homme et femme) N=155 individus (score C)	Analyse univariée : ANOVA Analyses multivariées : ACP, ANOVA + test post-hoc	H : NLB, DKB et OCC Score C : C-DKB, C-EKB et C-ZYB	Différences peu marquées entre les femmes des différentes ethnies Hommes et score C : <b>Antakarana et Sakalave sont plus proches</b> entre eux. Différence entre les Betsiléo et les Merina
Variation inter-populationnelle	Madagascar vs continents (Asie et Afrique) N=1739 individus (hommes et femmes) N=1740 individus (score C)	Analyses univariées : ANOVA+ tests post-hoc Analyses multivariées : ACP, ANOVA + tests post-hoc	H: GOL, PAC et XCB F:GOL, PAC, XCB et ZMB Score C : C-BNL, C-BPL et C-ZYB	<b>Hommes malgaches</b> plus proches des <b>hommes africains</b> <b>Femmes malgaches</b> ont une origine <b>double</b> (Afrique et Asie) <b>Score C, malgaches</b> plus proches des <b>asiatiques</b>
	Madagascar vs regroupements géographiques N=1605 individus (hommes et femmes) N=1707 individus (score C)	Analyses univariées : ANOVA + tests post-hoc Analyses multivariées : ACP, ANOVA + test post-hoc	H : GOL, PAC et BIMAS.Bra F:GOL, PAC, FOL et FOB Score C: C-BNL, C-BPL et C-ZYB	<b>Hommes malgaches</b> proche des individus du <b>sud de l'Afrique</b> et du <b>sud de l'Asie du Sud-est</b> <b>Femmes malgaches</b> se rapprochent des individus du <b>sud de l'Afrique</b> et des <b>côtes est africaines</b> <b>Score C, malgaches</b> proche des individus du <b>sud de l'Afrique</b> et d' <b>origines asiatiques (nord et sud de l'Asie du sud-est)</b>
	Madagascar vs regroupements géographiques N=1109 hommes, N=519 femmes, N=1739 individus (score C)	Analyse multivariées : ADM	H : GOL et EKB F : ZMB, OBBa et EKB Score C : C-BBH	<b>Origine triple des hommes malgaches</b> (50% sud Asie du sud-est, 24,1% sud de l'Afrique et 20,7 % côtes sud-est africaine) <b>Origine double des femmes malgaches</b> (42,7% sud Asie du sud-est et 40% sud de l'Afrique) <b>Origine à prédominance du sud de l'Asie du sud-est des individus malgaches (score C)</b> (44 % sud de l'Asie du sud-est, 21,2% côte sud-est africaine et 19,7 % sud de l'Afrique)
Variation intra et inter-populationnelle	Madagascar (N=59) et populations des continents asiatiques et africains (N=115)	RMET : Analyse 1 : Ordres des distances, $F_{ST}$ , variance résiduelle Analyse 2 : Ordres des distances, $F_{ST}$ Analyse 3 : Ordres des distances, $F_{ST}$ Analyse 4 : Ordres des distances, $F_{ST}$	Analyse 1, 2,3 et 4 : Vecteur I	Analyse 1 : <b>Centre et ouest de Madagascar proches, Est et Nord de Madagascar se rapprochent</b> Analyse 2 : <b>Malgaches proche populations d'Afrique et d'Inde</b> Analyse 3 : <b>Malgaches du Nord et de l'Est proches des Tanzaniens</b> Analyse 4 : <b>Populations malgaches plus proches des populations d'Inde</b> $F_{ST}$ de Madagascar proche de celui d'Afrique Variance résiduelle : <b>Est de Madagascar, plus forte immigration</b>

## **Chapitre 5 : Discussion et conclusion**

Suite à la présentation des différents résultats, nous pouvons maintenant répondre aux questions soulevées dans le cadre de cette analyse exploratoire. Notre objectif principal de recherche est de déterminer les origines du peuplement de l'île de Madagascar (selon ses régions et divers autres facteurs) à partir des données phénotypiques. Cette recherche s'appuie sur les hypothèses développées par la génétique et la linguistique. Les conclusions développées par ces deux disciplines s'orientent plutôt vers une origine à prédominance indonésienne (Grandidier, 1908; Dahl, 1951; Dyen, 1953; Murdock, 1959; Vérin et al, 1969; Fourquet et al, 1974; Migot et al, 1995; Soodyall et al, 1996; Rabe et al, 2002; Reid et Liao, 2004; Blust, 2005; Ross, 2006; Allibert, 2008; Blench, 2010; Razafindrazaka et al, 2010; Serva, 2012; Cox et al, 2012; Serva et al, 2012; Blust, 2013; Adelaar et Ritsuko, 2014; Linz et al, 2014). Cependant, différents auteurs argumentent que ce peuplement serait la résultante de multiples migrations provenant à parts égales des régions du sud-est de l'Asie et des côtes de l'Afrique de l'Est (Adelaar, 1989 et 2005; Hurles et al, 2005; Ricaut et al, 2009; Tofanelli et al, 2009; Capredon et al, 2012). Certains auteurs ont cru déceler une prédominance des migrations provenant de l'Afrique (David, 1940; Singer et al, 1957; Chamla, 1958; Buettner-Janusch J. et V., 1964; Dahl, 1988 et 1991; Hewitt et al, 1996; Blench, 2007; Poetsch et al, 2013). D'autres encore, ont plutôt une approche qui tend vers un modèle de peuplement d'origines multiples (asiatique, africaine, indienne et arabe) par différentes migrations au cours du temps (Ferrand, 1908; Bernard-Thierry, 1959; Chabeuf et Zeldine, 1962; Vérin et Wright, 1999; Beaujard, 2003; Simon, 2006; Petroni et Serva, 2008; Dubut et al, 2009; Beaujard, 2011; Capredon et al, 2013). Nous nous emploierons pour notre part à vérifier quelle hypothèse est la plus confortée par nos données phénotypiques. De plus, nous tenterons d'apporter des précisions quand à l'origine de certaines ethnies peuplant l'île de Madagascar.

La discussion qui suit sera orientée selon les cinq questions posées par nos objectifs de recherche. La première partie de notre discussion se penchera sur les deux premières questions relatives à la variation à l'intérieur de l'île de Madagascar. La seconde partie se concentre sur les trois autres questions qui sont liées à la variation inter-populationnelle.

Nous tenterons de comparer les deux méthodologies utilisées dans la présente étude, afin de déterminer les origines du peuplement malgache. Au cours de notre discussion, nous utiliserons également une approche visuelle à l'aide de photographies, afin d'appuyer les différences ou les concordances morphologiques visibles au niveau du crâne des différentes populations étudiées. Nous concluons cette étude par notre hypothèse et les perspectives d'études futures qui s'ouvrent.

## **5.1. Les facteurs explicatifs de la variation intra-populationnelle au sein de l'île de Madagascar**

### 5.1.1. Synthèses des résultats

Les différents résultats de cette recherche nous conduisent à penser que la variation ethnique au sein de la population de l'île de Madagascar n'est pas aussi importante que ce qui ressort de différentes études génétiques (Migot et al, 1995; Soodyall et al, 1996; Rabe et al, 2002; Tofanelli et al, 2009; Cox et al, 2012). Toutefois, on note une différence au niveau du dimorphisme sexuel entre le regroupement centre et plateau et les autres regroupements, celui-ci est plus marqué dans cette région. Il faut cependant nuancer ce résultat en examinant plus précisément les regroupements effectués. Au niveau de la variation inter-ethnique (hommes et score C), on remarque une différence entre les Antakarana et Sakalave et les Merina et Betsiléo. En effet, les individus (hommes et score C) Merina et Betsiléo se différencient clairement de ces deux ethnies. Au contraire, pour les femmes, on ne note que très peu de différences entre groupes ethniques ce qui accrédite à un certain degré les hypothèses génétiques d'Hewitt et al (1996), d'Hurles et al (2005) et de Dubut et al (2009).

L'analyse RMET au contraire nous montre plutôt deux groupes différents au sein de l'île de Madagascar. D'un côté les individus des regroupements centre et plateau et côte ouest de Madagascar et de l'autre les individus du Nord et de la côte Est. Cependant, la taille de cet échantillon doit cependant nous conduire à apprécier ces résultats avec prudence et les considérer comme un indice à conforter.

On observe que les mesures faciales comme la hauteur de la face (NPH) et du nez (NLHa), la largeur bi-orbitale (EKB) et inter-orbitale (DKB) ainsi que la largeur du bas

de la face (ZMB et MAB) sont importantes au niveau du dimorphisme sexuel. En ce qui concerne les ethnies, les mesures de la largeur de la face (C-ZYB), du nez (NLB) et du haut de la face DKB, C-DKB et C-EKB) ressortent chez les hommes et dans les données corrigées pour la taille.

La figure 20 présente des photos (vue de profil et de face) de deux individus malgaches, un homme Betsiléó et une femme Antakarana. Les deux individus ont été sélectionnés puisqu'ils présentent des différences en matière de caractéristiques ethniques et de dimorphisme sexuel.



**Figure 20. Différences morphologiques entre un homme Betsiléó (9712) et une femme Antakarana (9952). Photos du profil gauche et de la face, MNHN (Paris).**

En utilisant les variables clés obtenues suite à notre analyse, on remarque que la hauteur de la face et du nez est différente entre l'homme et la femme. La femme a tendance à avoir le nez plus court et moins haut que l'homme. De plus, on note que la



distance inter-orbitale et la largeur de la face sont plus réduites chez les femmes Antakarana que chez l'homme Betsiléo.

#### 5.1.2. Les facteurs explicatifs des similarités de certaines ethnies malgaches : langues et/ou histoire?

Les résultats de notre étude ont permis de conclure que la variation intra-populationnelle de l'île de Madagascar n'était pas aussi importante que ce que l'on aurait pu penser sur la base des données linguistiques (Adelaar, 2013) et génétiques (Capredon et al, 2012). Or, il est prouvé que la variation à l'intérieur des populations est plus importante qu'au niveau inter-populationnel de façon générale (Lewontin, 1972; Froment, 1992; Relethford et Harpending, 2004). Différents facteurs peuvent ainsi expliquer les similarités entre les femmes des différentes ethnies et les hommes Antakarana et Sakalave. La linguistique, l'histoire et l'ethnologie nous donnent différents éléments de réponse.

La langue selon Vérin (1990) est l'élément le plus stable d'une culture. On a noté que la langue malgache d'origine austronésienne est répartie sur tout le territoire et que les différents dialectes malgaches ont tous une parenté entre eux (Serva et al, 2012). En effet, certains auteurs concluent que cette langue unique est le résultat d'une créolisation d'une langue indonésienne par une langue d'origine bantoue (Dahl, 1988; 1991; Vérin, 1992; Dewar et Wright, 1993; Simon, 2006; Allibert, 2008). D'autres interprètent ce phénomène comme le résultat d'une différenciation sur place (Blench, 2008; Serva, 2012; Serva et al, 2012; Adelaar, 2013). Cette similarité au niveau des dialectes ainsi que son évolution à l'intérieur de l'île, pourrait être corrélée avec nos données phénotypiques. La morphologie, a-t-elle suivi la même tendance évolutive avec ses propres mécanismes?

Au niveau historique, les consolidations politiques et l'établissement d'état ont pu éventuellement favoriser le regroupement de diverses ethnies (Kottak, 1971), et ainsi suivre l'un des deux modèles classiques de l'apparition de l'homme moderne. C'est-à-dire soit un « foyer d'origine unique avec extension irradiant dans toutes les directions et différenciation par adaptation locale voire hybridation avec la strate évolutive précédente, ou apparition multicentrique et métissages dans les zones de contact » (Froment, 1995 : 261). L'expansion du territoire des Merina à partir du XIX<sup>e</sup> siècle (Rakototoarisoa, 1973),

un royaume du nord de la région des plateaux du centre, par la création du « plus grand et plus cohésif des états des tropiques » est un exemple à mentionner historiquement (Kottak, 1971 :135). Ce grand royaume Merina a permis de mettre fin à la guerre à l'intérieur des territoires, et de mettre en place des contacts commerciaux entre les différentes ethnies (*Pax Merina*). Les habitants du Royaume suivaient la loi Merina, qui établissait les relations entre les différents individus du royaume : les différentes castes, les divisions ethniques en fonction de l'expansion Merina, le commerce, les comportements, etc. (Kottak, 1971). Les divisions territoriales créées durant le Royaume Merina furent réutilisées par les Français à partir de 1900, et restent encore aujourd'hui les limites des différentes ethnies. Ces divisions entre les populations créées par les Merina ont donc pu accentuer les divisions ethniques au niveau culturel, mais pas au niveau biologique pour les femmes malgaches.

Aussi, les migrations internes notamment avec la diffusion des influences arabes et d'Afrique de l'Est à partir des côtes jusqu'à l'intérieur des terres sont un élément, selon Kottak (1971), qui a influencé l'uniformité des différentes ethnies malgaches au niveau culturel. On peut donc avancer l'hypothèse d'un échange de gènes en parallèle. Concernant, l'aspect culturel, on remarque que de nombreuses pratiques ou code moraux sont rencontrés parmi la plupart des ethnies malgaches. La pratique du second enterrement (Larson, 2001) est typique de l'île tout comme le culte des ancêtres (Kottak, 1971) par exemple. On note cependant un aspect culturel très important dans l'explication de la différence entre les hommes et les femmes malgaches : la descendance de type patrilinéaire et la résidence post maritale de type virilocal qui sont la norme au niveau de la parenté. Cette pratique a donc induit le déplacement des femmes malgaches au sein de l'île et explique peut-être l'homogénéité des femmes malgaches par opposition aux hommes malgaches qui présentent des différences ethniques au niveau phénotypique. Les mariages peuvent donc être un élément clé dans l'évolution de la diversité biologique. On notera à cet égard que les souverains des grands Royaumes, Merina et Sakalave étaient parents (Larousse, 1964) et ont donc contribué à l'homogénéisation (biologique et culturelle) visible chez les femmes.

### 5.1.3. Les facteurs expliquant les différences morphologiques significatives entre certaines ethnies malgaches

Nous avons remarqué que quatre facteurs pourraient être corrélés aux différences morphologiques significatives entre les hommes certaines ethnies, il en est de même pour les scores C. Nous discuterons d'abord des facteurs culturels et notamment du dimorphisme sexuel (A), lié à l'histoire du peuplement (C) qui ont engendré cette diversification ethnique d'ordre limitée, puisqu'elle n'est pas très marquée au niveau de la variation morphologique. Ensuite nous aborderons l'aspect géographique (B) intimement relié à l'histoire du peuplement (C), par rapport au climat et à la localisation qui implique donc des modes de subsistance différents, des migrations et une adaptation à l'environnement (Carroll et al, 2007). Pour finalement nous attarder sur l'aspect ethno-linguistique (D).

#### 5.1.3.1. La diversité morphologique malgache reflète-t-elle dans une certaine mesure certains facteurs culturels (A) et historiques (C)?

Au niveau culturel, nous pouvons constater que les Royaumes (Betsiléo, Merina) ont créé des distinctions socio-économiques au sein des populations (Randrianja et Ellis, 2009). Les mariages entre personnes de même caste étaient la règle (Kottak, 1971) et, dans certains cas, les mariages endogames étaient encouragés (Tofanelli et al, 2009). Cette culture de mariage endogame réduit la variabilité génétique au sein de la caste du groupe ethnique. On peut se demander si cette pratique a pu réduire à long terme la variabilité biologique au sein de chaque caste voire à l'échelle du groupe ethnique. Cette pratique culturelle pourrait expliquer les différences observées entre les Merina et Betsiléo (tous deux situés au centre de l'île de Madagascar) et les autres groupes ethniques (Sakalave et Antakarana).

On peut aussi observer une influence de la religion islamique au niveau du Nord de l'île. Ce qui pourrait expliquer la différence entre le regroupement Nord et les autres régions, puisque les barrières culturelles et religieuses peuvent aussi réduire les transferts de gènes d'un groupe à l'autre et par la même occasion augmenter les différences entre régions.

En effet, de nombreuses migrations sont visibles avec la preuve au début du II<sup>e</sup> siècle de l'implantation de comptoirs arabes sur les côtes nord de l'île (Rajoelina et Ramelet, 1989). De nombreux indices archéologiques proviennent de cette région notamment avec l'apparition des premiers sites habités connus (Mahilaka) (Beaujard, 2007). Ainsi le résultat obtenu dans notre étude par rapport au regroupement nord, plus diversifié, est confirmé par les indices archéologiques et historiques. Ces différents éléments semblent cependant être nuancés par la plupart des résultats, qui montrent une certaine homogénéité notamment au niveau des femmes.

#### 5.1.3.2. L'adaptation à un milieu ou l'existence des barrières régionales (B et C) seraient un facteur de diversification intra-Madagascar ?

Les hommes Merina sont différents des Sakalave, des Betsiléo et des Antakarana au niveau phénotypique. Il est intéressant de noter qu'il existe un relief et un climat différent entre les régions où vivent ces ethnies. Ces différences d'habitats induisent des modes de subsistances différents. Le nord est une région où l'on observe une grande diversité d'environnement écologique avec des modes de subsistance adaptés en fonction de celui-ci, pêche sur la côte, agriculture et élevage d'animaux vers l'intérieur des terres (Kottak, 1971). Kottak parle même d'un isolement entre ce groupe et les autres à cause de barrières environnementales naturelles (Kottak, 1971 : 141). Les Sakalave occupent un territoire vaste, composé en grande partie de désert, mais ce territoire est en fait peuplé sur la bande côtière uniquement, où la plupart de la population se concentre. Les Sakalave ont plutôt des modes de subsistances variés : pêche sur la côte, élevage, chasse et cueillette et agriculture (riz, manioc et maïs). On peut penser, comme le suggère Froment (1995), qu'une adaptation au milieu écologique des individus dans chaque région a pu engendrer, avec un certain isolement régional, des différences au niveau du phénotype. Cependant, on remarque que l'aspect géographique ne peut pas expliquer les différences entre les Betsiléo et les Merina, puisqu'ils partagent une même niche écologique. En effet, au centre de l'île, les régions sont montagneuses et les populations ont dû aménager un terrain plutôt difficile. Ce contexte les a conduits à adopter un mode de subsistance différent, avec une culture du riz de type irrigué et l'élevage d'animaux (Murdock, 1959; Kottak, 1971). La population n'est pas distribuée uniformément, mais en fonction des possibilités du terrain, de la disponibilité de l'eau et du type de sol

(Kottak, 1971). Cette distribution variable pourrait expliquer les différences entre les deux ethnies du centre.

La géographie n'est bien sûr pas le seul facteur de diversification régionale, étant donné le contexte historique complexe du peuplement de l'île. Par exemple, au niveau des zones côtières du Nord de l'île, la présence de ports, véritables centres névralgiques du commerce, de la politique et des grandes villes a favorisé les migrations à l'intérieur des terres. L'implantation à partir des comptoirs, des Arabes puis des Européens sur l'île (Randrianja et Ellis, 2009) a probablement contribué à la mixité ethnique de cette région.

### 5.1.3.3. La diversité linguistique, reflet de la diversité phénotypique ?

La langue malgache est unique à Madagascar (Vérin et al, 1969) cependant cette langue se distribue en de multiples dialectes en fonction des ethnies (Serva et al, 2012). Selon Randrianja et Ellis (2009), les dialectes sont très différents les uns des autres et cette différence devait être plus prononcée dans le passé. On peut donc penser qu'une homogénéisation des dialectes a pu se produire en parallèle avec l'évolution des différences phénotypiques (et qui tendraient en théorie aussi vers une homogénéisation). En effet, Froment (1995) a montré qu'il existe une certaine corrélation entre les évolutions linguistiques et craniométriques des individus au niveau des locuteurs bantouphones d'Afrique. Cependant, on note qu'il existe, aujourd'hui trois dialectes au niveau de l'ethnie des Antakarana (Antalaha, Vohémar et Ambilobe) selon Serva et al (2012). De plus, une étude sur les dialectes de Madagascar a révélé que le pré-dialecte parlé par les Antakarana faisait partie des premiers dialectes de l'île (Vérin et al, 1969). Ce dialecte serait aussi différent des autres puisqu'il y aurait moins de rétentions au niveau lexical que dans les autres dialectes de l'île (Adelaar, 2013). Ceci pourrait s'expliquer par sa proximité avec les îles Comores, dont la langue est plutôt originaire de l'Afrique de l'Est (origine bantoue, proche de la branche swahilie) (Vérin et al, 1969; Msaidie et al, 2010).

Sans que ce soit le résultat de mécanismes évolutifs similaires, la diversité linguistique (avec les sources compilées) et phénotypique (avec nos résultats) semble être relativement plus élevée dans le nord, reflétant un peuplement peut-être plus ancien que dans les autres régions.

## **5.2. Les origines du peuplement de l'île Rouge à partir de la variation inter-populationnelle**

### 5.2.1. Synthèses des résultats

Les résultats de notre analyse nous conduisent à émettre l'hypothèse d'une origine double (Afrique et Asie). On remarque, que les résultats des analyses multivariées, basées sur différentes mesures tendent vers cette hypothèse. Concernant les analyses en composante principale, on note que les hommes sont plus proches des individus du sud de l'Afrique et du sud de l'Asie du sud-est, au contraire des femmes qui sont plus proche de l'Afrique (sud de l'Afrique et des côtes sud-est africaines). Les scores C nous indiquent plutôt une origine triple (sud de l'Afrique et nord et sud de l'Asie du sud-est). En ce qui concerne les analyses discriminantes, on remarque que les hommes malgaches ont une origine triple (sud de l'Asie du sud-est, sud de l'Afrique et côtes du sud-est africaine) et les femmes une origine double (sud de l'Asie du sud-est et sud de l'Afrique). Lorsque la taille est corrigée, on remarque que les individus malgaches sont plus proches de l'Asie (sud Asie du sud-est) que de la côte est africaine. L'analyse RMET de la bio-distance indique des résultats différents et l'on observe que l'île malgache est plus proche de l'Afrique et de l'Inde. De plus, l'analyse de la variance résiduelle nous a procuré des résultats préliminaires par rapport aux influences et aux migrations qu'ont pu subir les Malgaches, situés sur la côte est. Toutefois, il faut nuancer les résultats obtenus avec l'analyse RMET puisque l'échantillon est beaucoup plus petit ce qui a pu affecter les conclusions. On remarque que les regroupements du nord de Madagascar et de la côte-est sont plus proches des populations de Tanzanie. Le regroupement de l'ouest de Madagascar est très proche de la Somalie, alors que les regroupements de l'est et du centre se rapprochent du Mozambique, de la Tanzanie et du Kenya.

Nous pouvons noter que les mesures qui nous ont permis de déterminer ces variations phénotypiques sont presque similaires en ce qui concerne les analyses en composantes principales pour les échantillons Madagascar vs continents et Madagascar vs regroupements géographiques. Ainsi, on remarque que la longueur crânienne maximale (GOL) et la longueur de la voûte (PAC) sont les principales mesures clés chez les hommes et les femmes. Quant aux score C, trois mesures clés situées au niveau de la

face ressortent de nos analyses : la longueur basion-nasion (C-BNL), la longueur basion-prosthion (C-BPL) et la largeur bi-zygomatique (C-ZYB). Ces mesures sont des indicateurs du prognathisme ou du retrait ainsi que de la largeur de visage. Pour ce qui est de l'analyse discriminante multiple, différentes mesures clés ont été retenues et influencent les résultats. Ainsi pour les hommes il s'agit de la longueur crânienne maximum (GOL) et de la largeur bi-orbitale (EKB). Chez les femmes, la largeur bi-orbitale (EKB) est toujours impliquée, mais s'ajoutent à celle-ci la largeur bi-maxillaire (ZMB) et la largeur de l'orbite (OBBa). Au niveau des scores C, une mesure clé ressort de l'analyse : la hauteur totale (C-BBH).

Afin d'illustrer notre propos, nous avons utilisé des photographies dans le but d'effectuer des comparaisons entre les individus malgaches et les individus des régions d'origine potentiellement ancestrales aux malgaches. Nous avons d'abord observé la comparaison avec un individu provenant d'Afrique de l'Est (Somalie), puis de l'île de Bornéo et enfin d'Asie du sud-est (Philippines). Les individus présentés ici ne représentent pas toute la variation disponible au sein des populations mentionnées, mais présentent les caractéristiques moyennes des échantillons de populations. Nous présentons ici seulement, les différences visibles à partir des hommes en raison des ressources disponibles lors de notre collecte de données au Musée National d'Histoire Naturelle de Paris (MNHN).

La figure 21 présente les crânes d'un homme malgache (Mahafaly) et d'un homme somalien en vue de profil (gauche) et de face. On observe, une différence importante entre les longueurs crâniennes de ces deux hommes. Les malgaches, ont tendance à avoir le crâne et la voûte plus courte comparée aux somaliens. On remarque aussi des différences marquées au niveau de la distance inter-orbitale qui est plus courte chez les malgaches. Au niveau de la face, on note une largeur plus importante chez les somaliens que chez les malgaches ainsi qu'un prognathisme plus prononcé. Finalement, la hauteur du crâne est plus importante chez les malgaches que chez les somaliens.



**Figure 21. Différences morphologiques entre un homme malgache (Mahafaly) (18860) et un homme somalien (8232). Photos du profil gauche et de la face, MNHN (Paris).**

La figure 22 présente les crânes d'un homme malgache (Antakarana) et d'un homme de l'île de Bornéo. La longueur du crâne est similaire entre les deux individus cependant la longueur de la voûte est plus importante chez l'individu de l'île de Bornéo. On remarque aussi des différences marquées au niveau de la distance inter-orbitale qui est plus importante chez les malgaches. Au niveau de la face, on note une largeur plus importante ainsi qu'un prognathisme moindre chez les malgaches. Finalement, la hauteur du crâne est presque similaire entre les deux individus.





**Figure 22. Différences morphologiques entre un homme malgache (Antakarana) (19017) et un homme de l'île de Bornéo (3504). Photos du profil gauche et de la face, MNHN (Paris).**

Et finalement, la figure 23 présente les crânes d'un homme malgache et d'un homme philippin. On remarque une différence au niveau de la longueur du crâne et de la voûte qui est plus importante chez les malgaches que chez les philippins. On observe aussi une distance inter-orbitale qui est plus importante chez les malgaches. En ce qui concerne la face, on note une largeur plus importante ainsi qu'un prognathisme moindre chez les philippins. Finalement, la hauteur du crâne est moins importante pour l'individu malgache.



**Figure 23. Différences morphologiques entre un homme malgache (19664) et un homme philippin (7929). Photos du profil gauche et de la face, MNHN (Paris).**

Au niveau de l'examen visuel et de nos résultats, il est donc très difficile de déceler les rapprochements entre les malgaches et une population plus qu'une autre. Nous pouvons donc en déduire grâce à nos résultats que l'origine des malgaches est plutôt multiple et qu'il est possible qu'une composante Indienne soit à prendre en compte, en plus de l'Afrique et de l'Asie du sud-est. Ces observations sont concordantes avec les hypothèses récentes émises en génétique d'une origine multiple (Dubut et al, 2009; Capredon et al, 2013)

### 5.2.2. Comparaison des résultats de l'étude exploratoire à l'hypothèse principale développée par la linguistique et la génétique

L'hypothèse développée par les linguistes et les généticiens d'une origine du peuplement à prédominance indonésienne est ainsi quelque peu contredite par nos résultats. En effet, les hypothèses linguistiques ont rarement exploré l'origine double de la population malgache (Afrique et Asie), de ce fait peu d'hypothèses ont été proposées. Toutefois, la génétique a exploré plusieurs modèles en rapport avec une origine tantôt

double, tantôt multiple, dans des proportions différentes, compte tenu de la diversité observée. Nous examinerons les discordances des hypothèses développées par les linguistes, ainsi que celles de la génétique et nous terminerons par l'hypothèse découlant de notre étude exploratoire.

Depuis que Dahl (1988, 1991) a certifié les liens entre la langue bantoue et le malgache, quelques linguistes se sont penchés sur la possibilité d'une origine différente à l'origine indonésienne. On peut citer à cet égard l'hypothèse de Blench (2007) tendant à accréditer l'existence d'une population de type Hazda avant l'établissement des populations du sud-est Barito et de langage bantou. Adelaar (2013) pour sa part conclut, grâce à son étude des dialectes, à la présence de deux grandes divisions au sein de l'île de Madagascar, qui ne serait pas due à l'arrivée successive de migrants, mais plutôt à une évolution locale. Comme le précise le linguiste Simon (2006), on peut donc voir dans la créolisation du malgache par le bantou l'expression d'un élément de réponse par rapport à l'hypothèse d'une contribution africaine plus importante que ce que l'on pensait auparavant.. Les populations mixtes qui ont migré sur l'île de Madagascar, ont donc dû préférer l'utilisation de la langue indonésienne à la langue bantoue, mais des apports linguistiques autres (ex. langues bantoues, indiennes) ont dû toujours persister, comme pour les échanges de gènes.

Au niveau génétique, on se rend bien compte que c'est à partir d'études génétiques plus poussées, que les différentes hypothèses sur les modèles de peuplement de l'île se sont constituées. L'hypothèse de Migot et al (1995) sur une origine à prédominance indonésienne, s'appuie sur une étude génétique très restreinte au niveau des individus malgaches et de la localisation (50 individus des hauts plateaux). Le très faible apport des populations africaines ne peut donc pas être étendu à toutes les populations malgaches. Par la suite, Soodyall et al (1995 et 1996), ont eux aussi cherché à comprendre l'histoire du peuplement à partir de l'ADNmt de 280 malgaches (régions non précisées). Ils concluent en une origine asiatique largement prédominante puisque 70,7 % des malgaches de l'étude présente une délétion spécifique à la population polynésienne. Comme, on le voit les travaux sur l'ADN mitochondrial (Soodyall et al, 1995; Razafindrazaka et al, 2010; Cox et al, 2013) sont assez problématiques puisqu'ils entrent souvent en confrontation avec les autres études génétiques entreprises sur les populations

malgaches (Regueiro et al, 2008). En effet, les échantillons de populations sont différents ainsi que les régions étudiées. C'est Hurler et al (2005) qui, les premiers, ont développé l'idée d'une origine double de la population (Afrique et Asie) dans des proportions égales, cette étude comporte néanmoins quelques similarités avec nos résultats. Cependant au vu des groupes ethniques utilisés dans leur étude (Merina, Bezanozano, Betsileo et Sihanaka), on se rend compte que si des populations de la côte ouest et du nord avaient été incluses, les proportions auraient peut-être été modifiées. Il en est de même pour l'étude de Tofanelli et al (2009), car son étude se concentre uniquement sur des populations montrant des variations entre elles (Merina, Antandroy, Antanosy, Antaisaka).

Toutefois, c'est Tofanelli et al (2009) qui ont peut-être proposé une hypothèse (origine double, Afrique et sud-est asiatique) qui se rapproche le plus de nos résultats. Avec ces derniers, nous proposons plutôt un mélange de population austronésienne (sud de l'Asie du sud-est) avec des populations bantouphone (sud de l'Afrique et côtes sud-est africaines) dans des proportions égales qui ont d'abord immigré sur l'île malgache suivie par un second flux d'homme bantouphone. En effet, un flux différentiel d'hommes et de femmes a dû peupler l'île de Madagascar, ce qui expliquerait les différences visibles dans nos résultats, entre les origines des hommes et des femmes malgaches. La présence d'une variance résiduelle importante située dans le nord de l'île de Madagascar, nous pousse à émettre l'hypothèse d'une migration initiale à partir de cette région. Au niveau de la langue, l'utilisation préférentielle de la langue austronésienne par rapport aux langues bantoues peut être une hypothèse plausible suivie d'une créolisation de la langue. Cependant, nous ne pouvons pas négliger le fait que les populations et la taille des échantillons ont pu influencer les résultats qui ressortent de notre étude (ainsi que des études génétiques citées précédemment), il faut donc être prudent dans l'interprétation. Ainsi la prédominance asiatique n'est pas vérifiée à travers nos données phénotypiques.

Les résultats de notre étude exploratoire montrent donc qu'il faut être attentif quant à la sélection de l'échantillon malgache, mais aussi de celui de comparaison. En effet, l'utilisation d'un échantillon de populations malgaches présentant une variation trop importante, notamment concernant les populations du centre de l'île, entraînent un aléa et peut influencer les résultats de l'étude entreprise sur la question du peuplement de

toute l'île. De même si les échantillons de comparaisons sont trop éloignés des hypothèses proposées pour l'origine du peuplement malgache.

### 5.2.3. Méthodologie : Les analyses de bio-distance, les avantages par rapport aux analyses statistiques standard (univariées, multivariées)

Les analyses univariées et multivariées nous permettent jusqu'à un certain point de visualiser et d'identifier les différences entre les populations, alors que l'analyse RMET permet directement d'identifier les niveaux de différenciation entre les groupes (sur la base de modèles génétiques) grâce à différents paramètres.

Les analyses RMET détaillent les niveaux de diversification phénotypique ( $F_{st}$ ) entre les groupes à l'étude. Ce paramètre se rapproche des analyses en composantes principales, puisque ces dernières peuvent aussi suggérer l'homogénéité ou l'hétérogénéité au sein d'un groupe. On pourra remarquer que les résultats sont similaires à l'analyse multivariée, mais de façon plus précise et plus rapide, car les analyses multivariées nécessitent de plus longues comparaisons qui peuvent diverger selon les mesures clés qui ressortent des échantillons sélectionnés. Cependant, il faut nuancer les résultats obtenus puisqu'il peut y avoir une variation en fonction des pays utilisés dans l'analyse, et de l'échantillonnage aléatoire effectué, qui ne va pas refléter toutes les variations existantes au sein des échantillons complets.

Le dernier paramètre (variance résiduelle) permet d'évaluer le flux génique extra-local. Cette analyse nous a indiqué qu'il a existé un flux génique extra-local important pour l'est de Madagascar, composé de l'ethnie des Antakarana. L'interprétation de ce paramètre est délicate, puisqu'elle s'effectue en fonction de la composition de l'échantillon étudié. Si les populations étudiées ne sont pas proches ou locales, alors l'interprétation est faussée. Ce paramètre nous indique donc les apports d'autres populations à l'intérieur d'une population donnée (migrations internes ou externes). Le centre de Madagascar contrairement aux études génétiques (Migot et al, 1995; Rabe et al, 2002; Tofanelli et al, 2009; Cox et al, 2012) montre une valeur faible comparativement aux autres regroupements de Madagascar. Ceci pourrait s'expliquer par le fait que la population était relativement isolée géographiquement et/ou qu'elle encourageait

l'endogamie via la pratique des mariages au sein des castes. Mais cette hypothèse est à considérer avec circonspection compte tenu de la taille de l'échantillon qui ne représente pas toutes les castes ou au contraire qui représente peut-être plusieurs castes. En outre, de nombreuses contraintes réduisent la portée des analyses de bio-distance. En effet, il est difficile d'avoir des échantillons de comparaison idéaux (ex. contemporanéité, régions d'origine) (Knudson et Stojanowski, 2008). Les analyses sont aussi réalisées à partir de données corrigées pour la taille, ce qui ne nous permet pas de préciser les apports des différentes populations en fonction du sexe (ex. flux génique asymétrique).

Les analyses RMET sont donc très utiles pour préciser et confirmer les résultats obtenus par les analyses traditionnelles, à condition d'être très attentif à plusieurs éléments qui peuvent influencer les résultats (ex. échantillonnages aléatoires, choix de groupes comparatifs) et les contraintes implicites des analyses RMET.

### **5.3. Conclusion et perspectives d'études**

Au regard des résultats obtenus et des analyses et interprétations qui ont pu être élaborées dans le cadre de ce projet, on peut en conclure que le peuplement de l'île de Madagascar s'est effectué à partir de peuples d'origines diverses, composés d'hommes et de femmes d'origine double (Asie et Afrique). La variation intra-Madagascar peu élevée est limitée à certaines ethnies, situées au centre de l'île. Elle peut s'expliquer par des facteurs géographiques (ex. isolement, distances, sites portuaires), historiques (ex. intensité des migrations) et/ou culturels (ex. métissages, endogamie).

La grande variabilité phénotypique observée dans la région nord reflète peut-être des peuplements plus complexes et intenses que dans les autres régions, et donc éventuellement une plus longue histoire. Ces données phénotypiques permettraient de conforter l'hypothèse d'un peuplement initial de l'île à partir de la région nord de Madagascar depuis une migration provenant des côtes africaines (Wright, 2012). Cette migration se serait diffusée vers l'intérieur des terres, afin de s'adapter à tous les habitats au fil du temps, et en fonction de l'expansion de la population comme le proposent les hypothèses en linguistique (Blench, 2008; Serva, 2012; Serva et al, 2012; Adelaar, 2008). De plus, nos résultats (RMET) indiquent qu'une certaine proportion du peuplement serait originaire d'Inde. Cette hypothèse est confortée par de nombreux auteurs qui ont

argumenté que l'Inde constitua un lieu de transit (Bernard-Thierry, 1959; Fourquet et al, 1974; Beaujard, 2003; Dubut et al, 2009).

L'analyse de la bio-distance (RMET) permet d'exploiter différents paramètres, comme le niveau de diversité phénotypique ( $F_{st}$ ) ou la variance résiduelle, qui ne sont pas observables avec les analyses traditionnelles. Cependant, ces analyses sont préliminaires en raison de la taille très petite des échantillons et de l'absence de données pour chaque sexe. On peut donc parler de la complémentarité des deux méthodes dans ce type d'étude exploratoire.

Il ne faut pas oublier que les résultats obtenus dans notre étude constituent des hypothèses à conforter car la taille de certains échantillons ainsi que la représentation partielle de chaque population ne nous permettent pas de conclure de façon absolue par rapport à l'origine du peuplement de l'île de Madagascar. De plus, la nature des échantillons peut poser certains problèmes puisqu'ils ne proviennent pas de collection de référence, en effet la détermination du sexe n'est pas certaine puisqu'elle a été estimée (comme le prouvent les analyses discriminantes sur le dimorphisme sexuel avec une marge d'erreur de 10 à 15%). Cependant, notre étude peut apporter différentes pistes quant à des études futures.

En effet, il serait intéressant de travailler sur des échantillons plus importants et identiques à ceux de la génétique. Les données du vivant (confronté aux gènes) peuvent permettre cette étude (Froment, 1993), en apportant aussi des données plus précises sur les individus au niveau du mode de vie, du système culturel et de la langue. Par ailleurs, les méthodes d'analyses en trois dimensions permettraient de préciser les changements de forme, et de suivre les tendances générales quant aux différences morphologiques par exemple, la photogrammétrie (Say-Lyang-Fat, 2013) les analyses à l'aide d'un MicroScribe (Richtsmeier et al, 2002), la numérisation laser (Sholts et al, 2010), la tomographie par ordinateur en trois dimensions (Selma Uysal et al, 2005) et bien d'autre technologie d'imagerie tridimensionnelle apporterait une complémentarité par rapport aux méthodes 2D.

Nous pouvons simplement espérer que les études futures consacrées aux origines des Malgaches pourront être réalisées sur des échantillons plus importants et plus diversifiés, et appropriés, tant au niveau de l'île de Madagascar qu'au niveau des échantillons

comparatifs dans le domaine de la génétique. Les linguistes pourront également fournir un apport précieux en approfondissant la question de l'apport du bantou dans le malgache, une question négligée de l'apport africain.



# **BIBLIOGRAPHIE**

- ADELAAR, A. "Malay influence on Malagasy: linguistic and culture-historical implications." *Oceanic Linguistics* (1989): 1-46.
- ADELAAR, A. "Asian roots of the Malagasy: a linguistic perspective." *Bijdragen tot de Taal-, Land-en Volkenkunde* (1995): 325-356.
- ADELAAR, A. et N. HIMMELMANN, (éditeur). *The Austronesian languages of Asia and Madagascar*. Vol. 7. Psychology Press, 2005.
- ADELAAR, A. "The Indonesian migrations to Madagascar: making sense of the multidisciplinary evidence." Dans *Austronesian Diaspora and The Ethnogenesis of People in the Indonesian Archipelago. Proceedings of the International Symposium*, pp. 205-232. Jakarta: LIPI Press (Indonesian Institute of Sciences), 2006.
- ADELAAR, A. "Towards an integrated theory about the Indonesian migrations to Madagascar." *Ancient Human Migrations: An Interdisciplinary Approach* (2009).
- ADELAAR, A. "Malagasy Dialect Divisions: Genetic versus Emblematic Criteria." *Oceanic Linguistics* 52, no. 2 (2013): 457-480.
- ADELAAR, A. et K. RITSUKO. "Malagasy Personal Pronouns: A Lexical History." *Oceanic Linguistics* 53, no. 2 (2014): 480-416.
- ALLIBERT, C. "L'interdépendance de l'archéologie et de l'anthropologie culturelle dans l'océan Indien occidental. L'exemple de Mayotte." *Etudes Océan indien* 33-34 (2002): 11-31.
- ALLIBERT, C. "Austronesian migration and the establishment of the Malagasy civilization: Contrasted readings in linguistics, archaeology, genetics and cultural anthropology." *Diogenes* 55, no. 2 (2008): 7-16.
- ALQAHTANI, S. J., M. P. HECTOR, et H. M. LIVERSIDGE. "Brief communication: the London atlas of human tooth development and eruption." *American Journal of Physical Anthropology* 142, no. 3 (2010): 481-490.
- BAMSHAD, M., S. WOODING, B. A. SALISBURY, et J. C. STEPHENS. "Deconstructing the relationship between genetics and race." *Nature Reviews Genetics* 5, no. 8 (2004): 598-609.
- BARBUJANI, G., A. MAGAGNI, E. MINCH, et L. L. CAVALLI-SFORZA. "An apportionment of human DNA diversity." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 94, no. 9 (1997): 4516-4519.
- BARTON, N. H., et I. WILSON. "Genealogies and geography." *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 349, no. 1327 (1995): 49-59.
- BATTISTINI, R., et P. VÉRIN. *Man and the environment in Madagascar*. Springer Netherlands, 1972.
- BATZER, M. A., M. STONEKING, M. ALEGRIA-HARTMAN, H. BAZAN, D. H. KASS, T. H. SHAIKH, G. E. NOVICK, P. A. IOANNOU, W. D. SCHEER, et R. J. HERRERA. "African origin of human-specific polymorphic Alu insertions." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 91, no. 25 (1994): 12288-12292.
- BEAUJARD, P. "Les arrivées austronésiennes à Madagascar: vagues ou continuum ?." *Études Océan Indien* 35-36 (2003): 59-147.
- BEAUJARD, P. "L'Afrique de l'Est, les Comores et Madagascar dans le système-monde avant le XVI<sup>e</sup> siècle." *Madagascar et l'Afrique. Entre identité insulaire et appartenances historiques*, Paris, Karthala (2007): 29-102.
- BEAUJARD, P. "The first migrants to Madagascar and their introduction of plants: linguistic and ethnological evidence." *Azania: Archaeological Research in Africa* 46, no. 2 (2011): 169-189.
- BERNARD-THIERRY, S. *A propos des emprunts sanskrits en malgache*. Imprimerie nationale, 1959.
- BLENCH, R. "New palaeozoogeographical evidence for the settlement of Madagascar." *Azania: Journal of the British Institute in Eastern Africa* 42, no. 1 (2007): 69-82.
- BLENCH, R. "The Austronesians in Madagascar and their interaction with the Bantu of the East African coast: Surveying the linguistic evidence for domestic and translocated animals." *Studies in Philippine Languages and Cultures* 18 (2008): 18-43.

- BLENCH, R. M. "New evidence for the Austronesian impact on the East African coast." Dans *Global origins and the development of seafaring* édité par ANDERSON, A., et Ka V. BOYLE, 239-248. . McDonald Institute of Archeological Research, University of Cambridge 2010.
- BLUST, R. "The Linguistic Macrohistory of the Philippines: Some Speculations1". Dans *Current issues in Philippine linguistics and anthropology: Parangal kay Lawrence A. Reid* édité par H. LIAO et C. R. GALVEZ RUBINO, eds. p. 31-68, Manila: LSP and SIL, 2005.
- BLUST, R. "35 Southeast Asian islands and Oceania: Austronesian linguistic history." *The Encyclopedia of Global Human Migration*, (2013).
- BOIVIN, N., A. CROWTHER, R. HELM, et D. Q. FULLER. "East Africa and Madagascar in the Indian Ocean world." *Journal of world prehistory* 26, no. 3 (2013): 213-281.
- BOWCOCK, A.M., J. R. KIDD, J. L. MOUNTAIN, J. M. HEBERT, L. CAROTENUTO, K K. KIDD, et L. CAVALLI-SFORZA. "Drift, admixture, and selection in human evolution: a study with DNA polymorphisms." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 88, no. 3 (1991): 839-843.
- BRACE, C. L., A. R. NELSON, N. SEGUCHI, H. OE, L. SERING, P. QIFENG, Li YONGYI, et D. TUMEN. "Old World sources of the first New World human inhabitants: a comparative craniofacial view." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 98, no. 17 (2001): 10017-10022.
- BRUZEK, J. "A method for visual determination of sex, using the human hip bone." *American journal of physical anthropology* 117, no. 2 (2002): 157-168.
- BUETTNER-JANUSCH, J., et V. BUETTNER-JANUSCH. "Hemoglobins, haptoglobins, and transferrins in the peoples of Madagascar." *American journal of physical anthropology* 22, no. 2 (1964): 163-169.
- BUIKSTRA, J. E. *Biocultural dimensions of archeological study: a regional perspective*. Southern Anthropological Society Proceedings, 1977.
- BUIKSTRA, J. E. "Out of the appendix and into the dirt: comments." *What mean these bones* (1991): 172-188.
- BUIKSTRA, J. E., et D. H. UBELAKER. "Standards for data collection from human skeletal remains." (1994).
- BURNEY, D. A., L. P. BURNEY, L. R. GODFREY, W. L. JUNGERS, S. M. GOODMAN, H. T. WRIGHT, et A.J. T. JULL. "A chronology for late prehistoric Madagascar." *Journal of Human Evolution* 47, no. 1 (2004): 25-63.
- BUZON, M. R. "Biological and ethnic identity in New Kingdom Nubia." *Current anthropology* 47, no. 4 (2006): 683-695.
- BUZON, M. R., C. A. CONLEE, A. SIMONETTI, et G. J. BOWEN. "The consequences of Wari contact in the Nasca region during the Middle Horizon: archaeological, skeletal, and isotopic evidence." *Journal of Archaeological Science* 39, no. 8 (2012): 2627-2636.
- BYERS, S. N. *Introduction to Forensic Anthropology*. 3<sup>e</sup> Edition. Pearson, Boston, 2008.
- CAPREDON, M., A. SANCHEZ-MAZAS, E. GUITARD, H. RAZAFINDRAZAKA, J. CHIARONI, B. CHAMPION, et J-M. DUGOUJON. "The Arabo-Islamic migrations in Madagascar: first genetic study of the GM system in three Malagasy populations." *International journal of immunogenetics* 39, no. 2 (2012): 161-169.
- CAPREDON, M., N. BRUCATO, L. TONASSO, V. CHOESMEL-CADAMURO, F-X RICAUT, H. RAZAFINDRAZAKA, A.B. RAKOTONDRABE et al. "Tracing Arab-Islamic Inheritance in Madagascar: Study of the Y-chromosome and Mitochondrial DNA in the Antemoro." *PloS one* 8, no. 11 (2013): e80932.
- CARROLL, S. P., A. P. HENDRY, D. N. REZNICK, et C. W. FOX. "Evolution on ecological time-scales." *Functional Ecology* 21, no. 3 (2007): 387-393.
- CAU, P et R. SEÏTE. *Cours de biologie cellulaire*, 4<sup>e</sup> édition. Paris, Éditions ellipses, 2007.
- CAVALLI-SFORZA, L. L., P. MENOZZI, et A. PIAZZA. *The history and geography of human genes*. Princeton university press, 1994.
- CHABEUF, M., et G. ZELDINE. "Groupe sanguin et drépanocytose sur l'île de Sainte Marie (Madagascar)." *Médecine tropicale: revue du Corps de sante colonial* 22 (1961): 261-267.

- CHAMI, F. A. "A review of Swahili archaeology." *African Archaeological Review* 15, no. 3 (1998): 199-218.
- CHAMLA, M-C. *Recherches anthropologiques sur l'origine des Malgaches*. Vol. 19. Éditions du Muséum, 1958.
- CHARLESWORTH, B., D. CHARLESWORTH, et N. H. BARTON. "The effects of genetic and geographic structure on neutral variation." *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* (2003): 99-125.
- CHIPPAUX, DR. "Étude craniologique de vingt crânes malgaches de la région de Bekopaka et des hauts plateaux." dans *Civilisation malgache* N°2, Série Sciences Humaines, 217-249. Ed. Cujas, 1968.
- COX, M. P., M. G. NELSON, M. K. TUMONGGOR, F-X. RICAUT, et H. SUDOYO. "A small cohort of Island Southeast Asian women founded Madagascar." *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 279, no. 1739 (2012): 2761-2768.
- CROWLEY, B. E. "A refined chronology of prehistoric Madagascar and the demise of the megafauna." *Quaternary Science Reviews* 29, no. 19 (2010): 2591-2603.
- DAHL, O. C. *Malgache et Maanjan: une comparaison linguistique*. Vol. 3. A. Gimne, 1951.
- DAHL, O. C. "Bantu Substratum in Malagasy in Linguistique de Madagascar et des Comores." *Études Océan Indien* 9 (1988): 91-132.
- DAHL, O. C. *Migration from Kalimantan to Madagascar: Otto Chr. Dahl*. Vol. 82. Norwegian Univeristy Sic Press, 1991.
- DAVID, R. "Le problème anthropologique malgache. Nouvelles observations chez les Māhafaly du Sud-Ouest de Madagascar." *Journal de la Société des Africanistes* 9, no. 2 (1939): 119-152.
- DE FLACOURT, E. *Histoire de la grande isle Madagascar*. KARTHALA Editions, 1658 (réed 2007).
- DEKA, R., M. D. SHRIVER, L. M. YU, R. E. FERRELL, et R. CHAKRABORTY. "Intra-and inter-population diversity at short tandem repeat loci in diverse populations of the world." *Electrophoresis* 16, no. 1 (1995): 1659-1664.
- DESCHAMPS, H. *Histoire de Madagascar*. Paris, Berger-Levrault, 1960.
- DEWAR, R. E., et H. T. WRIGHT. "The culture history of Madagascar." *Journal of World Prehistory* 7, no. 4 (1993): 417-466.
- DEWAR, R. E. "Of nets and trees: untangling the reticulate and dendritic in Madagascar's prehistory." *World Archaeology* 26, no. 3 (1995): 301-318.
- DEWAR, R. E. "Early human settlers and their impact on Madagascar's landscapes." *Conservation and Environmental Management in Madagascar. IR Scales (ed.)* (2014): 44-64.
- DUBUT, V. F. CARTAULT, C. PAYET, M-D. THIONVILLE, et P. MURAIL. "Complete mitochondrial sequences for haplogroups M23 and M46: insights into the Asian ancestry of the Malagasy population." *Human biology* 81, no. 4 (2009): 495-500.
- DYEN, I. "Dempwolff's\* R." *Language* (1953): 359-366.
- FEELEY-HARNIK, G. "The political economy of death: communication and change in Malagasy colonial history." *American Ethnologist* 11, no. 1 (1984): 1-19.
- FERRAND, G. "Les Musulmans à Madagascar (3 Vols.). Paris, 1891-93. L'Origine Africaine des Malgaches." *Journal Asiatique* (1908): 353-500.
- FOURQUET R, SARTHOU J, ROUX J. et AORI K. "Hémoglobine S et origines du peuplement de Madagascar: Nouvelle hypothèse sur son introduction en Afrique." *Arch Inst Pasteur Madagascar* 43 (1974) :185-220.
- FRANKLIN, D., A. CARDINI, et C. E. OXNARD. "A geometric morphometric approach to the quantification of population variation in sub-Saharan African crania." *American Journal of Human Biology* 22, no. 1 (2010): 23-35.
- FROMENT, A. "Correspondence between anatomical differentiation and geographic-distribution of modern humans studied by craniometry." *Comptes rendus de l'academie des sciences Serie Iii-Sciences De La Vie-Life Sciences* 315, No. 8 (1992): 323-329.

- FROMENT, A. "Biologie et histoire." *Datation et chronologie dans le bassin du lac Tchad: Séminaire du Réseau Méga-Tchad, ORSTOM Bondy, 11 et 12 septembre 1989* (1993): 35.
- FROMENT, A. "Diversification culturelle et différenciation physique dans l'espèce humaine: une contribution de la biologie à la linguistique." *Cah. Sci. hum* 31, no. 1 (1995): 239-251.
- FROMENT, A. "Le peuplement de l'Afrique centrale: Contribution de l'anthropobiologie." *M. Delneuf, JM. Essomba et A. Froment, Paléanthropologie de l'Afrique centrale: un bilan de l'archéologie au Cameroun, Paris* (1998).
- FROMENT, A. "Biological evolution of populations during the early Holocene transitions." *Ecological aspects of past human settlements in Europe. Biennial Books of European Anthropological Association 2* (2002): 41-60.
- GAVARRINO, M. "Contribution à l'étude de la sicklémie à Madagascar." *Bulletin de la Société de Pathologie exotique*, 49 (1956) : 403.
- GILES, E., et O. ELLIOT. "Race identification from cranial measurements." (1962).
- GOMMERY, D., B. RAMANIVOSOA, M. FAURE, C. GUÉRIN, P. KERLOC'H, F. SÉNÉGAS, et Hervé RANDRIANANTENAINA. "Les plus anciennes traces d'activités anthropiques de Madagascar sur des ossements d'hippopotames subfossiles d'Anjohibe (Province de Mahajanga)." *Comptes Rendus Palevol* 10, no. 4 (2011): 271-278.
- GONZÁLEZ-JOSÉ, R., I. ESCAPA, W. A. NEVES, R. CÚNEO, et H. M. PUCCIARELLI. "Cladistic analysis of continuous modularized traits provides phylogenetic signals in Homo evolution." *Nature* 453, no. 7196 (2008): 775-778.
- GOULD, S. J. *La mal-mesure de l'homme*. Editions Odile Jacob, 1997.
- GRANDIDIER, A. et G. *Histoire physique, naturelle et politique de Madagascar*. Vol IV : *Ethnographie*, tome 1 : Les habitants de Madagascar, Paris, Imprimerie nationale, 1908.
- GRANDIDIER, A., et G. GRANDIDIER. *Ethnographie de Madagascar*. Vol. 1. Imprimerie nationale, 1908.
- GRAW, M. "Metric sex determination of the skull base." *Homo* 50, no. 2 (1999): 101-106.
- HAMMER, M. F., T. KARAFET, A. RASANAYAGAM, E. T. WOOD, T. K. ALTHEIDE, T. JENKINS, R. C. GRIFFITHS, A. R. TEMPLETON, et S. L. ZEGURA. "Out of Africa and back again: nested cladistic analysis of human Y chromosome variation." *Molecular Biology and Evolution* 15, no. 4 (1998): 427-441.
- HAMY, E-T. "Quelques observations sur l'anthropologie des Somalis." *Bulletins de la Société d'anthropologie de Paris* 5, no. 1 (1882): 697-706.
- HANIHARA, T. "Dual structure model for the population history of the Japanese." *Nichibunken Japan Review* (1991): 1-33.
- HANIHARA, T. "Comparison of craniofacial features of major human groups." *American journal of physical anthropology* 99, no. 3 (1996): 389-412.
- HANIHARA, T. "Craniofacial affinities of Mariana Islanders and Circum-Pacific peoples." *American journal of physical anthropology* 104, no. 3 (1997): 411-425.
- HANIHARA, T., H. ISHIDA, et Y. DODO. "Characterization of biological diversity through analysis of discrete cranial traits." *American Journal of Physical Anthropology* 121, no. 3 (2003): 241-251.
- HANIHARA, T., et H. ISHIDA. "Regional differences in craniofacial diversity and the population history of Jomon Japan." *American Journal of Physical Anthropology* 139, no. 3 (2009): 311-322.
- HARPENDING, H. C., et R. H. WARD. "Chemical systematics and human populations." *Biochemical aspects of evolutionary biology* (1982): 213-256.
- HARPENDING, H., et A. ROGERS. "Genetic perspectives on human origins and differentiation." *Annual review of genomics and human genetics* 1, no. 1 (2000): 361-385.
- HARRIS, E.F., et R.N. SMITH. "Accounting for measurement error: a critical but often overlooked process." *Archives of oral biology* 54 (2009): S107-S117.

- HARVATI, K., et T. D. WEAVER. "Human cranial anatomy and the differential preservation of population history and climate signatures." *The Anatomical Record Part A: Discoveries in Molecular, Cellular, and Evolutionary Biology* 288, no. 12 (2006): 1225-1233.
- HÉRIVAUX, A. et RAHOERSON. "Les groupes sanguins chez les malgaches de l'Émyrne." *Bulletin de la Société de Pathologie exotique*, t. XXIV, n° 3 (1931) :247-250.
- HEWITT, R., A. KRAUSE, A. GOLDMAN, G. CAMPBELL, et T. JENKINS. "Beta-globin haplotype analysis suggests that a major source of Malagasy ancestry is derived from Bantu-speaking Negroids." *American journal of human genetics* 58, no. 6 (1996): 1303.
- HIERNAUX, J., et A. FROMENT. "The correlations between anthropobiological and climatic variables in sub-Saharan Africa: revised estimates." *Human Biology* (1976): 757-767.
- HOLDEREGGER, R., et H. H. WAGNER. "A brief guide to landscape genetics." *Landscape Ecology* 21, no. 6 (2006): 793-796.
- HOLLAND, Thomas Dean. "Sex determination of fragmentary crania by analysis of the cranial base." *American journal of physical anthropology* 70, no. 2 (1986): 203-208.
- HONIGMANN, J.J. *Tribe*. Dans J. GOULD et L.K. WILLIAM. *A Dictionary of the Social Sciences*. Glencoe, IL: Free Press, 1964.
- HOWELLS, W. W. *Cranial variation in man: a study by multivariate analysis of patterns of difference among recent human populations*. Vol. 67. Papers of the Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, 1973.
- HOWELLS, W. W. *Skull shapes and the map: craniometric analyses in the dispersion of modern Homo*. Vol. 79. Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, 1989.
- HOWELLS, W. W. *Who's who in skulls: ethnic identification of crania from measurements*. Vol. 82. Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, 1995.
- HUDSON, R. R. "Gene genealogies and the coalescent process." *Oxford surveys in evolutionary biology* 7, no. 1 (1990): 44.
- HURLES, M. E., B. C. SYKES, M. A. JOBLING, et P. FORSTER. "The dual origin of the Malagasy in Island Southeast Asia and East Africa: evidence from maternal and paternal lineages." *The American Journal of Human Genetics* 76, no. 5 (2005): 894-901.
- JANTZ, R. L., et S. D. OUSLEY. "FORDISC 1.0: Computerized forensic discriminant functions." *University of Tennessee, Knoxville* (1993).
- JORDE, L. B., M. J. BAMSHAD, W. S. WATKINS, R. ZENGER, A. E. FRALEY, P. A. KRAKOWIAK, K. D. CARPENTER, H. SOODYALL, T. JENKINS, et Alan R. ROGERS. "Origins and affinities of modern humans: a comparison of mitochondrial and nuclear genetic data." *American journal of human genetics* 57, no. 3 (1995): 523.
- JORDE, L. B., W. S. WATKINS, M. J. BAMSHAD, M. E. DIXON, C. E. RICKER, M. T. SEIELSTAD, et M. A. BATZER. "The distribution of human genetic diversity: a comparison of mitochondrial, autosomal, and Y-chromosome data." *The American Journal of Human Genetics* 66, no. 3 (2000): 979-988.
- JURMAIN, R. et H. NELSON. *Introduction to Physical Anthropology*. West, 1994.
- JUSTICE, A., R. RUBICZ, G. CHITTOOR, R. L. JANTZ, et M. H. CRAWFORD. "Anthropometric variation among Bering Sea natives." *Human biology* 82, no. 5/6 (2010): 653-675.
- KANCHAN, T., K. KRISHAN, A. GUPTA, et J. ACHARYA. "A Study of Cranial Variations Based on Craniometric Indices in a South Indian Population." *Journal of Craniofacial Surgery* 25, no. 5 (2014): 1645-1649.
- KEMP, B. M., R. S. MALHI, J. MCDONOUGH, D. A. BOLNICK, J. A. ESHLEMAN, O. RICKARDS, C. MARTINEZ-LABARGA et al. "Genetic analysis of early Holocene skeletal remains from Alaska and its implications for the settlement of the Americas." *American Journal of Physical Anthropology* 132, no. 4 (2007): 605-621.
- KENT, R. *Early Kingdoms in Madagascar: 1500-1700*. New York, Holt, Rinehart and Winston, 1970.
- KITSON, E. "A study of the Negro skull with special reference to the crania from Kenya Colony." *Biometrika* (1931): 271-314.

- KITSON, E., et G. M. MORANT. "A Study of the Naga Skull." *Biometrika* 25, no. 1-2 (1933): 1-20.
- KNUDSON, K. J., et C. M. STOJANOWSKI. "New directions in bioarchaeology: Recent contributions to the study of human social identities." *Journal of Archaeological Research* 16, no. 4 (2008): 397-432.
- KOEZE, G. A. *Schädel von Curaçao und Aruba*. Kleinmann & Company, 1904.
- KOTTAK, C. P. "Cultural adaptation, kinship, and descent in Madagascar." *Southwestern Journal of Anthropology* (1971): 129-147.
- KROGMAN, W. M., et M. Y. ISCAN. *The human skeleton in forensic medicine*. Springfield: CC Thomas, 1986.
- KULOZIK, A. E., J. S. WAINSCOAT, G. R. SERJEANT, B. C. KAR, B. AL-AWAMY, G. J. F. ESSAN, A. G. FALUSI et al. "Geographical survey of  $\beta$ s-globin gene haplotypes: evidence for an independent Asian origin of the sickle-cell mutation." *American journal of human genetics* 39, no. 2 (1986): 239.
- L'ABBÉ, E. N., I. RIBOT, et M. STEYN. "A craniometric study of the 20th century Venda." *The South African Archaeological Bulletin* (2006): 19-25.
- LAHR, M. M. *The evolution of modern human diversity: a study of cranial variation*. Vol. 18. Cambridge University Press, 1996.
- LAHR, M.M., et R. A. FOLEY. "Towards a theory of modern human origins: geography, demography, and diversity in recent human evolution." *Yearbook of physical anthropology* 41 (1998): 137-176.
- LAPOUMEROULIE, C., O. DUNDA, R. DUCROCQ, G. TRABUCHET, M. MONY-LOBE, J. M. BODO, P. CARNEVALE, D. LABIE, et J. ELION. «A novel sickle cell mutation of yet another origin in Africa: the Cameroon type." *Hum. Genet* 89 (1992): 3337337.
- LARSON, P. M. "Austronesian Mortuary Ritual in History: Transformations of Secondary Burial (Famadihana) in Highland Madagascar." *Ethnohistory* 48, no. 1-2 (2001): 123-155.
- LATTER, B. D. H. "Genetic differences within and between populations of the major human subgroups." *American Naturalist* 116, no. 2 (1980): 220-237.
- LESTER, P. "Contribution à l'anthropologie des Somalis." *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris* 8, no. 4 (1927): 175-187.
- LESTER, P. "Étude anthropologique des populations de l'Éthiopie." *L'Anthropologie* 38 (1928): 289-315.
- LETTRE, J. "Analyse de la variation intra-et inter-populationnelle: application de deux méthodes craniométriques sur des collections amérindiennes-canadiennes." Mémoire de maîtrise, UdeM, Canada, 2009.
- LEWONTIN, RC. "The Apportionment of Human Diversity." *Evolutionary Biology* 6 (1972): 381-398.
- LI, J. Z., D. M. ABSHER, H. TANG, A. M. SOUTHWICK, A. M. CASTO, S. RAMACHANDRAN, H. M. CANN, G. S. BARSH, M. FELDMAN, L. L. CAVALLI-SFORZA et R. M. MYERS. "Worldwide human relationships inferred from genome-wide patterns of variation." *science* 319, no. 5866 (2008): 1100-1104.
- LINZ, B., C. ROMAINE R. VOLOLONANTENAINAB, A. SECK, J-F. CAROD, D. DIA, B. GARIN, R. MANITRALA RAMANAMPAMONJY, J-M. THIBERGE, J. RAYMOND, et S. BREUREC. "Population genetic structure and isolation by distance of *Helicobacter pylori* in Senegal and Madagascar." *PloS one* 9, no. 1 (2014): e87355.
- LIVE, Y. "Note d'introduction sur les musiques traditionnelles des Antakarnana." *Journal of Asian and African Studies* 65, (2003): 45-66.
- LIVSHITS, G., et M. NEL. "Relationships between intrapopulation and interpopulation genetic diversity in man." *Annals of human biology* 17, no. 6 (1990): 501-513.
- MACK, J. *Madagascar: island of the ancestors*. Publié pour le Trustees of the British Museum by British Museum Publications, 1986.
- MACKOVA, K., et J. VELEMINSKA. "Cranio-metrical norms for recent Czech population intended for evaluation of the cranial size and shape using lateral X-ray films." *Anthropologie* 45, no. 2-3 (2007): 261-274.

- MACPHEE, R. DE, et D. A. BURNEY. "Dating of modified femora of extinct dwarf Hippopotamus from southern Madagascar: implications for constraining human colonization and vertebrate extinction events." *Journal of Archaeological Science* 18, no. 6 (1991): 695-706.
- Madagascar et territoires de l'Océan Indien. Encyclopédie africaine et malgache, Madagascar et Somalie.* Paris: Larousse, 1964.
- MANICA, A., W. AMOS, F. BALLOUX, et T. HANIHARA. "The effect of ancient population bottlenecks on human phenotypic variation." *Nature* 448, no. 7151 (2007): 346-348.
- MANN, R. W., R. L. JANTZ, W.M. BASS, et P. S. WILLEY. "Maxillary suture obliteration: a visual method for estimating skeletal age." *Journal of forensic sciences* 36, no. 3 (1991): 781-791.
- MAQUET, J. « CLAN », Encyclopædia Universalis [en ligne], consulté le 29 mars 2015. URL :<http://www.universalis-edu.com/encyclopedie/clan/>
- MARTIN, R. et SALLER, K. *Lehrbuch der Anthropologie.* Band II. G, Fischer, Stuttgart, 1959.
- MAYS, S. New directions in the analysis of stable isotopes in excavated bones and teeth, dans *Human osteology in archaeology and forensic science*, édité par M. COX et S. MAYS : 425-88. London: Greenwich Medical Media, 2000.
- MCBAIN, A. Y. "Les céramiques chinoises d'exportation dans la collection du Musée d'Art et d'Archéologie." *Taloha* 11 (1992): 71-76.
- MEINDL, R. S., et C. O. LOVEJOY. "Ectocranial suture closure: A revised method for the determination of skeletal age at death based on the lateral-anterior sutures." *American journal of physical anthropology* 68, no. 1 (1985): 57-66.
- MERRIWETHER, D. A., A. G. CLARK, S. W. BALLINGER, T. G. SCHURR, H. SOODYALL, T. JENKINS, S. T. SHERRY, et D. C. WALLACE. "The structure of human mitochondrial DNA variation." *Journal of Molecular Evolution* 33, no. 6 (1991): 543-555.
- MIGOT, F., B. PERICHON, P-M. DANZE, L. RAHARIMALALA, J-P. LEPERS, P. DELORON, et R. KRISHNAMOORTHY. "HLA class II haplotype studies bring molecular evidence for population affinity between Madagascans and Javanese." *Tissue antigens* 46, no. 2 (1995): 131-135.
- MORITA, Y., N. OGIHARA, T. KANAI, et H. SUZUKI. "Technical note: Quantification of neurocranial shape variation using the shortest paths connecting pairs of anatomical landmarks." *American journal of physical anthropology* 151, no. 4 (2013): 658-666.
- MSAIDIE, S., A. DUCOURNEAU, G. BOETSCH, G. LONGEPIED, K. PAPA, C. ALLIBERT, A. A. YAHAYA, J. CHIARONI, et M. J. MITCHELL. "Genetic diversity on the Comoros Islands shows early seafaring as major determinant of human biocultural evolution in the Western Indian Ocean." *European Journal of Human Genetics* 19, no. 1 (2011): 89-94.
- MURDOCK, G. P. "Africa: its peoples and their culture history." (1959).
- NEHLICH, O., J. MONTGOMERY, J. EVANS, S. SCHADE-LINDIG, S. L. PICHLER, M. P. RICHARDS, et K. W. ALT. "Mobility or migration: a case study from the Neolithic settlement of Nieder-Mörlén (Hessen, Germany)." *Journal of Archaeological Science* 36, no. 8 (2009): 1791-1799.
- NEVES, W. A., M. HUBBE, M. M. M. OKUMURA, R. GONZALEZ-JOSE, L. FIGUTI, S. EGGERS, et P. A. D. DE BLASIS. "A new early Holocene human skeleton from Brazil: implications for the settlement of the New World." *Journal of Human Evolution* 48, no. 4 (2005): 403-414.
- NYSTROM, K. C. "Late Chachapoya population structure prior to Inka conquest." *American journal of physical anthropology* 131, no. 3 (2006): 334-342.
- OUSLEY, S., R. JANTZ, et D. FREID. "Understanding race and human variation: why forensic anthropologists are good at identifying race." *American Journal of Physical Anthropology* 139, no. 1 (2009): 68-76.
- PAGNIER, J., J. G. MEARS, O. DUNDA-BELKHODJA, K. E. SCHAEFER-REGO, C. BELDJORD, R. L. NAGEL, et D. LABIE. "Evidence for the multicentric origin of the sickle cell hemoglobin gene in Africa." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 81, no. 6 (1984): 1771-1773.

- PASCHETTA, C., S. DE AZEVEDO, L. CASTILLO, N. MARTÍNEZ-ABADÍAS, M. HERNÁNDEZ, D. E. LIEBERMAN, ET R. GONZÁLEZ-JOSÉ. "The influence of masticatory loading on craniofacial morphology: a test case across technological transitions in the Ohio Valley." *American journal of physical anthropology* 141, no. 2 (2010): 297-314.
- PEARSON, M. P. "Tombs and monumentality in southern Madagascar: preliminary results of the central Androy survey." *Antiquity* 66, no. 253 (1992): 941-948.
- PEREZ, V. R., D. A. BURNEY, L. R. GODFREY, et M. NOWAK-KEMP. "Box 4. Butchered sloth lemurs." *Evolutionary Anthropology* 12, no. 6 (2003): 260-260.
- PETRAGLIA, M. D., et B. ALLCHIN, (éditeur). *The evolution and history of human populations in South Asia: Inter-disciplinary studies in archaeology, biological anthropology, linguistics and genetics*. Springer Science & Business Media, 2007.
- PETRONI, Filippo, et Maurizio SERVA. "Language distance and tree reconstruction." *Journal of Statistical Mechanics: Theory and Experiment* 2008, no. 08 (2008): P08012.
- PIETRUSEWSKY, M. "A multivariate analysis of craniometric data from the territory of Papua and New Guinea." *Archaeology & Physical Anthropology in Oceania* (1973): 12-23.
- PIETRUSEWSKY, M. "Metric analysis of skeletal remains: methods and applications." *Biological Anthropology of the Human Skeleton*. Wiley-Liss, New York (2000 et réédition 2008): 375-415.
- PINHASI, R., et N. VON CRAMON-TAUBADEL. "Craniometric data supports demic diffusion model for the spread of agriculture into Europe." *Plos one* 4, no. 8 (2009): e6747.
- POETSCH, M., A. WIEGAND, M. HARDER, R. BLÖHM, N. RAKOTOMAVO, S. FREITAG-WOLF, et N. VON WURMB-SCHWARK. "Determination of population origin: a comparison of autosomal SNPs, Y-chromosomal and mtDNA haplogroups using a Malagasy population as example." *European Journal of Human Genetics* 21, no. 12 (2013): 1423-1428.
- POWELL, J. F., et W. A. NEVES. "Craniofacial morphology of the first Americans: pattern and process in the peopling of the New World." *American journal of physical anthropology* 110, no. S29 (1999): 153-188.
- RABE, T., R. JAMBOU, L. RABARIJAONA, L. RAHARIMALALA, M. A. RASON, F. ARIEY, et D. DHERMY. "South-East Asian ovalocytosis among the population of the Highlands of Madagascar: a vestige of the island's settlement." *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene* 96, no. 2 (2002): 143-144.
- RAJOELINA, P., ET A. Ramelet. *Madagascar, la grande île*. Editions L'Harmattan, 1989.
- RAKOTOARISOA, J.A. "Madagascar- l'Homme et son milieu". *Dans Malgache qui es-tu ? Musée d'ethnographie de Neuchâtel*, 1973.
- RAKOTONIRJNA, M., et J. POIRIER. "Identité culturelle et développement." *JP Domenichini, D. Raheisoanjato, J. Poirier, Ny ra^ ana tsy mba maty, Cultures traditionnelles malgaches, Tananarive, Lib. de Madagascar* (1984): 7-30.
- RANDRIANJA, S. et S. ELLIS. *Madagascar: A short history*. The University of Chicago Press, 2009.
- RAZAFINDRAZAKA, H, F-X. RICAUT, M. P. COX, M. MORMINA, J-M DUGOUJON, L. P. RANDRIAMAROLAZA, E. GUITARD, L. TONASSO, B. LUDES, et E. CRUBEZY. "Complete mitochondrial DNA sequences provide new insights into the Polynesian motif and the peopling of Madagascar." *European Journal of Human Genetics* 18, no. 5 (2010): 575-581.
- RAZAFINDRAZAKA, H. "Le peuplement humain de Madagascar: Anthropologie génétique de trois groupes traditionnels." PhD diss., Toulouse 3, 2010.
- REES, J. L. "Genetics of hair and skin color." *Annual review of genetics* 37, no. 1 (2003): 67-90.
- REID, L. et H. LIAO. "A Brief Syntactic Typology of Philippine Languages." *Language and Linguistics* 5, no. 2 (2004): 433-490.
- REINECKE, P. "Beschreibung einiger Rassenskelette aus Afrika." *Archiv für Anthropologie* XXV (1896):185-227.
- RELETFORD, J. H., et J. BLANGERO. "Detection of differential gene flow from patterns of quantitative variation." *Human Biology* (1990): 5-25.



- RELETFORD, J. H. "Cross-cultural analysis of migration rates: Effects of geographic distance and population size." *American journal of physical anthropology* 89, no. 4 (1992): 459-466.
- RELETFORD, J. H. et H. C. HARPENDING. "Cranio-metric variation, genetic theory, and modern human origins." *American Journal of Physical Anthropology* 95, no. 3 (1994): 249-270.
- RELETFORD, J. H. "Genetic drift can obscure population history: problem and solution." *Human Biology* (1996): 29-44.
- RELETFORD, J. H., M. H. CRAWFORD, et J. BLANGERO. "Genetic drift and gene flow in post-famine Ireland." *Human Biology* (1997): 443-465.
- RELETFORD, J. H. "Global analysis of regional differences in cranio-metric diversity and population substructure." *Human biology* (2001): 629-636.
- RELETFORD, J. H. "Apportionment of global human genetic diversity based on cranio-metrics and skin color." *American Journal of Physical Anthropology* 118, no. 4 (2002): 393-398.
- RELETFORD, J. H.. *Reflections of our past: How human history is revealed in our genes*. Vol. 260. Boulder: Westview, 2003.
- RELETFORD, J. H.. "Global patterns of isolation by distance based on genetic and morphological data." *Human Biology* 76, no. 4 (2004): 499-513.
- RELETFORD, J. H. "Geostatistics and spatial analysis in biological anthropology." *American journal of physical anthropology* 136, no. 1 (2008): 1-10.
- RELETFORD, J. H. "Race and global patterns of phenotypic variation." *American journal of physical anthropology* 139, no. 1 (2009): 16-22.
- RELETFORD, J. H. "Population-specific deviations of global human cranio-metric variation from a neutral model." *American journal of physical anthropology* 142, no. 1 (2010): 105-111.
- RIBOT, I. "Cranial variation in Equatorial Africa." PhD diss., M. Phil. dissertation, University of Cambridge, United Kingdom, 1998.
- RIBOT, I. "Cranio-metric analysis of Central and East Africans in relation to history: a case study based on unique collections of known ethnic affiliation ". *Bull Soc R Belg Anthropol Prehist* 114 (2003): 25-50.
- RIBOT, I. "Differentiation of modern sub-Saharan African populations: cranio-metric interpretations in relation to geography and history ". *Bull Mem Soc Anthropol Paris* 16 (2004): 143-165.
- RIBOT, I. *A study through skull morphology on the diversity of Holocene African populations in a historical perspective*. Archaeopress, 2011.
- RICAUT, F.-X., H. RAZAFINDRAZAKA, M. P. COX, J.-M. DUGOUJON, E. GUITARD, C. SAMBO, M. MORMINA, M. MIRAZON-LAHR, B. LUDES, et E. CRUBÉZY. "A new deep branch of eurasian mtDNA macrohaplogroup M reveals additional complexity regarding the settlement of Madagascar." *BMC genomics* 10, no. 1 (2009): 605.
- RICHTSMEIER, J.T., V. B. DELEON, et S. R. LELE. "The promise of geometric morphometrics." *American journal of physical anthropology* 119, no. S35 (2002): 63-91.
- ROCCHI, M., N. ARCHIDIACONO, et R. STANYON. "Ancestral genomes reconstruction: An integrated, multi-disciplinary approach is needed." *Genome research* 16, no. 12 (2006): 1441-1444.
- ROOTH, H. L. *Studies in primitive looms*. Halifax, 1917.
- ROSEMAN, C.C. "Detecting interregionally diversifying natural selection on modern human cranial form by using matched molecular and morphometric data." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 101, no. 35 (2004): 12824-12829.
- ROSS, M. "Reconstructing the case-marking and personal pronoun systems of Proto Austronesian." *Streams converging into an ocean: Festschrift in honor of Professor Paul Jen-kuei Li on his 70th birthday* (2006): 521-63.

- ROSS, M. "6 The integrity of the Austronesian language family." Dans *Past human migrations in East Asia: matching archaeology, linguistics and genetics*, édité par SANCHEZ-MAZAS, A., R. BLENCH, M. D. ROSS, I. PEIROS, et M. LIN, 161-181. London: Routledge (2008).
- RUHLEN, M. *On the origin of languages: studies in linguistic taxonomy*. Stanford University Press, 1994.
- SACHS, C. *Les instruments de musique de Madagascar*. Institut d'ethnologie, Paris, 1938.
- SAUER, N.J. et WANKMILLER, J.C. "The assessment of ancestry and the concept of race ", dans *Handbook of Forensic Anthropology and Archaeology* édité par S. BLAU and D.H. UBELAKER, 187-200. Left Coast Press, Walnut Creek, CA, 2009.
- SAUGRAIN, J. "[Study of 14 strains of Salmonella isolated in Tananarive; sensitivity to antibiotics.]" *Médecine tropicale: revue du Corps de sante colonial* 14, no. 2 (1953): 165-173.
- SAY-LIANG-FAT, M.-A. "Dimorphisme sexuel et base du crâne: combinaison d'une approche conventionnelle et d'une approche photogrammétrique dans le recueil des variables." Mémoire Maitrise, Université de Bordeaux, France, 2014.
- SCHEINFELDT, L. B., S. SOI, et S. A. TISHKOFF. "Working toward a synthesis of archaeological, linguistic, and genetic data for inferring African population history." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 107, no. Supplement 2 (2010): 8931-8938.
- SCHILLACI, M. A., et C. M. STOJANOWSKI. "Cranioetric variation and population history of the prehistoric Tewa." *American journal of physical anthropology* 126, no. 4 (2005): 404-412.
- SELMA UYSAL, R. M., GOKHARMAN, D., KACAR, M., TUNCBILEK, I., et KOSAR, U. "Estimation of sex by 3D CT measurements of the foramen magnum." *Journal of forensic sciences* 50.6 (2005): 1310-1314.
- SERGI, Sergio. "Crania habessinica." *Rome. A volume containing*, 1912.
- SERVA, M. "The Settlement of Madagascar: What Dialects and Languages Can Tell Us." *PloS one* 7, no. 2 (2012): e30666.
- SERVA, M., F. PETRONI, D. VOLCHENKOV, et S. WICHMANN. "Malagasy dialects and the peopling of Madagascar." *Journal of the Royal Society, Interface/the Royal Society* 9, no. 66 (2012): 54-67.
- SHOLTS, S. B., WÄRMLÄNDER, S. K., FLORES, L. M., MILLER, K. W., et WALKER, P. L. "Variation in the measurement of cranial volume and surface area using 3D laser scanning technology." *Journal of forensic sciences* 55.4 (2010): 871-876.
- SHRUBSALL, F. "Crania of African bush races." *Journal of the Anthropological Institute of Great Britain and Ireland* (1898): 263-292.
- SIMON, Pierre R. *La langue des ancêtres: une périodisation du malgache de l'origine au XV<sup>e</sup> siècle*. Éditions L'Harmattan, 2006.
- SINGER, R., O. E. BUDTZ-OLSEN, P. BRAIN, et J. SAUGRAIN. "Physical features, sickling and serology of the Malagasy of Madagascar." *American journal of physical anthropology* 15, no. 1 (1957): 91-124.
- SOODYALL, H., L. VIGILANT, A. V. HILL, M. STONEKING, et T. JENKINS. "mtDNA control-region sequence variation suggests multiple independent origins of an Asian-specific 9-bp deletion in sub-Saharan Africans." *American journal of human genetics* 58, no. 3 (1996): 595.
- SOODYALL, H., JENKINS, T., HEWITT, R., KRAUSE, A., et STONEKING, M. "The peopling of Madagascar." *Symposia-Society For The Study Of Human Biology*. Vol. 1. No. 38. Cambridge University Press, 1996.
- STEFAN, V. H. "Cranioetric variation and homogeneity in prehistoric/protohistoric Rapa Nui (Easter Island) regional populations." *American Journal of Physical Anthropology* 110, no. 4 (1999): 407-419.
- STOJANOWSKI, Christopher M. "Population history of native groups in pre-and postcontact Spanish Florida: Aggregation, gene flow, and genetic drift on the Southeastern US Atlantic coast." *American Journal of Physical Anthropology* 123, no. 4 (2004): 316-332.
- STOJANOWSKI, C.M., et M.A. SCHILLACI. "Phenotypic approaches for understanding patterns of intracemetery biological variation." *American journal of physical anthropology* 131, no. S43 (2006): 49-88.

- STONEKING, M., J.J. FONTIUS, S. L. CLIFFORD, H. SOODYALL, S. S. ARCOT, N. SAHA, T. JENKINS, M. A. TAHIR, P. L. DEININGER, et M. A. BATZER. "Aluinsertion polymorphisms and human evolution: Evidence for a larger population size in Africa." *Genome research* 7, no. 11 (1997): 1061-1071.
- STONEKING, M., et J. KRAUSE. "Learning about human population history from ancient and modern genomes." *Nature Reviews Genetics* 12, no. 9 (2011): 603-614.
- TILDESLEY, M. L. "A first study of the Burmese skull." *Biometrika* (1921): 176-262.
- TOFANELLI, S., S. BERTONCINI, L. CASTRÌ, D. LUISELLI, F. CALAFELL, G. DONATI, et G. PAOLI. "On the origins and admixture of Malagasy: new evidence from high-resolution analyses of paternal and maternal lineages." *Molecular biology and evolution* 26, no. 9 (2009): 2109-2124.
- UBELAKER, D. H. "Human Skeletal Remains. Manuals on Archaeology 2." *Smithsonian Institution, Washington* (1989).
- ULIJASZEK, S.J., et D.A. KERR. "Anthropometric measurement error and the assessment of nutritional status." *British Journal of Nutrition* 82, no. 03 (1999): 165-177.
- VARK VAN, G. N. et SCHAAFSMA W. "Advances in the quantitative analysis of skeletal morphology" dans *Skeletal biology of past peoples: Research methods* édité par SAUNDERS, S.R. et KATZENBERG, M. A., 225-257. Wiley-Liss, 1992.
- VÉRIN, P., C. P. KOTTAK, et P. GORLIN. "The glottochronology of Malagasy speech communities." *Oceanic Linguistics* (1969): 26-83.
- VÉRIN, P. "Les échelles anciennes du commerce sur les côtes nord de Madagascar." PhD diss. Lille, 1975.
- VÉRIN, P. *Madagascar : peuples et pays monde*. Karthala, 1990.
- VÉRIN, P., et N. RAJAONARIMANANA. "Divination in Madagascar, the antemoro case and the diffusion of divination." *African Divination Systems* (1991): 53-68.
- VERIN, P., et H. WRIGHT. "Madagascar and Indonesia: new evidence from archaeology and linguistics." *Bulletin of the Indo-Pacific Prehistory Association* 18 (1999): 35-42.
- VON BONIN, G. "A contribution to the craniology of the Easter Islanders." *Biometrika* (1931): 249-270.
- VON CRAMON-TAUBADEL, N. "The relative efficacy of functional and developmental cranial modules for reconstructing global human population history." *American journal of physical anthropology* 146, no. 1 (2011): 83-93.
- WEBER, M. *Economy and society: An interpretative sociology*. New York: Bedminster, 1968.
- WEIR, S. *The Bedouin*. British Museum Publications, London, 1976.
- WHITE, T. D., et P. A. FOLKENS. *The human bone manual*. Academic Press, 2005.
- WILLIAMS-BLANGERO, S., et J. BLANGERO. "Anthropometric variation and the genetic structure of the Jirels of Nepal." *Human biology* (1989): 1-12.
- WOLFE STEADMAN, D. "Mississippians in motion? A population genetic analysis of interregional gene flow in west-central Illinois." *American Journal of Physical Anthropology* 114, no. 1 (2001): 61-73.
- WRIGHT, H. T., J.A. RAKOTOARISOA, G. HEURTBIZE, et P. VÉRIN. "The evolution of settlement systems in the Efaho River Valley, Anosy (Madagascar)." *Bulletin of the Indo-Pacific Prehistory Association* 13 (1993): 61-93.
- WRIGHT, H. T. "The archaeology of southern Madagascar." *Azania: Archaeological Research in Africa* 47, no. 3 (2012): 381-390.
- WRIGHT, R. "Guide to using the CRANID programs CR6aInd: for linear and neighbor discriminant analysis." (2009).
- WRIGHT, S. "Isolation by distance." *Genetics* 28, no. 2 (1943): 114.

# ANNEXES

## Annexe I. Définitions (auteurs, années), outils de mesures utilisés et illustrations des mesures linéaires utilisées lors de notre étude

### Voûte crânienne :

1. Longueur crânienne maximum (GOL): Mesure de la distance entre la glabelle et l'opisthocranion (Howells, 1989), *compas d'épaisseur*.

2. Largeur crânienne maximum (XCB): Mesure de la distance entre l'euryon droit et l'euryon gauche, perpendiculaire au plan sagittal (Howells, 1989), *compas d'épaisseur*.

3. Largeur bi-astérionique (ASB): Mesure de la distance entre l'astérion droit et l'astérion gauche (Howells, 1989), *compas d'épaisseur*.

4. Distance nasion-bregma (FRC): Mesure de la distance entre le nasion et le bregma (Howells, 1989), *compas d'épaisseur*.

5. Distance bregma-lambda (PAC): Mesure de la distance entre le bregma et le lambda (Howells, 1989), *compas d'épaisseur*.

6. Distance lambda-opisthion (OCC): Mesure de la distance entre le lambda et l'opisthion (Howells, 1989), *compas d'épaisseur*.

7. Hauteur totale (BBH): Mesure de la distance entre le basion et le bregma (Howells, 1989), *compas d'épaisseur*.

### Face :

1. Longueur basion-nasion (BNL): Mesure de la distance entre le basion et le nasion (Howells, 1989), *compas d'épaisseur*.

2. Longueur basion-prosthion (BPL): Mesure de la distance entre le basion et le prosthion (Howells, 1989), *compas d'épaisseur*.

3. Hauteur nasion-prosthion (NPH): Mesure de la distance entre le nasion et le prosthion (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

4. Largeur bi-zygomatique (ZYB): Mesure maximale de la distance entre les deux arcades zygomatiques (Howells, 1989), *compas d'épaisseur*.

5. Largeur bi-orbitale (EKB): Mesure de la distance entre l'ectoconchion droit et l'ectoconchion gauche (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

6. Largeur bi-maxillaire (ZMB): Mesure de la distance d'un zygomaxillaire à l'autre (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

7. Largeur maxillo-alvéolaire (MAB): Mesure maximale de la distance entre les surfaces externes de la bordure alvéolaire, souvent au niveau des deuxièmes molaires (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

8. Hauteur pré-maxillaire (PMH): Mesure de la distance entre le prosthion et le nasospinale (Shrubsall, 1896, *Biometrika*), *pied à coulisse digital*.

9. Hauteur nasale a (NLHa): Mesure de la distance entre le nasion et le nasospinale (Shrubsall, 1896, *Biometrika*), *pied à coulisse digital*.

10. Hauteur nasale b (NLHb1): Mesure de la distance entre le nasion et le nariale gauche (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

11. Hauteur nasale c (NLHb2) : Mesure de la distance entre le nasion et le nariale droit (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

12. Largeur nasale maximum (NLB): Mesure de la distance maximale entre l'alore droit et l'alore gauche (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

13. Largeur inter-orbitale (DKB): Mesure de la distance entre le dacryon droit et le dacryon gauche (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

*Pour l'orbite gauche (14,15,16) :*

14. Largeur de l'orbite a (OBBa1): Mesure de la distance entre le dacryon et l'ectoconchion (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

15. Largeur de l'orbite b (OBBb1): Mesure de la distance entre le dacryon et le frontozygomatique orbitale (Martin et Saller, 1959), *pied à coulisse digital*.

16. Hauteur de l'orbite (OBH1): Mesure perpendiculaire à la mesure OBBa; entre le point supérieur et le point inférieur de l'orbite (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

*Pour l'orbite droit (17,18,19):*

17. Largeur de l'orbite a (OBBa2): Mesure de la distance entre le dacryon et l'ectoconchion (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

18. Largeur de l'orbite b (OBBb2): Mesure de la distance entre le dacryon et le frontozygomatique orbitale (Martin et Saller, 1959), *pied à coulisse digital*.

19. Hauteur de l'orbite (OBH2): Mesure perpendiculaire à la mesure OBBa; entre le point supérieur et le point inférieur de l'orbite (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

### **Base crânienne :**

1. Largeur bi-mastoïdale a (BIMAS.BRa): Mesure de la distance entre la pointe de chacun des mastoïdes (Martin et Saller, 1959), *compas d'épaisseur*.

2. Largeur bi-mastoïdale b (BIMAS.BRb): Mesure de la distance maximale entre les deux mastoïdes, prise sur les côtés de ceux-ci, là où c'est le plus large (Martin et Saller, 1959), *compas d'épaisseur*.

3. Longueur du foramen magnum (FOL): Mesure de la distance entre le basion et l'opisthion (Howells, 1989), *pied à coulisse digital*.

4. Largeur du foramen magnum (FOB): Mesure de la distance entre les marges latérales du foramen magnum, là où la courbure est la plus latérale (Martin et Saller, 1959), *pied à coulisse digital*.

5. Largeur bicondyalaire (BcB): Mesure de la distance maximale entre les deux surfaces articulaires occipitales (Holland, 1986), *pied à coulisse digital*.

6. Longueur du processus basilaire (LBP): Mesure de la distance maximale entre le basion et le point médian de la suture basilaire (Holland, 1986), *pied à coulisse digital*.

7. (GPO1): Mesure de la distance entre la glabelle et le porion gauche (Graw, 1999), *pied à coulisse digital*.

8. (GPO2): Mesure de la distance entre la glabelle et le porion droit (Graw, 1999), *pied à coulisse digital*.

9. Longueur dorsale du crâne (OPPO1): Mesure de la distance entre l'opisthocranion et le porion gauche (Graw, 1999), *pied à coulisse digital*.

10. Longueur dorsale du crâne (OPPO2): Mesure de la distance entre l'opisthocranion et le porion droit (Graw, 1999), *pied à coulisse digital*.

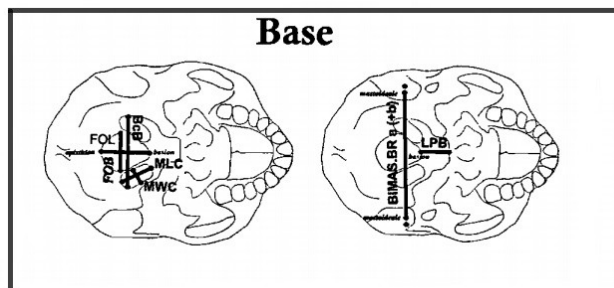
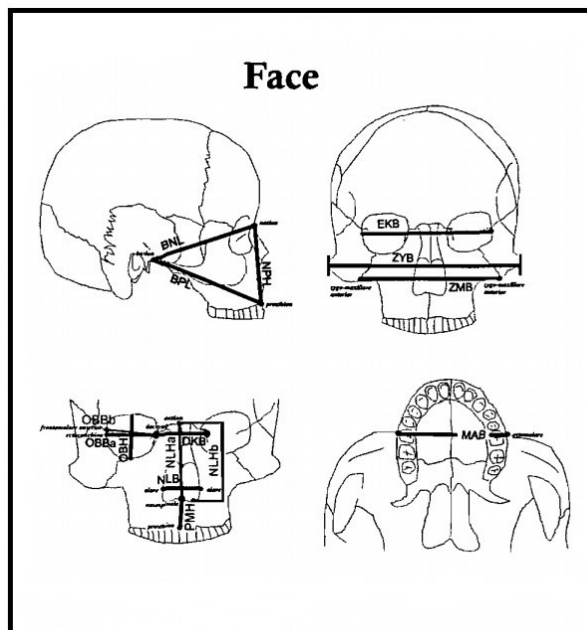
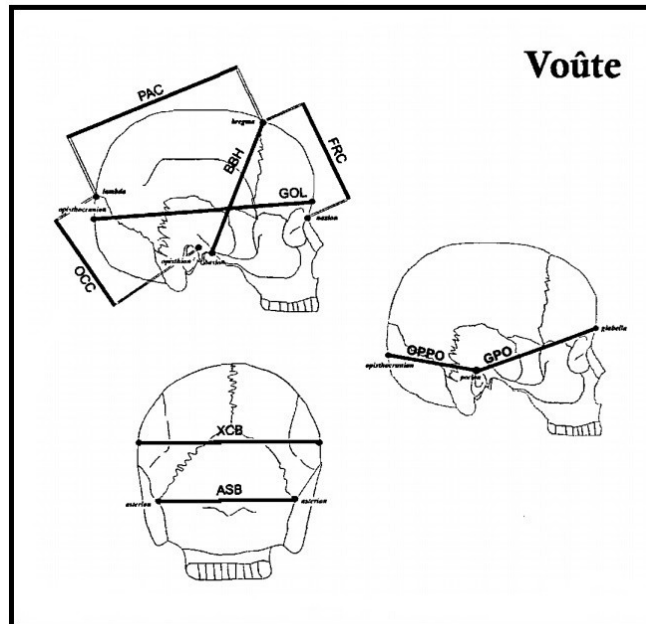
11. Longueur de la surface articulaire occipitale gauche (MLC1): Mesure maximale de la distance entre le point le plus antérieur et le point le plus postérieur de la surface articulaire occipitale gauche (Holland, 1986), *pied à coulisse digital*.

12. Largeur de la surface articulaire occipitale gauche (MWC1): Mesure maximale de la distance entre les points latéraux-médians de la surface articulaire occipitale gauche (Holland, 1986), *pied à coulisse digital*.

13. Longueur de la surface articulaire occipitale droite (MLC2): Mesure maximale de la distance entre le point le plus antérieur et le point le plus postérieur de la surface articulaire occipitale droite (Holland, 1986),  *pied à coulisse digital*.

14. Largeur de la surface articulaire occipitale droite (MWC2): Mesure maximale de la distance entre les points latéraux-médians de la surface articulaire occipitale droite (Holland, 1986),  *pied à coulisse digital*.

Annexe II. Représentation schématique de la voûte, de la face et de la base montrant la localisation anatomique des mesures métriques (Josiane Lettre, 2009)





Annexe III. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance des différentes mesures au sein du regroupement régional de la côte centre et plateau (N=59)

Mesure	Matrice de rotation des composantes (% de la variance totale)						% de la variance <sup>1</sup>					
	1 (33,50 %)	2 (12,38 %)	3 (9,23 %)	4 (6,67 %)	5 (5,81 %)	6 (5,08%)	1	2	3	4	5	6
GOL	0,202	<b>0,851</b>	0,245	0,009	0,014	0,201		72,42 %				
XCB	0,677	0,493	-0,020	0,077	-0,160	0,033						
ASB	0,404	0,521	0,062	0,147	0,142	0,091						
FRC	0,136	<b>0,773</b>	0,239	0,073	0,061	0,001		59,75 %				
PAC	0,040	<b>0,797</b>	0,064	0,228	-0,051	-0,090		63,52 %				
NPH	0,216	0,244	<b>0,707</b>	-0,004	0,092	0,554			49,99 %			
EKB	<b>0,818</b>	0,077	0,380	0,217	0,030	0,015	66,91 %					
ZMB	<b>0,714</b>	0,123	0,171	-0,070	0,198	0,155	50,98 %					
MAB	<b>0,770</b>	0,187	-0,066	-0,153	0,160	0,205	59,29 %					
PMH	0,148	0,086	0,150	0,091	0,046	<b>0,895</b>						55,54 %
NLHa	0,169	0,261	<b>0,821</b>	-0,065	0,123	0,019			67,40 %			
NLB	0,557	0,140	0,293	-0,297	-0,045	-0,361						
DKB	0,686	0,244	0,403	-0,031	-0,110	-0,081						
OBBb	0,588	-0,351	0,189	0,387	0,207	-0,054						
OBH	0,127	-0,295	0,630	0,183	0,131	0,006						
BIMAS.BRb	0,681	0,310	0,134	0,155	0,228	0,220						
FOL	0,000	0,088	0,388	0,253	<b>0,744</b>	-0,024					55,54 %	
FOB	0,208	-0,027	0,003	-0,029	<b>0,861</b>	0,089					74,13 %	
BcB	0,172	0,173	0,006	0,696	0,202	0,159						
GPO	0,370	0,313	0,690	0,213	0,063	0,175						
OPPO	0,236	<b>0,820</b>	-0,145	-0,135	0,016	0,102		67,24 %				
MLC	-0,108	0,068	0,123	<b>0,798</b>	-0,047	-0,016				63,68 %		

<sup>1</sup>Les coefficients de corrélation élevés ( $\geq 0,7$ ) mis au carré fournissent le % de variance, et ainsi permettent d'estimer la contribution des variables les plus importantes pour chaque composante.

Annexe IV. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance des différentes mesures au sein des 4 ethnies sélectionnées chez les hommes (N=87)

Mesure	Matrice de rotation des composantes (% de la variance totale)			% de la variance <sup>1</sup>		
	1 (34,35%)	2 (19,82%)	3 (13,00%)	1	2	3
OCC	0,147	-0,031	<b>0,788</b>			62,09%
EKB	0,683	0,566	0,059			
NLB	-0,023	<b>0,820</b>	0,103		67,24%	
DKB	0,106	<b>0,870</b>	-0,073		75,69%	
OBBb	<b>0,859</b>	-0,039	-0,004	73,79%		
OBH	0,614	0,009	-0,363			
GPO	0,601	0,510	0,104			
MWC	-0,293	0,111	<b>0,710</b>			50,41%

<sup>1</sup>Les coefficients de corrélation élevés ( $\geq 0,7$ ) mis au carré fournissent le % de variance, et ainsi permettent d'estimer la contribution des variables les plus importantes pour chaque composante.

Annexe V. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance des différentes mesures au sein des 4 ethnies sélectionnées pour les scores C (N=146)

Mesure	Matrice de rotation des composantes (% de la variance totale)			% de la variance <sup>1</sup>		
	1 (24,10%)	2 (15,19%)	3 (13,46%)	1	2	3
C-OCC	-0,262	-0,293	-0,472			
C-BBH	-0,682	-0,070	0,023			
C-BNL	-0,058	-0,261	<b>0,760</b>			57,76%
C-ZYB	0,070	0,672	0,335			
C-EKB	<b>0,721</b>	0,218	0,234	51,98%		
C-ZMB	0,251	0,594	-0,180			
C-DKB	<b>0,787</b>	0,038	0,087	61,94%		
C-BIMAS.BRa	-0,491	0,585	0,030			
C-GPO	0,109	0,161	<b>0,759</b>			57,61%
C-MWC	-0,077	-0,552	-0,021			

<sup>1</sup>Les coefficients de corrélation élevés ( $\geq 0,7$ ) mis au carré fournissent le % de variance, et ainsi permettent d'estimer la contribution des variables les plus importantes pour chaque composante

Annexe VI. Signification des tests post-hoc entre les hommes des échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 23 mesures (N=1110)

Mesure	Madagascar vs continent	Signification <sup>1</sup>
GOL	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	*
XCB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
ASB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
FRC	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
PAC	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	**
OCC	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	***
NPH	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS
EKB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
ZMB	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS
MAB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
PMH	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
NLHa	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
NLB	Madagascar vs Asie	*
	Madagascar vs Afrique	NS
DKB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
OBBb	Madagascar vs Asie	**
	Madagascar vs Afrique	NS
OBH	Madagascar vs Asie	*
	Madagascar vs Afrique	*
BIMAS.BRa	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	***
FOL	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
BcB	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS
LPB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	*
GPO	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
MLC	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
MWC	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

Annexe VII. Signification des tests post-hoc entre les femmes des échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 24 mesures (N=519)

Mesure	Madagascar vs continent	Signification <sup>1</sup>
GOL	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	**
XCB	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	***
ASB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
FRC	Madagascar vs Asie	**
	Madagascar vs Afrique	***
PAC	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
OCC	Madagascar vs Asie	*
	Madagascar vs Afrique	***
EKB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	*
ZMB	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	**
PMH	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
NLHa	Madagascar vs Asie	**
	Madagascar vs Afrique	*
NLHb	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
NLB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
DKB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
OBBa	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
OBBb	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
OBH	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS
BIMAS.BRa	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	*
FOL	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
FOB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
BcB	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS
LPB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
GPO	Madagascar vs Asie	**
	Madagascar vs Afrique	***
MLC	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS
MWC	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

Annexe VIII. Signification des tests post-hoc entre les échantillons de populations malgaches, africains et asiatiques au niveau de 21 mesures (N=1740) (score C)

Mesure	Madagascar vs continent	Signification <sup>1</sup>
C-XCB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
C-ASB	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS
C-FRC	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	***
C-PAC	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS
C-OCC	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	***
C-BBH	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	***
C-BNL	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
C-BPL	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
C-ZYB	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	***
C-EKB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	**
C-ZMB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
C-PMH	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	***
C-DKB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
C-OBb	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	***
C-OBH	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	NS
C-BIMAS.BRa	Madagascar vs Asie	*
	Madagascar vs Afrique	**
C-BcB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
C-LPB	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	NS
C-GPO	Madagascar vs Asie	NS
	Madagascar vs Afrique	***
C-MLC	Madagascar vs Asie	***
	Madagascar vs Afrique	***
C-MWC	Madagascar vs Asie	**
	Madagascar vs Afrique	***

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

Annexe IX. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 16 différentes mesures entre les malgaches, africains et asiatiques sélectionnés chez les hommes (N=327)

Mesure	Matrice de rotation des composantes (% de la variance totale)				% de la variance <sup>1</sup>			
	1 (33,76%)	2 (10,27%)	3 (8,58%)	4 (7,21%)	1	2	3	4
GOL	<b>0,891</b>	0,057	0,207	0,187	79,39%			
XCB	0,178	<b>0,748</b>	0,076	-0,269		55,95%		
ASB	0,518	0,537	0,047	0,005				
FRC	0,597	0,432	0,199	0,063				
PAC	<b>0,846</b>	-0,008	0,057	0,021	71,57%			
OCC	0,457	0,408	-0,049	0,048				
EKB	0,508	0,308	0,545	0,327				
MAB	0,021	0,436	0,668	0,114				
PMH	0,051	-0,081	<b>0,713</b>	-0,007			50,84%	
NLHa	-0,012	0,639	-0,067	0,333				
DKB	0,312	0,074	0,621	0,317				
BIMAS.BRa	0,172	0,664	0,175	0,298				
FOL	0,179	0,153	0,207	0,562				
LPB	0,103	-0,069	0,193	0,654				
GPO	0,545	0,496	0,216	0,304				
MLC	-0,059	0,274	-0,402	0,582				

<sup>1</sup>Les coefficients de corrélation élevés ( $\geq 0,7$ ) mis au carré fournissent le % de variance, et ainsi permettent d'estimer la contribution des variables les plus importantes pour chaque composante.

Annexe X. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 17 différentes mesures entre les malgaches, les asiatiques et les africains sélectionnés chez les femmes (N=145)

Mesure	Matrice de rotation des composantes (% de la variance totale)					% de la variance <sup>1</sup>				
	1 (30,87%)	2 (10,15%)	3 (9,64%)	4 (7,88%)	5 (6,27%)	1	2	3	4	5
GOL	0,131	<b>0,768</b>	0,273	0,243	0,391		58,98%			
XCB	<b>0,786</b>	0,079	0,017	-0,005	0,126	61,78%				
ASB	0,540	0,396	0,073	0,157	0,174					
FRC	0,431	0,629	0,085	0,083	0,295					
PAC	0,091	<b>0,879</b>	-0,014	0,000	-0,031		77,26%			
OCC	0,223	0,104	0,058	0,088	<b>0,786</b>					61,78%
EKB	0,241	0,302	<b>0,794</b>	0,201	0,064			63,04%		
ZMB	<b>0,700</b>	-0,041	0,388	-0,181	-0,035	49,00%				
PMH	0,033	0,485	0,176	0,169	-0,093					
NLHa	0,699	0,061	0,040	0,230	0,011					
NLB	0,059	0,023	<b>0,745</b>	0,054	-0,172			55,50%		
DKB	0,116	0,150	<b>0,752</b>	-0,043	0,306			56,55%		
OBBa	0,210	0,095	0,422	0,356	-0,451					
FOL	-0,088	0,159	0,199	<b>0,732</b>	0,340				53,58%	
FOB	0,221	0,029	-0,070	<b>0,809</b>	0,008				65,45%	
LPB	0,058	0,318	0,119	0,553	-0,227					
GPO	0,660	0,411	0,275	0,173	-0,015					

<sup>1</sup>Les coefficients de corrélation élevés ( $\geq 0,7$ ) mis au carré fournissent le % de variance, et ainsi permettent d'estimer la contribution des variables les plus importantes pour chaque composante.

Annexe XI. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 17 différentes mesures entre les malgaches, asiatiques et africains sélectionnés (score C) (N=521)

Mesure	Matrice de rotation des composantes (% de la variance totale)						% de la variance <sup>1</sup>					
	1 (15,81 %)	2 (13,63 %)	3 (11,17 %)	4 (8,81 %)	5 (6,71 %)	6 (6,15 %)	1	2	3	4	5	6
C-XCB	-0,499	0,095	0,065	0,078	0,402	-0,096						
C-FRC	-0,309	0,528	-0,350	0,145	0,336	-0,014						
C-OCC	-0,367	-0,134	-0,443	0,194	0,044	-0,132						
C-BBH	-0,013	0,029	-0,212	0,499	0,450	-0,357						
C-BNL	<b>0,740</b>	0,272	-0,057	0,433	0,002	-0,055	54,76 %					
C-BPL	<b>0,760</b>	0,114	-0,067	-0,226	-0,113	-0,040	57,76 %					
C-ZYB	-0,126	0,227	<b>0,726</b>	0,298	-0,012	-0,029			52,71 %			
C-EKB	0,098	0,425	0,164	0,189	-0,576	0,418						
C-ZMB	-0,174	-0,108	0,684	-0,022	0,014	0,043						
C-PMH	0,096	0,058	-0,121	<b>-0,854</b>	0,033	0,024				72,93 %		
C-DKB	-0,031	0,076	0,066	-0,080	-0,093	<b>0,858</b>						73,62 %
C-OBBb	0,038	-0,024	-0,106	-0,015	<b>-0,824</b>	0,031					67,90 %	
C-BIMAS. BRa	-0,052	0,053	0,481	0,083	0,206	-0,493						
C-LPB	0,621	-0,294	-0,118	0,021	0,103	0,050						
C-GPO	0,114	0,601	0,233	0,446	0,012	-0,058						
C-MLC	-0,120	-0,665	-0,054	0,240	-0,018	-0,216						
C-MWC	0,236	-0,548	-0,021	0,002	0,312	0,405						

<sup>1</sup>Les coefficients de corrélation élevés ( $\geq 0,7$ ) mis au carré fournissent le % de variance, et ainsi permettent d'estimer la contribution des variables les plus importantes pour chaque composante.



Annexe XII. Signification des tests post-hoc entre les hommes des échantillons de populations malgaches et quatre regroupements géographiques au niveau de 23 mesures (N=1093)

Mesure	Madagascar vs regroupement géographique	Signification <sup>1</sup>
GOL	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
XCB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
ASB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
FRC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
PAC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	**
OCC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
NPH	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
EKB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	**
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
ZMB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
MAB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	**
PMH	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS

NLHa	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	***
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
NLB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
DKB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	***
	Madagascar vs côte sud-est africaine	**
OBBb	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
OBH	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	*
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
BIMAS.BRa	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	*
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
FOL	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
BcB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
LPB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
GPO	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	*
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
MLC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
MWC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

Annexe XIII. Signification des tests post-hoc entre les femmes des échantillons de populations malgaches et quatre regroupements géographiques au niveau de 24 mesures (N=512)

Mesure	Madagascar vs continent	Signification <sup>1</sup>
GOL	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	**
XCB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
ASB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	*
	Madagascar vs côte sud-est africaine	**
FRC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	*
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
PAC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	**
OCC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
EKB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
ZMB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
PMH	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	*
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
NLHa	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
NLHb	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
NLB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS

DKB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	*
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
OBBa	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
OBBb	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	*
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
OBH	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
BIMAS.BRa	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	*
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
FOL	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	*
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
FOB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	**
	Madagascar vs côte sud-est africaine	*
BcB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
LPB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	*
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	*
GPO	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	**
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
MLC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
MWC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01\* P<0,05, NS= Non Significatif

Annexe XIV. Signification des tests post-hoc entre les échantillons de populations malgaches et quatre regroupements géographiques au niveau de 21 mesures (N=1740) (score C)

Mesure	Madagascar vs continent	Signification <sup>1</sup>
C-XCB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
C-ASB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	*
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
C-FRC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
C-PAC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
C-OCC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	*
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
C-BBH	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	***
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
C-BNL	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	*
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
C-BPL	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
C-ZYB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	***
	Madagascar vs côte sud-est africaine	*
C-EKB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	*
C-ZMB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
C-PMH	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	**
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***

C-DKB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	**
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
C-OBb	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	**
C-OBH	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	**
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
C-BIMAS.BRa	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	*
C-BcB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	*
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	*
C-LPB	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	NS
	Madagascar vs côte sud-est africaine	NS
C-GPO	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	*
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	**
	Madagascar vs côte sud-est africaine	***
C-MLC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	**
	Madagascar vs côte sud-est africaine	**
C-MWC	Madagascar vs Nord Asie du sud-est	***
	Madagascar vs Sud Asie du sud-est	NS
	Madagascar vs Sud de l'Afrique	*
	Madagascar vs côte sud-est africaine	*

<sup>1</sup>Signification : \*\*\* P<0,001, \*\* P<0,01, \* P<0,05, NS= Non Significatif

Annexe XV. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 17 différentes mesures entre les hommes de Madagascar et des regroupements régionaux sélectionnés (N=310)

Mesure	Matrice de rotation des composantes (% de la variance totale)				% de la variance <sup>1</sup>			
	1 (31,90%)	2 (10,65%)	3 (8,49%)	4 (6,83%)	1	2	3	4
GOL	<b>0,872</b>	-0,010	0,304	0,112	75,69%			
XCB	0,293	0,652	-0,301	0,143				
ASB	0,600	0,432	-0,010	0,025				
FRC	0,629	0,383	0,156	0,142				
PAC	<b>0,818</b>	-0,088	0,141	0,062	66,91%			
OCC	0,531	0,306	-0,045	-0,131				
EKB	0,516	0,307	0,525	0,344				
MAB	0,072	0,511	0,282	0,558				
PMH	0,000	0,013	0,156	<b>0,717</b>				51,41%
NLHa	0,031	0,654	0,191	-0,238				
NLB	0,116	0,017	0,659	0,124				
DKB	0,275	0,047	0,577	0,444				
BIMAS.BRa	0,235	0,686	0,254	0,030				
FOL	0,130	0,231	0,521	0,031				
LPB	0,039	0,027	0,646	-0,076				
GPO	0,579	0,485	0,348	0,058				
MLC	-0,075	0,360	0,257	-0,570				

<sup>1</sup>Les coefficients de corrélation élevés ( $\geq 0,7$ ) mis au carré fournissent le % de variance, et ainsi permettent d'estimer la contribution des variables les plus importantes pour chaque composante.

Annexe XVI. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 17 différentes mesures entre les femmes de Madagascar et des regroupements régionaux sélectionnés (N=138)

Mesure	Matrice de rotation des composantes (% de la variance totale)					% de la variance <sup>1</sup>				
	1 (28,35 %)	2 (10,71 %)	3 (10,26 %)	4 (8,25%)	5 (6,30%)	1	2	3	4	5
GOL	<b>0,781</b>	0,083	0,266	0,247	0,383	61,00%				
XCB	0,069	<b>0,774</b>	-0,022	-0,030	0,132		55,35%			
ASB	0,447	0,488	0,016	0,130	0,098					
FRC	0,655	0,389	0,077	0,077	0,275					
PAC	<b>0,904</b>	0,031	0,003	0,009	-0,134	81,72%				
OCC	0,137	0,187	-0,003	0,031	<b>0,818</b>					66,91%
EKB	0,272	0,169	0,820	0,191	0,082					
ZMB	-0,083	0,699	0,389	-0,179	0,031					
PMH	0,368	0,028	0,214	0,250	0,051					
NLHa	0,091	0,683	0,017	0,215	-0,011					
NLB	0,004	0,013	<b>0,741</b>	0,028	-0,199			54,91%		
DKB	0,150	0,102	<b>0,732</b>	-0,058	0,336			53,58%		
OBBa	0,025	0,224	0,461	0,403	-0,344					
FOL	0,139	-0,142	0,145	<b>0,707</b>	0,377				50,00%	
FOB	0,022	0,184	-0,099	<b>0,810</b>	0,016				65,61%	
LPB	0,256	0,062	0,143	0,587	-0,181					
GPO	0,408	0,642	0,282	0,181	-0,003					

<sup>1</sup>Les coefficients de corrélation élevés ( $\geq 0,7$ ) mis au carré fournissent le % de variance, et ainsi permettent d'estimer la contribution des variables les plus importantes pour chaque composante.



Annexe XVII. Matrice de rotation des composantes et pourcentage de la variance de 20 différentes mesures entre les individus de Madagascar et des regroupements régionaux sélectionnés pour les scores C (N=490)

Mesure	Matrice de rotation des composantes (% de la variance totale)							% de la variance <sup>1</sup>						
	1 (13,99 %)	2 (11,48 %)	3 (9,91 %)	4 (8,85%)	5 (6,30%)	6 (5,98%)	7 (5,43%)	1	2	3	4	5	6	7
C-XCB	-0,499	0,100	-0,330	0,037	0,093	0,195	0,237							
C-ASB	-0,085	-0,009	-0,147	0,032	0,017	<b>0,796</b>	0,153						63,3 6%	
C-FRC	-0,252	0,117	-0,123	<b>0,735</b>	0,034	0,002	-0,015				54,0 2%			
C-PAC	0,016	-0,116	0,050	0,686	-0,011	0,049	0,057							
C-OCC	-0,210	-0,375	-0,022	0,025	0,454	0,354	0,166							
C-BBH	0,081	0,111	-0,477	0,385	0,527	-0,119	0,050							
C-BNL	<b>0,800</b>	0,289	0,054	0,144	0,187	0,013	0,071	64,0 0%						
C-BPL	<b>0,753</b>	-0,080	0,090	-0,111	-0,296	0,081	0,167	56,7 0%						
C-ZYB	-0,173	<b>0,769</b>	0,014	-0,209	0,073	-0,018	0,089		59,1 4%					
C-EKB	0,133	0,325	<b>0,802</b>	0,052	-0,063	0,041	0,100			64,3 2%				
C-ZMB	-0,329	0,416	-0,009	-0,434	-0,038	-0,256	0,109							
C-PMH	-0,005	-0,348	-0,061	-0,047	<b>-0,748</b>	-0,069	-0,037					55,9 5%		
C-DKB	-0,138	-0,006	0,552	0,021	-0,284	-0,267	0,406							
C-OBb	0,090	-0,055	0,664	-0,149	0,086	0,000	-0,346							
C-OBH	-0,112	-0,078	0,016	-0,037	-0,083	-0,125	<b>-0,812</b>							65,9 3%
C-BIMAS. BRa	-0,046	0,449	-0,484	-0,236	0,031	0,200	-0,048							
C-LPB	0,585	-0,189	-0,123	-0,182	0,041	-0,266	0,040							
C-GPO	0,164	0,678	0,093	0,320	0,127	0,117	-0,013							
C-MLC	-0,110	-0,287	-0,211	-0,309	0,484	-0,191	-0,025							
C-MWC	0,104	-0,316	-0,150	-0,138	0,071	-0,487	0,386							

<sup>1</sup>Les coefficients de corrélation élevés ( $\geq 0,7$ ) mis au carré fournissent le % de variance, et ainsi permettent d'estimer la contribution des variables les plus importantes pour chaque composante.