



Photos de prélèvements de frottis buccaux.

□ Analyse génétique de quelques échantillons de Halpulaaren dans la Moyenne Vallée du Fleuve Sénégal

Alioune DÈME
Mame Yoro DIALLO

Résumé : *L'anthropologie est une science qui étudie la dynamique existant entre biologie humaine, histoire, culture et environnement. L'utilisation des données génomiques pour étudier la diversité génétique des populations humaines actuelles, permet aussi la reconstruction de leur histoire. C'est précisément pour cette raison que nous avons eu recours à l'anthropologie génétique dans le cadre de l'étude de l'ethnogenèse des Halpulaaren de la Moyenne Vallée du fleuve Sénégal. Ainsi, l'analyse des segments hypervariables I et II de la région de contrôle de l'ADN mitochondriale nous a permis de retracer l'évolution démographique et la diversité des lignées maternelles de cette dite population. Les données actuelles, bien que parcellaires indiquent une expansion démographique et une présence haplotypique ouest africaine, centre-africaine et nord-africaine.*

Abstract: *Genetic analysis of some samples of Halpulaaren in the Middle Valley of the Senegal River – Anthropology is a science that studies the dynamics between human biology, history, culture and the environment. The use of genomic data to study the genetic diversity of current human populations also allows the reconstruction of their history. It is precisely for this reason that we used genetic anthropology in the study of the ethnogenesis of Halpulaaren in the Middle Valley of the Senegal River. Thus, the analysis of the hypervariable segments I and II of the mitochondrial DNA control region allowed us to trace the demographic evolution and the diversity of the maternal lineages of this population. Current data, although patchy, indicate a demographic expansion and a West African, Central African and North African haplotypic presence.*

1. Introduction

L'anthropologie est une science qui étudie la dynamique existant entre biologie humaine, culture et environnement. Elle couvre une large variété de domaines de recherche qui se répartissent entre l'anthropologie culturelle et biologique, la paléanthropologie et la primatologie. Il s'agit donc d'une approche holistique dans laquelle des sciences exactes telles que la biologie évolutive se combinent aux sciences humaines telles que l'archéologie et les sciences sociales (Susanne, Rebato, et Chiarelli 2003). Dans son approche génétique, l'anthropologie biologique autorise donc l'utilisation des données génomiques pour étudier la diversité génétique des populations humaines pour avoir des informations sur leur histoire (Bekada 2015 : 35).

Dans cette perspective deux types d'étude peuvent être identifiés, il s'agit d'une part ceux qui se consacrent à l'analyse globale de la structure génétique d'une population et ceux qui documentent l'origine et l'évolution des lignées (haplogroupes) paternelles et/ou maternelles d'une population. Les premières études se basent sur les marqueurs à

transmission biparentale avec une recombinaison provenant de 50% du père et de 50% de la mère à chaque génération. Les secondes se basent sur les marqueurs à transmission uniparentale comme le chromosome Y (ChY) et l'ADN mitochondriale (ADNmt). C'est spécifiquement cette dernière qui nous intéresse dans le cadre de notre étude anthropogénétique sur les populations halpulaaren de la Moyenne Vallée du Fleuve Sénégal. La question de l'origine des Halpulaarens est centrale par rapport à la recherche sur la dynamique des populations au Tékrou et au Fouta Toro (Ba 2002, 60). La reconstitution de l'histoire des Halpulaarens est difficile et compliquée à la fois. Toutefois, on peut à l'image d'Abdourahmane Ba, essayer de réduire le débat à l'opposition de deux camps. Les tenants de la thèse selon laquelle les Halpulaarens constituent un groupe ethnique homogène (Delafosse 1972 ; Omar Kane 1986) et ceux qui défendent la thèse selon laquelle les Halpulaarens, loin d'être un groupe homogène, sont le fruit d'un métissage (Ba 2002).

Cette étude se fixe un double objectif qui sont entre la caractérisation génétique des Halpulaarens à partir de l'analyse des régions HVS-I et HVS-II de l'ADN mitochondrial et la vérification des hypothèses émises concernant l'homogénéité et/ou l'hétérogénéité des Halpulaarens de la Moyenne Vallée.

2. L'anthropologie génétique

La génétique et la biologie moléculaire dans le cadre des études anthropobiologiques ont permis de préciser l'origine des différentes populations humaines en étudiant les variations génétiques entre les individus (Quintana-Murci *et al.* 1999, 1). Au niveau de l'ADN, la génétique des populations subit la révolution moléculaire en termes d'isolement de gènes, de *splicing*, de cartes géniques, de séquençage et de clonage. L'intérêt anthropologique s'accroît donc pour le polymorphisme des fragments de restriction, l'ADN répétitif, l'ADN hypervariable, l'ADN mitochondrial. L'étude de ces différences génétiques, connues sous le nom de « polymorphismes », peut apporter des informations importantes sur les relations de parenté entre individus et sur l'histoire des différentes populations.

Dans son approche génétique, l'anthropologie biologique autorise l'utilisation des données génomiques pour étudier la diversité génétique des populations humaines actuelles, mais aussi anciennes permettant la déduction de leur histoire ancestrale (Bekada 2015, 35). L'anthropologie génétique s'intéresse ainsi à la reconstruction de l'histoire du peuplement humain dans son contexte environnemental et à la dynamique de l'évolution en utilisant les données de la génétique des populations (Heyer, Gibert, et Quintana-Murci 2007).

Au Sénégal, l'anthropogénétique est à ses balbutiements. L'utilisation de la biologie pour éclairer des faits historiques et anthropologiques se limitait à la seule étude hémotypologique faite par Kane et Ruffié (1963) sur quelques groupes peuls, Halpulaaren, Ouolof et Sérère du Sénégal occidental. Il a fallu attendre 2013 pour que débutent des recherches pionnières en anthropogénétique grâce à un projet de recherche international entre MM. Alioune Dème du Laboratoire de Préhistoire du Département d'Histoire de l'UCAD et Viktor Cerny du Laboratoire de Génétique de l'Université Charles V de Prague. Ce projet visait à étudier l'histoire génétique des populations (surtout peules) de l'Afrique de l'Ouest. Cela les a conduits au Ferlo, dans le Delta du Saloum, en Guinée Conakry et bientôt en Mauritanie et en Casamance (Kulichová *et al.* 2017). De cette collaboration est né le mémoire d'Ousmane Sow sur l'anthropogénétique des Seereer Niominka du Delta du Saloum (Sow 2015; Dème, Sall et Sow 2017).

Notre étude, qui utilise les données issues de ce projet, se veut comme une continuation de la même thématique en nous intéressant aux Halpulaaren de la Moyenne Vallée. Eu égard à la pertinence de l'anthropologie génétique au Sénégal, nous voulons faire la caractérisation génétique des Halpulaaren.

Ainsi, l'objectif premier de cette étude est de faire la caractérisation génétiques des Halpulaaren de la Moyenne Vallée en l'occurrence les Halpulaaren à partir de l'analyse des régions HVS-I et HVS-II de l'ADN mitochondrial. Si les moyens nous le permettent aussi, nous aimerions faire des prélèvements sur les « survivances sérères » de la Moyenne Vallée que nous avons pu identifier sur la base de nos enquêtes entre Dagana et Podor.

Le second objectif de cette étude est de vérifier les hypothèses émises concernant l'homogénéité et/ou l'hétérogénéité des Halpulaaren de la Moyenne Vallée. En apportant de nouvelles séquences mitochondriales, nous essayerons de contribuer à la discussion autour de l'origine et de l'identité des Halpulaaren de la Moyenne Vallée. Cette étude va certainement nous permettre de massifier quantitativement et qualitativement les données génétiques sur les populations sénégalaises.

3. Méthodologie

Dans le cadre de notre étude Anthropogénétique sur les Halpulaaren, nous avons réalisé au courant du mois de février 2017 une mission de prélèvement d'échantillons biologiques au niveau de la Moyenne Vallée du fleuve Sénégal plus précisément dans les villages de Boki et de Walalde (Figure 1).

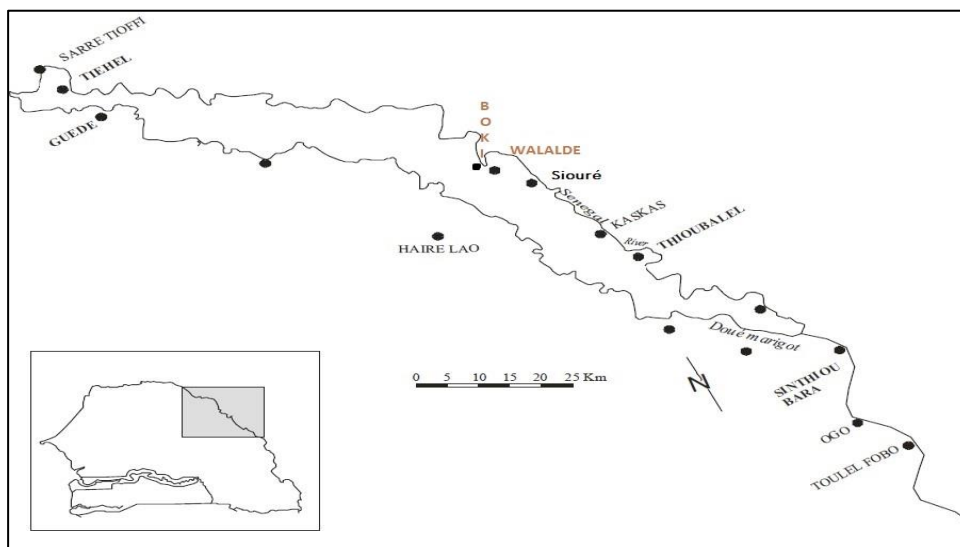


Figure 1 : Emplacement des villages de recrutements.

Notre étude étant axée fondamentalement sur l'exploitation des informations contenues dans l'acide désoxyribonucléique mitochondrial (ADNmt), il nous fallait disposer naturellement de prélèvements biologiques susceptibles d'en contenir en quantité suffisante auprès des populations étudiées.

Les prélèvements ont été effectués dans des conditions évitant toute contamination. Pour chaque individu, 0,5 mL de salive a été collecté au moyen d'un tube *ORAGNE 500* (Figure 2). Lorsqu'une contamination se produit, elle est indiquée sur le formulaire correspondant à cet échantillon. Les prélèvements ont été ensuite conservés entre 15 et 25 °C à l'abri de la lumière jusqu'à leur expédition au niveau du laboratoire d'archéogénétique de l'Institut d'Archéologie de l'Académie des Sciences de la République Tchèque.



Figure 2 : Photos de prélèvements de frottis buccaux

L'étape analytique désigne l'ensemble des processus qui va de l'extraction de l'ADN aux analyses des séquences nucléotidiques mitochondriales obtenues en passant par la polymérisation en chaîne et par le séquençage. Ces étapes aient été faites au niveau du laboratoire d'archéogénétique de l'Institut d'Archéologie de l'Académie des Sciences de la République tchèque.

4. Présentation des résultats

Les lignées mitochondriales observées chez les Halpulaaren : L'identification des polymorphismes des régions HVS1 et HVS2 de la région codante de l'ADNmt par le séquençage est concluante pour quasiment l'essentiel de l'échantillon de la population Halpulaaren de la Moyenne Vallée (n=47/49).

De par leurs fréquences (92 %), les macrohaplogroupes africains L1, L2 et L3 sont les plus représentatifs au sein de notre échantillon. Les macrohaplogroupes L1 et L2 sont les plus présents à hauteur de 32 % chacun suivi de près par le macrohaplogroupe L3 qui représente

28 % de notre échantillon. Les macrohaplogroupes eurasiatiques U et H constituent le reste de notre échantillonnage à hauteur de 4 % chacun (Tableau 1).

Macrohaplogroupe	Fréquence	
	Valeur Absolue	Valeur Relative (%)
L1	15	32
L2	15	32
L3	13	28
U	2	4
H	2	4
total	47	100

Tableau 1 : Fréquence absolue des macrohaplogroupes observés chez les Halpulaaren

L'étude de la région de contrôle de l'ADNmt plus précisément des segments hypervariables HVS-1 et HVS-2 des Halpulaaren de la Moyenne Vallée du fleuve Sénégal a permis d'observer une très grande diversité génétique en raison de la présence d'une quarantaine d'haplotypes (k=43).

Sur la totalité des 47 individus génotypés, l'essentiel soit 66 % appartient aux haplogroupes ouest-africains dont les plus représentatifs sont les haplogroupes L1b (13 %), L1b2 (11 %) et L2c (19 %). De même la fréquence du macrohaplogroupe L3 est matérialisée par la présence des haplogroupes L3b (2 %) et ses dérivés L3b1a+@16124 (2 %), L3b1a+152 (4 %) et L3b1a9 (2 %). Ces derniers semblent être très prévalents en Afrique de l'Ouest (Figure 3). La présence aussi d'haplogroupes originaires de l'Afrique du centre est à signaler. Ces derniers sont entre autres L3f1b (16 292) présent à hauteur de 4 % dans notre échantillon, L3e2b et L3e3'4'5 présents à 6 % chacun. Certes faible de par leur fréquence, des lignées eurasiatiques sont aussi présentes dans notre échantillon. Il s'agit d'une part de l'haplogroupe H2a2a présent à hauteur de 4 % et d'autre part des haplogroupes U5b1b1b et U6a'b'd+16311 présents à hauteur de 2 % chacun. Ces lignées eurasiatiques sont très prévalentes chez les populations d'Afrique du Nord

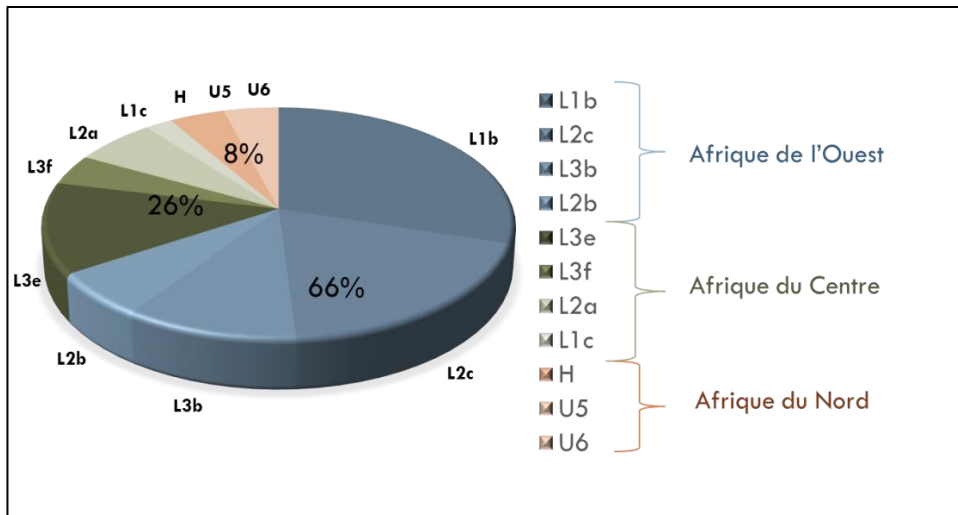


Figure 3 : Diagramme circulaire de la fréquence en % des origines géographiques des haplogroupes observés chez les Halpulaaren

Analyse de la variance moléculaire des Halpulaaren : Une très grande diversité génétique au sein de la population Halpulaaren a été observée à travers d’abord le nombre élevé de positions polymorphiques (S=103). Ensuite, la diversité haplotypique (h) qui prend en charge le nombre d’individus ainsi que la fréquence des haplotypes correspondant rappelons-le à la probabilité que deux séquences tirées au hasard dans un échantillon soient différentes est aussi forte ($h=0.9963 \pm 0,0053$). Par contre la diversité nucléotidique définie comme étant la probabilité que deux séquences tirées au hasard dans un échantillon soient différentes au niveau d’un site donné est faible ($\pi = 0,013912 \pm 0,006992$). Ce qui traduit aussi une expansion démographique des Halpulaaren (Tableau 2).

Population d’étude	Nombre samples (n)	Nombre haplotypes (k)	Nucleotide diversity (π)	Gene diversity (H)	Mean n. of pairwise diff.	Test de neutralité	
						D de Tajima	Fs de Fu
Halpulaaren	47	43	0.013912 +/- 0,006992	0.9963 +/- 0,0053	17.070305 +/- 77284	-10.009	-23.279

Tableau 2 : Variance moléculaire des Halpulaaren

Aussi, l’expansion démographique des Halpulaaren ne fait aucun doute à travers les données obtenues par rapport aux deux tests de neutralité que nous avons eu à faire à savoir le D de Tajima et le Fs de Fu. Ces tests ont donné des résultats concordants d’autant plus

que le test du F_s de F_u rend nul les hypothèses de sélection neutraliste et d'équilibre de la population au même titre que celui du D de Tajima. En effet, le D de Tajima et le F_s de F_u sont significativement négatifs et rendent compte de l'expansion démographique chez les Halpulaaren.

De même, la représentation graphique de la distribution des distances génétiques existant entre les individus de notre population d'étude a permis d'observer une distribution unimodale qui est aussi la signature d'une population en expansion (Figure 5).

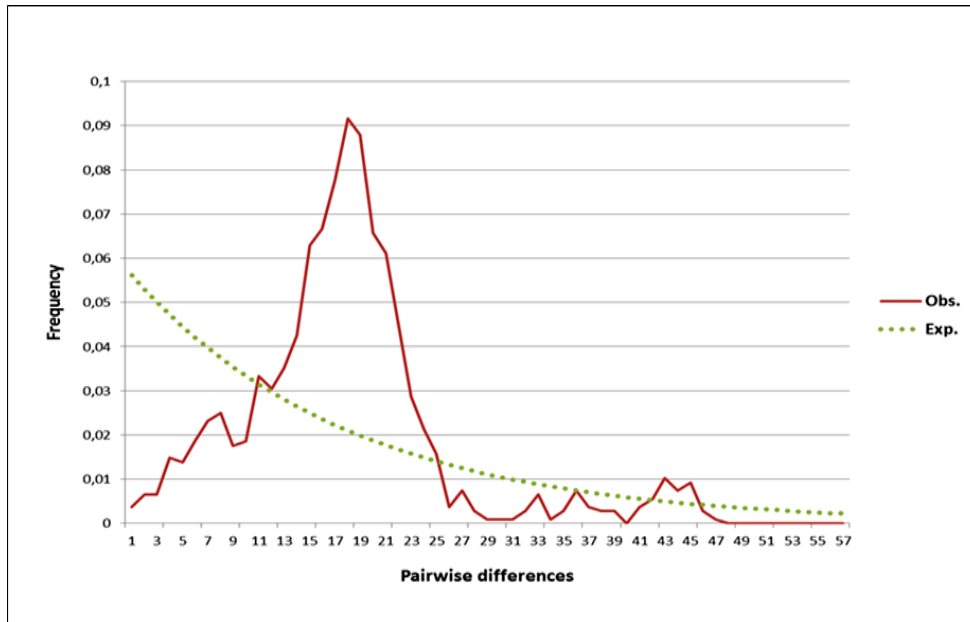


Figure 5 : Représentation graphique de la distribution des distances génétiques existant entre les individus d'une population pris deux à deux

5. Conclusion

L'analyse de l'ADN mitochondrial, effectuée pour la première fois chez les Halpulaaren de la Moyenne Vallée du fleuve Sénégal a été une contribution par rapport à la documentation de l'histoire de l'évolution génétique du peuplement de ladite zone. Elle nous a permis de recueillir des données substantielles sur la structure génétique mitochondriale de cette population fortement implantée dans la province historique du Fouta.

Les indices de variance moléculaire mitochondriale nous ont permis d'observer d'une part l'expansion démographique que les Halpulaaren ont connue et d'autre part leur très forte variabilité génétique. Cette dernière reflète la multiplicité des flux migratoires à la base du fond génétique observée chez eux. Au-delà de ce fond génétique ancestral subsaharien, est observée une contribution haplotypique centre-Africaine et Nord-Africaine.

La pertinence de ces observations démogénétique sur les Halpulaaren résulte certes de son caractère inédit mais aussi à la précision de l'approche.

L'étude des différences génétiques, connues sous le nom de « polymorphismes », a apporté des informations importantes sur les relations de parenté entre individus et sur l'histoire des Halpulaaren.

Ainsi donc, leur pool génétique, caractérisé par une très forte variabilité, semble être le reflet de leur longue trajectoire historique. Les Halpulaaren pourraient être en réalité le produit d'un long brassage de groupes qui ont fini par constituer un ensemble humain assez homogène culturellement.

Il est à noter que, pour le moment, nos échantillons ne contiennent pas des haplogroupes d'ADNmt H1cb qui, comme le montre la carte des fréquences et distributions spatiales établies par Kulichova I, Fernandes V, Dème A, *et al.*, se rencontrent exclusivement chez les peuls (1997 :4).

S'agit-il d'une faiblesse de notre échantillonnage ?

S'agit-il d'un fait historico-culturel lié à l'hypothèse selon laquelle le groupe peul aurait conquis la Moyenne Vallée, imposé sa langue et transformé culturellement les populations locales en Halpulaaren (ceux qui parlent pulaar) ?

Que dire des rapports entre Seereers et Halpulaaren qui se considèrent comme cousins qui ont cohabité ensemble dans la Moyenne Vallée du Fleuve Sénégal ? Ils partagent le même fond ouest et nord-africain. Contrairement aux Seereers Niominkas qui sont associés à l'haplogroupe M 51 du sud de l'Égypte et de l'Afrique de l'Est (Dème, A. ; Sall, M. & Sow, O. 2017), ce dernier haplogroupe n'est pas rencontré chez les Halpulaaren.

Les conclusions issues de ces résultats ne sont pas définitives. Elles jettent les bases d'une investigation plus approfondie sur les caractéristiques génétiques observées chez les Halpulaaren.

Nous avons seulement documenté la lignée maternelle. Une nouvelle perspective de recherche prenant en compte les lignées paternelles à travers le chromosome Y doit être envisagée d'autant plus que la lignée paternelle R1b-V88 semble ne se rencontrer que presque exclusivement chez les peuls et les populations à majorité pastorale (*idem*. Kulichova I, Fernandes V, Dème A, *et al.*).

De même que l'analyse de marqueurs liés ou associés aux pathologies puisque l'intérêt épidémiologique est actuellement l'une des orientations majeures de la caractérisation génétique d'une population.

□ Références bibliographiques

- Aumassip, G., N. Ferhat, A. Heddouche, R. Vernet, et others. 1988. « Le milieu saharien aux temps préhistoriques ». *Milieus, hommes et techniques du Sahara préhistorique. Problèmes actuels*, 9–29.
- Ba, Abdourhamane. 2002. *Le Takrur: des origines à la conquête par le Mali (VIe-XIIIe siècles)*. CRIAA, Université de Nouakchott, UCAD/IFAN-Ch. A.Diop.

- Bekada, Asmahan. 2015. « Caractérisation anthropogénétique d'un échantillon de la population algérienne : analyse des marqueurs parentaux ». Université d'Oran 1. <http://theses.univ-oran1.dz/these.php?id=14201512t>.
- Camara, A., et B. Duboscq. 1987. « Contexte chronostratigraphique des outillages du paléolithique évolué dans l'est du Sénégal ». *L'Anthropologie* 91 (2):511–519.
- Camps, Gabriel (1927-2002) Auteur du texte. 1974. *Les civilisations préhistoriques de l'Afrique du Nord et du Sahara / Gabriel Camps*. Paris: Doin.
<http://gallica.bnf.fr/ark:/12148/bpt6k33242602>.
- Cerný, V., M. Hájek, M. Bromová, R. Cmejla, I. Diallo, et R. Brdicka. 2006. « MtDNA of Fulani Nomads and Their Genetic Relationships to Neighboring Sedentary Populations ». *Human Biology* 78 (1):9–27. <https://doi.org/10.1353/hub.2006.0024>.
- Cerný, Viktor, Luísa Pereira, Martina Kujanová, Alzbeta Vasíková, Martin Hájek, Miranda Morris, et Connie J. Mulligan. 2009. « Out of Arabia-the Settlement of Island Soqatra as Revealed by Mitochondrial and Y Chromosome Genetic Diversity ». *American Journal of Physical Anthropology* 138 (4):439–47. <https://doi.org/10.1002/ajpa.20960>.
- Clark, J. Desmond. 1994. « Africa from the appearance of Homo sapiens sapiens to the beginnings of food production ». *The history of humanity* 1:191–206.
- Delafosse, Maurice. 1972. *Haut-Sénégal, Niger*. Vol. 2. E. Larose.
- Dème, A. ; Sall, M. & Sow, O. 2017 : « Les Seereer Niominka du Delta du Saloum(Centre-Ouest du Sénégal: Histoire et Bio Anthropologie : Résultats préliminaires ». *Anthrope* pp 37-49
- Descamps, Cyr. 1979. « Sites protohistoriques de la Sénégalie ». In . *Annales de la Faculté des Lettres et Sciences Humaines de Dakar*.
- Dutour, O., R. Vernet, G. Aumassip, et others. 1988. « Le peuplement préhistorique du Sahara ». *Milieux, hommes et techniques du Sahara préhistorique. Problèmes actuels*, 39–52.
- Gbeha, Elias. 2009. « Variabilité Génétique des Populations Ouest-Africaines ». <https://papyrus.bib.umontreal.ca/xmlui/handle/1866/2790>.
- Harich, Nourdin, Marta D. Costa, Verónica Fernandes, Mostafa Kandil, Joana B. Pereira, Nuno M. Silva, et Luísa Pereira. 2010. « The Trans-Saharan Slave Trade - Clues from Interpolation Analyses and High-Resolution Characterization of Mitochondrial DNA Lineages ». *BMC Evolutionary Biology* 10 (mai):138. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-138>.
- Hassan, Fekri A. 1978. « Archaeological explorations of the Siwa Oasis region, Egypt ». *Current Anthropology* 19 (1):146–148.
- Heyer, Evelyne, Morgane Gibert, et Lluís Quintana-Murci. 2007. *Anthropologie génétique*. CNRS Editions.
- Huysecom, Eric, Chrystel Jeanbourquin, Anne Mayor, Benoît Chevrier, Yao Serge Bonaventure Loukou, Marie Canetti, Mamoudou Abdoul Diallo, et al. 2013. « Reconnaissance dans la vallée de la Falémé (Sénégal oriental): la 15ème année de recherche du programme international «Peuplement humain et paléoenvironnement en Afrique de l'Ouest» ». *Jahresbericht SLSA, 2013, vol. 2012, p. 25-112* 2012:25–112.

- Kulichová, Iva, Verónica Fernandes, Alioune Deme, Jana Nováčková, Vlastimil Stenzl, Andrea Novelletto, Luísa Pereira, et Viktor Černý. 2017. « Internal Diversification of Non-Sub-Saharan Haplogroups in Sahelian Populations and the Spread of Pastoralism beyond the Sahara ». *American Journal of Physical Anthropology* 164 (2):424-34. <https://doi.org/10.1002/ajpa.23285>.
- Laforgue, P. 1931. « La Préhistoire de L'Ouest Africain ». *Africa* 4 (4):456-65. <https://doi.org/10.2307/1155432>.
- McIntosh, Roderick, Susan Keech McIntosh, et Hamady Bocoum, éd. 2016. *The Search for Takrur: Archaeological Excavations and Reconnaissance along the Middle Senegal Valley*. New Haven, Connecticut: The Yale Peabody Museum.
- Newman, James L. 1997. *The Peopling of Africa: A Geographic Interpretation*. Revised ed. edition. New Haven: Yale University Press.
- Phillipson, David W. 2005. *African Archaeology*. /core/books/african-archaeology/B55F961979E156386E79F82752438B9D.
- Quintana-Murci, Lluís, Reiner Veitia, Silvana Santachiara-Benerecetti, Ken McElreavey, Marc Fellous, et Thomas Bourgeron. 1999. « L'ADN mitochondrial, le chromosome Y et l'histoire des populations humaines. » <http://www.ipubli.inserm.fr/handle/10608/1467>.
- Rando, J. C., V. M. Cabrera, J. M. Larruga, M. Hernández, A. M. González, F. Pinto, et H. J. Bandelt. 1999. « Phylogeographic Patterns of MtDNA Reflecting the Colonization of the Canary Islands ». *Annals of Human Genetics* 63 (Pt 5):413-28.
- Rosa, Alexandra, et António Brehem. 2011. « African Human MtDNA Phylogeography At-a-Glance ». *Journal of Anthropological Sciences = Rivista Di Antropologia: JASS* 89:25-58. <https://doi.org/10.4436/jass.89006>.
- Salas, Antonio, Martin Richards, Tomás De la Fe, María-Victoria Lareu, Beatriz Sobrino, Paula Sánchez-Diz, Vincent Macaulay, et Angel Carracedo. 2002. « The Making of the African MtDNA Landscape ». *American Journal of Human Genetics* 71 (5):1082-1111. <https://doi.org/10.1086/344348>.
- Sow, Ousmane. 2015. « Etude génétique des sereer des îles du Saloum et essai comparatif avec les haplotypes de l'Afrique de l'Ouest ». *Unpublished Mémoire de maîtrise, Université de Dakar-Cheikh in Anta Diop*, 80.
- Susanne, Charles, Esther Rebato, et Brunto Chiarelli. 2003. « Anthropologie biologique ». <http://archives.umc.edu.dz/handle/123456789/122236>.
- Thiam, Mandiomé. 2010. *La céramique dans l'espace sénégalais: un patrimoine méconnu*. Editions L'Harmattan.
- Torrioni, Antonio, Alessandro Achilli, Vincent Macaulay, Martin Richards, et Hans-Jürgen Bandelt. 2006. « Harvesting the Fruit of the Human MtDNA Tree ». *Trends in Genetics: TIG* 22 (6):339-45. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2006.04.001>.
- Vernet, Robert, Baoubaould Mohamed Naffé, Hamady Bocoum, et Centre régional inter-africain d'archéologie. 2003. *Dictionnaire archéologique de la Mauritanie*. CRIAA, Université de Nouakchott.

Watson, E., P. Forster, M. Richards, et H. J. Bandelt. 1997. « Mitochondrial Footprints of Human Expansions in Africa ». *American Journal of Human Genetics* 61 (3):691-704. <https://doi.org/10.1086/515503>.

☐ Les auteurs

Dr Alioune DÈME est Maître Assistant au *Département d'Histoire* de la *Faculté des Lettres et Sciences Humaines*, à l'*Université Cheikh Anta Diop de Dakar* (UCAD) où il est le responsable du *Laboratoire de Préhistoire*. Il est l'auteur de plusieurs publications portant sur les résultats de ses recherches archéologiques dans la Moyenne Vallée du Fleuve et bio-anthropologique en Sénégal.

Mame Yoro DIALLO est Doctorant au *Laboratoire d'Anthropologie et d'Ingénierie Culturelle* (LAIC), *École Doctorale ETHOS*, *Université Cheikh Anta Diop de Dakar*.