

Structure génétique de la population Corse

Genetic structure of Corsican population

Giovannoni L¹., Falchi A¹., Piras I.S²., Amoros J.P¹, Moral P³., Ghiani M.E²., Calo' C.M²., Paoli G⁴., Varesi L¹., Vona G²

¹Université de Corse, laboratoire de Génétique Humaine, Faculté des Sciences 20250 Corte (F)

²Département de Biologie Expérimentale, section Anthropologie, Citadella Universitaria 09042 Monserrato (I)

³Département de Biologie Animale-Anthropologie, Faculté de Biologie Av. Diagonal 645 08028 Barcelone (E)

⁴Université de Pise, Département Ecologie et Evolution, Unité d'Anthropologie, Via S..Maria 55, 56126 PISA – (I)

Auteur chargé de la correspondance: Varesi Laurent, Université de Corse, laboratoire de génétique humaine, Faculté des Sciences, 20250 Corte (F). Tél: 0495450027. adresse électronique: varesi@univ-corse.fr.

Mots clés: Corse, génétique, ADNmt, isoenzymes, β Thalassémie

Key-words: Corsica, genetic, mtDNA, isoenzymes, β Thalassaemias

Résumé

Les fréquences de 18 marqueurs érythrocytaires et plasmatiques ont été analysées dans des populations originaires de quatre micro régions de l'île de Corse: le Nord-est, le Nord-ouest, le centre et l'extrême sud.

L'analyse effectuée dans le contexte méditerranéen, à partir de l'ensemble de l'échantillonnage insulaire, montre, en premier lieu une faible influence des populations continentales sur la structure génétique de la population Corse et en second lieu, une similitude génétique entre les populations corse et sarde.

Parallèlement, l'analyse du polymorphisme de la zone hypervariable I de l'ADN mitochondrial, montre les mêmes similitudes, renforçant ainsi l'hypothèse de la communauté de peuplement des deux îles.

Cette similitude se reflète également dans le déterminisme génétique d'une pathologie très fréquente en Méditerranée: la β Thalassémie (3,1% en Corse). Les populations des deux îles se caractérisent par une forte fréquence de la mutation β^0 -39. L'étude de la répartition des mutations β^0 -39 et β +IVS1-110 présentes en Corse montre la prédominance du codon non-sens (88,40%) et la rareté de la mutation β +IVS1-110 (2,33%) pourtant majoritaire dans l'est méditerranéen. L'analyse des haplotypes associés à cette mutation révèle une association préférentielle avec l'haplotype II, en Corse et en Sardaigne, contrairement aux populations continentales. Ceci suggère l'origine commune et la sélection par effet fondateur de cette mutation, dans le bloc corso-sarde.

Abstract

The frequencies of 18 erythrocytary and plasmatic marker were studied in sample of individuals born and residing in four micro areas of Corsica island: Eastern-North, Western-North, Centre and extreme South. Compared to the other Mediterranean populations, Corsica appears to be greatly differentiated from the populations of regions such as France and Italy, which have had great political and cultural influence. The Mediterranean population most comparable to Corsica is Sardinia. Despite their common origin, they do not prove to be absolutely identical. The genetic characteristics of Corsica and their relationship with the Mediterranean populations are interpreted in terms of demographic structure, isolation, and genetic drift.

The mtDNA sequence variation of the hypervariable segment I of the control region was studied in unrelated individuals of Corte (Corsica, France). The study confirms results obtained with classic genetic markers.

In the Corsican population, the incidence of β Thalassemia traits is reported to be 3.1%. We have investigated the 2 more important β Thalassemia mutations present in the Corsican population: β^0 -39 and β +IVS1-110. Seven polymorphic sites in the β -globin gene cluster were analyzed. Among the Corsican patients analyzed, the nonsense codon is predominant (88.40%), whereas the β +IVS1-110 mutation, the most common in the eastern part of the Mediterranean basin, is underrepresented (2.33%). The other individuals were not positive for the two tested mutations (9.27%). The β^0 -39 mutation in the studied population shows a strong association with haplotype II. This strong association was also found in Sardinia, suggesting that the mutation on the two islands have the same origin. These data support the hypothesis of a western Mediterranean origin of the β^0 -39 mutation.

Introduction

Par sa superficie la Corse est la troisième île de la Méditerranée occidentale, après la Sicile et la Sardaigne. Face au golfe de Gênes, elle se situe à environ 90 km de la Toscane et à 12 km de la Sardaigne. La Corse possède une altitude moyenne de 568m, avec un point culminant, le Monte Cinto, à 2710m au-dessus du niveau de la mer.

Les données archéologiques estiment les premières traces humaines à 6570 avant JC (Camps 1988). Cependant, des traces du Paléolithique en Sardaigne suggèrent l'existence de communautés ayant peuplé le bloc Corso-Sarde à différentes périodes, du Pléistocène moyen au Pléistocène récent. Le passage le plus probable, d'un point de vue géographique, pourrait être l'archipel toscan (Melillo 1971).

A l'âge du bronze, la culture "Torreana", caractérisée par de nombreux monuments Mégalithiques: dolmens, menhirs, "Castelli" a laissé de nombreuses traces dans l'ensemble de l'île. Ce type de culture montre de grandes similitudes avec la culture des "Nuraghe" de Sardaigne.

L'Histoire commence officiellement en 565 avant JC avec la fondation de Alalia, l'actuelle Aléria, par une colonie grecque. L'occupation romaine débuta en 269 avant JC. Après les invasions Vandales et la domination Byzantine, la Corse fut sous le contrôle du Vatican pendant

un certain temps, avant les dominations Pisane (1077-1284) et du roi d'Aragon (1284-1346). Gênes conquiert ensuite l'île et la contrôle jusqu'au milieu du 18^{ème} siècle où la Corse connaît une brève période d'indépendance avant d'être annexée à la France par le traité de Versailles de 1768.

La Corse a donc été habitée par différentes populations comme des Ligures, Phéniciens, Grecs, Romains, Byzantins, Pisans, Génois et Français.

Elle appartient ainsi au système linguistique italien et est sous-divisée en quatre zones selon l'affinité au dialecte Toscan. Ce système montre un certain degré de conservation du Latin et du langage pré-romain (Rolfs 1972).

Durant les deux derniers siècles, la Corse a subi une profonde évolution démographique. De 1800 à 1884, on observa une croissance démographique constante avec un point culminant en 1884: 276000 habitants comparés à 125000 en 1729 et 162000 en 1801. Après 1884, une sévère crise démographique débuta pour atteindre 170000 habitants au début du 19^{ème} siècle. Une nouvelle croissance démographique commença après 1955 pour atteindre 250371 habitants en 1990.

L'évolution démographique a aussi affecté le mode d'occupation du territoire. Dans beaucoup de centres urbains, et en particulier pour Ajaccio et Bastia, la population a augmenté de façon significative, alors que beaucoup de villages de l'intérieur se sont dépeuplés: en 1990, quatre communautés rurales sur dix comptaient moins de 100 habitants.

D'un point de vue environnemental la Corse, comme la Sardaigne, subit durant des millénaires les influences néfastes de la Malaria. Le parasite ne fut éradiqué qu'à la fin de la seconde guerre mondiale.

La population d'aujourd'hui est d'environ 250000 habitants avec un passé de forte endogamie, ce qui offre de nombreux avantages pour une étude génétique. Ainsi, la présence d'allèles, avec des fréquences plus élevées que dans des populations ouvertes, rend plus facile l'étude du déterminisme génétique de pathologies ou d'un effet environnemental. Elle est aussi de ce fait propice à des études d'anthropologie moléculaire comme la recherche de similitudes inter ou intra régionales, en mettant en lumière des flux géniques corrélés à des flux migratoires.

Afin d'essayer de comprendre l'histoire du peuplement de cette île, différents marqueurs génétiques ont été étudiés sur la population actuelle:

- des marqueurs neutres pour tenter de mettre en lumière des flux migratoires: autosomiques (protéines érythrocytaires et plasmatiques) et à transmission maternelle (ADN mitochondrial).
- des marqueurs sélectifs, liés à la pression de la Malaria, représentés par les mutations responsables des β -Thalassémies, ainsi que les haplotypes associés à ces mutations.

Matériel et méthodes

Marqueurs autosomiques

990 échantillons sanguins originaires de quatre micro régions ont été examinés: Nord-est, Nord-ouest, Centre et Sud-ouest. Les individus des deux sexes étaient tous non apparentés, sains, originaires de la micro région étudiée depuis au moins trois générations (lignées paternelle et maternelle).

Les génotypes de 18 marqueurs génétiques ont été déterminés par des techniques d'enzymoelectrophorèse pour les enzymes érythrocytaires (ACP, ADA, AK, DIA, ESD, GLO, PGD, PGM), d'immunoélectrophorèse pour les protéines plasmatiques (Gc, C3, HP, PLG, ORM et PI) et d'agglutination pour les marqueurs de groupes sanguins (ABO, Kell et Rhésus). Ces marqueurs sont répartis sur 12 chromosomes différents et représentent un total de 55 allèles.

ADNmt

L'ADN a été extrait de 47 échantillons sanguins de Corse du Centre examinés pour les marqueurs génétiques classiques. L'extraction a été réalisée à partir de sang total selon la méthode phénol-chloroforme.

La zone hypervariable I de ADNmt a été amplifiée par PCR avec les amorces: L15996 (5'-CTCCACCATAGCACCCAAAGC-3') et H16401 (5'-TGATTTCACGGAGGATGGTG-3'), produisant un fragment de 445 bases.

Les produits de PCR ont été purifiés et 10 µl de ADNmt ont été séquencés (ABI 377, Perkin Elmer) avec les amorces H et L utilisées pour la PCR. Les séquences ainsi obtenues couvraient un total de 360 bases, de L15981 à L16340 et ont été comparées à la séquence de référence d'Anderson (1981).

Etude des β Thalassémies

Les échantillons étaient composés de 43 hétérozygotes β-Thalassémiques non apparentés originaires du centre de l'île. Les patients ont été sélectionnés à l'Hôpital de Bastia sur la base des paramètres hématologiques suivants: MCV < 84 fL, MCH < 27 pg, HbA₂ > 3.5%. Chaque donneur a été informé et a donné son accord pour participer à ce programme de recherche.

A partir de l'ADN extrait, les mutations les plus fréquemment rencontrées en Méditerranée ont été recherchées par dot-blot avec des sondes oligonucléotidiques (ASO) (Ristaldi *et al.* 1989), par l'utilisation d'enzymes de restriction et par la méthode amplification refractory mutation system (ARMS) (Old 1990).

Les haplotypes ont été déterminés par l'analyse des sites de restriction polymorphes, situés dans le domaine des gènes β-Globine: (1) *HincII* 5' de ε; (2) *HindIII* 5' de G_γ; (3) *HindIII* dans la région 5' de IVSII de A_γ; (4) *HincII* de ψ_β; (5) *HincII* 3' de ψ_β; (6) *AvaII* de β; et (7) *HinfI* 5' de β (Orkin *et al.* 1982). Les fragments contenant chacun de ces sites ont été amplifiés puis digérés avec les enzymes appropriés.

Analyses statistiques

Marqueurs classiques

La différenciation entre la Corse et les autres populations Européennes et Méditerranéennes a été analysée avec la méthode R-Matrix (Harpending and Jenkins 1973) et les distances génétiques de Reynolds (Reynolds *et al.* 1983). L'ensemble des micro régions corses a été comparé avec des populations d'Afrique du Nord, d'Espagne, de France, de Grèce, d'Italie, du Pays Basque, du Portugal, de Sardaigne et de Turquie. Les distances génétiques ont été utilisées pour construire un arbre Neighbor Joining. La robustesse de ce dernier a été testée avec la méthode du Bootstrap en utilisant le programme PHYLIP 3.5 (Felsenstein 1989).

ADNmt

Les analyses statistiques ont été menées avec les programmes PHYLIP 3.5c et ARLEQUIN 1.1 (Schneider *et al.* 1997). Le nombre attendu de fréquences et la taille effective de la population ont été estimés par le modèle des allèles infinis avec les moyennes des nombres d'individus et de séquences (Hartl and Clark 1989). La variabilité interne des échantillons a été analysée par l'indice de diversité de Shannon dans sa forme standardisée H' (Magurran 1988).

La distribution du nombre moyen de différences et les erreurs standards ont été calculées après 1000 itérations avec le programme ARLEQUIN 1.1. Les paramètres τ et θ ont été calculés en accord avec le modèle de Harpending *et al.* (1993). Les temps d'expansion ont été estimés avec le paramètre τ en utilisant les fréquences de mutation citées dans la littérature (Vigilant *et al.* 1991 ; Ward *et al.* 1991).

Les séquences d'ADNmt relatives à la Corse ont été comparées avec celles des populations suivantes: Pays Basque (Bertranpetit *et al.* 1995), Sardaigne (Di Rienzo and Wilson 1991), Toscane (Francalacci *et al.* 1996), Turquie (Comas *et al.* 1996), Caucase (Stoneking 1993), Moyen Orient (Di Rienzo and Wilson 1991), Afrique (Vigilant *et al.* 1989), et Asie (Stoneking 1993). La comparaison a été effectuée par la méthode des distances basée sur le nombre moyen de substitution (Horai et Hayasaka 1990) et un arbre Neighbor Joining a été construit avec la matrice de distance obtenue (Saitou et Nei 1987).

β Thalassémies

La fréquence de chaque mutation est déterminée par simple comptage après analyse moléculaire.

Les fréquences haplotypiques à partir des 7 sites polymorphes ont été déterminées par la méthode du maximum de vraisemblance (Excoffier et Slatkin 1995). Cette analyse a été effectuée

sur un échantillonnage homogène caractérisé par la mutation majoritaire β^0-39 et comparée à un échantillonnage sain de même origine.

Résultats

Marqueurs autosomiques

Sur les 18 marqueurs étudiés seulement 5 se trouvent être en déséquilibre selon la loi de Hardy-Weinberg: ESD et Tf ($P < 0,05$), PGM1, PI et Gc ($P < 0,01$).

Les fréquences géniques (<http://fst.univ-corse.fr/>, rubrique "La recherche", sous-rubrique "Lab génétique humaine") obtenues à partir de l'ensemble de nos échantillons sont comparées aux fréquences géniques relatives à l'Afrique du Nord, à l'Espagne, à la France, à la Grèce, à l'Italie, au Pays Basque, au Portugal, à la Sardaigne et à la Turquie.

L'analyse R-MATRIX avec les populations citées montre que 54,25% de la variabilité est expliquée par les deux premières composantes (38,99% pour la première et 15,26% pour la seconde)

La Figure 1 visualise la projection des populations par rapport à ces deux premiers axes. Hormis l'Afrique du Nord, toutes les autres populations sont rassemblées par la première composante, par contre la seconde différencie les populations corse et sarde des autres populations.

Les distances génétiques (Tableau 1, valeurs en haut de la diagonale) pour la seule population corse, montrent que la plus faible distance est décelée avec la Sardaigne, et la plus élevée avec le Portugal. De plus, les distances moyennes les plus élevées sont trouvées pour l'Afrique du Nord (0,0347), la Sardaigne (0,0282) et la Corse (0,0252), traduisant une dérive génétique plus importante, comparativement aux autres populations, pour lesquelles la distance moyenne s'échelonne entre 0,0150 et 0,0180.

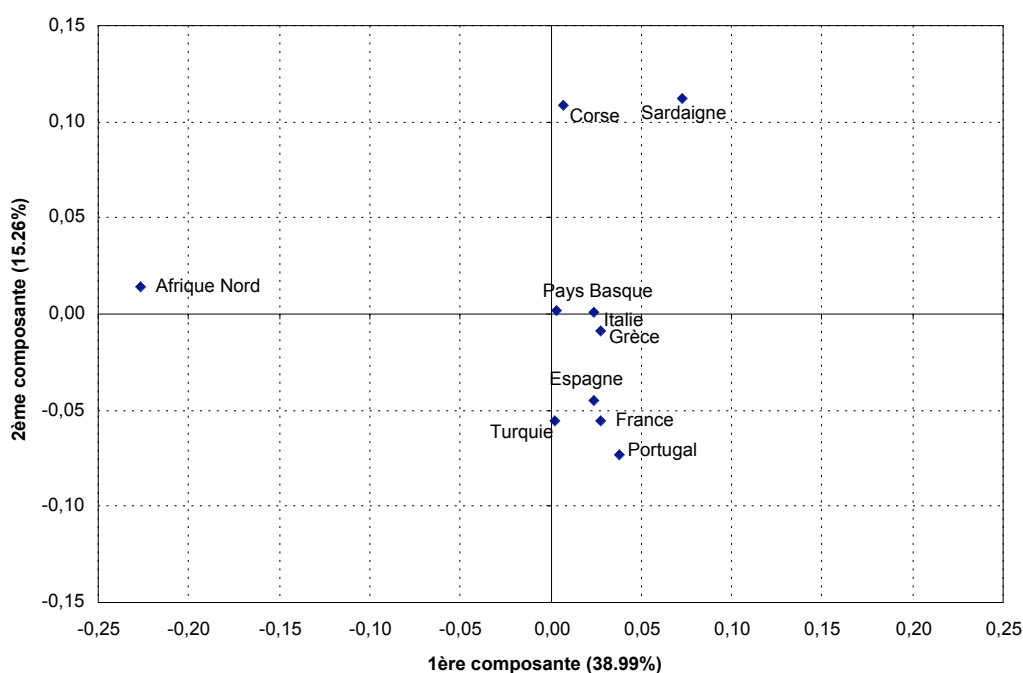


Figure 1. Projection des populations par rapport aux deux premières composantes de l'analyse R-Matrix.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1. Corse	<i>0,0156</i>	0,0116	0,0205	0,0307	0,0242	0,0233	0,0317	0,0327	0,0182	0,0340
2. Sardaigne	0,0104	<i>0,0196</i>	0,0177	0,0350	0,0296	0,0137	0,0492	0,0350	0,0259	0,0362
3. Grèce	-0,0021	0,0015	<i>0,0064</i>	0,0156	0,0091	0,0051	0,0341	0,0088	0,0155	0,0099
4. France	-0,0048	-0,0050	-0,0015	<i>0,0051</i>	0,0030	0,0162	0,0348	0,0166	0,0080	0,0083
5. Espagne	-0,0029	-0,0046	-0,0005	0,0049	<i>0,0064</i>	0,0125	0,0316	0,0112	0,0087	0,0062
6. Italie	-0,0028	0,0035	0,0026	-0,0015	-0,0012	<i>0,0065</i>	0,0344	0,0093	0,0177	0,0170
7; Afrique Nord	-0,0007	-0,0144	-0,0060	-0,0072	-0,0062	-0,0048	<i>0,0519</i>	0,0316	0,0275	0,0378
8. Turquie	-0,0065	-0,0053	0,0016	-0,0017	-0,0009	0,0026	-0,0023	<i>0,0067</i>	0,0195	0,0156
9. Pays Basque	0,0007	-0,0005	-0,0040	0,0030	0,0011	-0,0042	-0,0015	-0,0040	<i>0,0099</i>	0,0132
10. Portugal	-0,0070	-0,0053	0,0020	0,0037	0,0039	-0,0007	-0,0088	-0,0004	-0,0004	<i>0,0110</i>

Tableau 1. Distances de Reynolds (au dessus de la diagonale) ; contribution à l'hétérogénéité de la représentation R-MATRIX pour chaque population (en italique sur la diagonale). Valeurs de rij en dessous de la diagonale.

Ces distances génétiques sont utilisées pour construire un arbre de type Neighbor Joining après cent itérations (Figure 2). Cette représentation confirme en partie la configuration de l'analyse R-MATRIX. Le groupe Corse-Sardaigne éloigné des populations continentales et présentant une communauté génétique d'importance croissante avec principalement l'Italie, le Pays Basque et l'Afrique du Nord. Les valeurs de "bootstrap" aux noeuds de l'arbre traduisent une robustesse suffisante de la représentation.

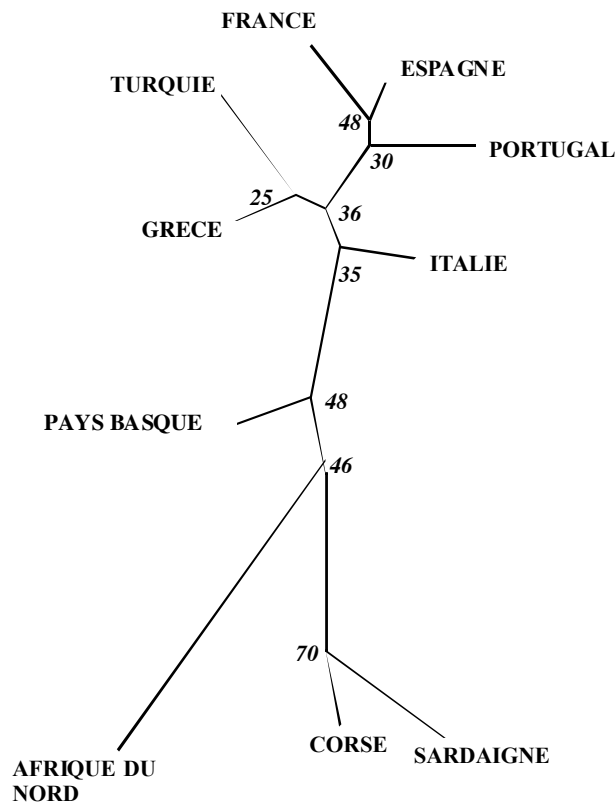


Figure 2. Arbre de type Neighbor Joining pour les populations comparées.

ADNmt

Les 47 individus étudiés présentent 31 séquences différentes avec en totalité 40 sites variables (<http://fst.univ-corse.fr/>, rubrique "La recherche", sous-rubrique "Lab génétique humaine").

Deux sites semblent spécifiques à la population corse et n'ont pas été trouvés dans les populations envisagées pour cette étude: site 16179 (C→T) et 16252 (A→G).

Certaines mutations spécifiques des caucasoïdes montrent un gradient d'est en ouest:

16069: Basques 4,4%, Sardes 5,8%, Corses 6,4%, Toscans 13,5%, Turcs 15,6%, Moyen Orient 19,0%.

16126: Basques 6,7%, Corses 8,5%, Sardes 13,0%, Toscans 23,1%, Turcs 26,7%, Moyen Orient 47,6%.

La mutation 16223 définit elle aussi un gradient significatif depuis l'occident jusqu'à l'Afrique: Basques 4,4%, Corses 6,4%, Sardes 7,2%, Toscans 13,5%, Moyen Orient 23,8%, Turcs 26,7%, Asiatiques 47,8%, Africains 86,4%.

La variabilité des séquences est mesurée par l'indice de Shannon H' (Magurran 1988) et est égal à 0,903 (Tableau 2), valeur intermédiaire comparée aux autres populations caucasoïdes (0,899 pour la Toscane, 0,991 pour le Moyen Orient).

La population corse présente un nombre moyen de substitution de 3,71 avec une variance de 6,13.

	N	K	a	b	H'
Corse	47	31	40	3,18	0,903
Toscane	52	40	54	5,03	0,899
Sardaigne	69	46	52	4,22	0,930
Pays Basque	45	27	32	3,15	0,912
Moyen Orient	42	36	59	7,08	0,991
Asie	23	23	59	8,28	1,000
Caucasoïdes	18	16	29	5,15	0,976
Afrique	22	12	34	8,66	0,946
Turquie	45	38	56	5,38	0,987

Tableau 2. Paramètres de divergence nucléotidique. N= nombre d'individus ; k = nombre de séquences différentes ; a= nombre de sites polymorphes ; b= nombre moyen de substitutions. ; H' = indice de Shannon.

La période d'expansion est déterminée en utilisant les trois taux de mutations cités dans la littérature et avec $\theta_0 = 1.556$, $\theta_1 = 14.869$ et $\tau = 2.15$ (Tableau 3), donnant ainsi une date moyenne de 27643 ans avant le présent, correspondant au paléolithique supérieur.

Les différences de distribution sont utilisées pour définir des distances génétiques (Horai et Hayasaka 1990) entre les populations définies dans Matériel et Méthodes. Ces distances (Tableau 4) sont utilisées pour construire l'arbre de type Neighbor Joining (Saitou et Nei 1987) représenté à la Figure 3.

	τ	$\mu = 4.14 \times 10^{-6}$	$\mu = 2.16 \times 10^{-6}$	$\mu = 1.44 \times 10^{-6}$
Corse	2.152	14443	27743	41584
Sardaigne	4.052	27174	52083	78234
Toscane	4.800	32206	61728	92593
Pays Basque	2.138	14467	28074	42619
Caucasoïdes	5.045	33859	65039	97587
Turquie	5.385	38556	74566	102960
Moyen Orient	7.019	47101	90278	135605
Asie	7.555	50190	97172	145960
Afrique	3.065	20361	39422	59215

Tableau 3. Temps de divergence calculés à partir de t , avec différents taux de mutation μ .

Les populations africaine et asiatique se détachent nettement des populations européennes. Ces dernières plus homogènes, se positionnent selon un gradient Est-Ouest. La population corse se trouvant étroitement liée à la population basque et sarde, suivie ensuite par la Toscane.

	Corse	Sardaigne	Toscane	Pays Basque	Caucasoïdes	Turquie	Moyen Orient	Asie	Afrique
Corse	<i>3.71</i>	3.993	4.419	3.450	4.267	4.603	5.745	6.305	9.271
Sardaigne	0.028	<i>4.22</i>	4.633	3.694	4.695	4.845	5.850	6.500	9.475
Toscane	0.043	0.018	<i>5.03</i>	4.100	5.120	5.245	6.155	6.885	10.044
Pays basque	0.020	0.009	0.010	<i>3.15</i>	4.280	4.334	5.553	6.055	9.610
Caucasoïdes	0.117	0.020	0.030	0.130	<i>5.15</i>	5.306	5.980	6.275	9.740
Turquie	0.058	0.045	0.040	0.069	0.041	<i>5.38</i>	6.321	6.995	9.832
Moyen Orient	0.350	0.200	0.100	0.438	0.160	0.091	<i>7.08</i>	7.900	10.765
Asie	0.310	0.250	0.230	0.340	0.140	0.165	0.220	<i>8.28</i>	10.655
Afrique	5.821	5.770	5.930	6.340	5.570	5.547	5.630	4.920	<i>3.19</i>

Tableau 4. Distances génétiques basées sur le nombre moyen de substitutions. Sur la diagonale (en italique) nombre moyen de substitution intrapopulation. Au dessus de la diagonale: nombre moyen de substitution interpopulation. Au dessous de la diagonale: distance $D_{ij} = d_{ij} - ((d_i + d_j)/2)$.

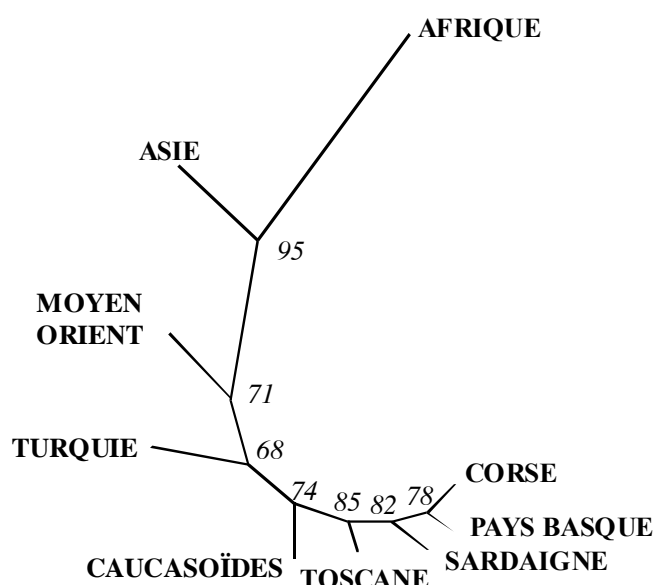


Figure 3. Arbre de type Neighbor Joining construit à partir des distances génétiques D_{ij} .

Etude des β Thalassémies

Sur les 43 individus testés, 38 présentent une mutation en position codon 39 (88,40 %), 1 individu seulement est caractérisé par la mutation IVS I- 110 (2,33%) et 4 individus n'ont pu être typés (9,30 %).

L'homogénéité mutationnelle dans cette micro-région centrale, est légèrement supérieure à celle établie pour l'ensemble de la Corse du Nord (Varesi et al. 2000).

Ceci peut être expliqué par l'origine géographiquement limitée des individus.

Ces deux mutations se retrouvent dans toutes les populations méditerranéennes avec des fréquences variables.

Les populations insulaires présentent en général une homogénéité très importante: la Corse et la Sardaigne pour la mutation β^0 -39, et Chypre pour la mutation IVS I-110. Dans ces régions une ou deux mutations représentent 90 % environ des β Thalassémies, ce qui facilite le dépistage prénatal éventuel.

Les fréquences haplotypiques liées à la mutation β^0 -39, sont établies à partir des 38 thalassémiques β^0 -39 et de 47 individus sains, originaires de la même région (Falchi et al. 2005).

La mutation β^0 -39 se retrouve dans le centre de la Corse avec une prévalence de 88,40 %, en seconde position, par ordre d'importance, après la Sardaigne voisine (95,40 %).

Cette mutation prépondérante, dans la partie méditerranéenne occidentale, semble avoir dans les deux îles subi l'influence d'un effet fondateur.

La répartition des deux principales mutations, β^0-39 et IVS I-110, dans des pays principalement méditerranéens à partir des données issues de la littérature est illustrée par la Figure 4 (Cao *et al.* 1989 (a; b); Giambona *et al.* 1995; Zahed *et al.* 1997; Perrin *et al.* 1998; Cabeda *et al.* 1999).

Ces deux mutations se répartissent différemment d'Est en Ouest, la partie occidentale caractérisée par la mutation β^0-39 et la partie orientale par la mutation IVS I-110.

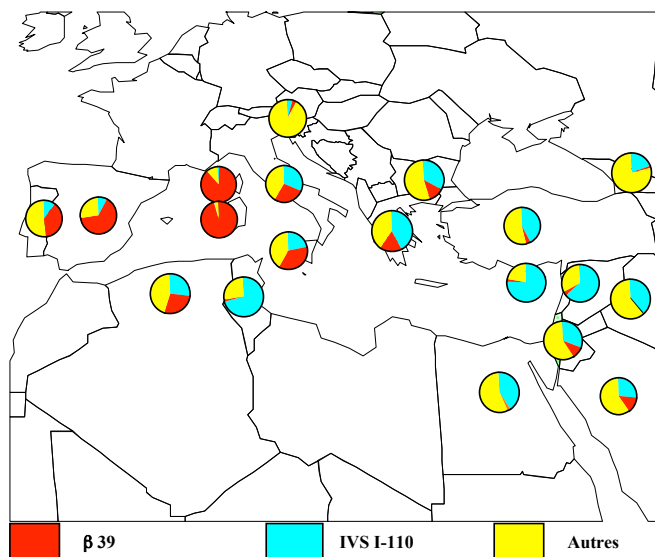


Figure 4. Répartition géographique des deux principales mutations du gène de la β globine dans la zone euroméditerranéenne.

La plupart des régions et pays étudiés ci dessus ont, durant des siècles, voire des millénaires subis la pression sélective de la malaria. Or, les β Thalassémies sont connues pour donner un effet protecteur vis-à-vis du Plasmodium (Cavalli Sforza *et al.* 1994).

La question est de savoir si ces mêmes mutations sont apparues, sous l'effet de la même pression, d'une façon indépendante dans des populations isolées les unes des autres (origine mutationnelle multicentrique). Ou bien ont-elles pour origine, un ou quelques foyers humains, et se sont ensuite répandues grâce à des événements migratoires.

L'étude des haplotypes associés à la mutation majoritaire β^0-39 pourrait apporter quelques éléments de réponse. Les associations haplotypiques ont été définies en utilisant la méthode du maximum de vraisemblance. Les résultats obtenus sont reportés sur le Tableau 5

La mutation β^0-39 se trouve être associée majoritairement avec l'haplotype II (fréquence: 0,187).

Des associations minoritaires sont détectées avec l' haplotypes I (fréquence: 0,023) et l'haplotype VII (fréquence: 0,021).

Des études de corrélation entre β Thalassémies et haplotypes ont permis d'établir que la mutation β^0-39 est, dans de nombreuses populations méditerranéennes préférentiellement associée à l'haplotype II, et à l'haplotype I.

La mutation IVS I-110 a très souvent été décrite comme étant associée presque exclusivement à l'haplotype I (Thein *et al.* 1987).

Les associations minoritaires semblent plutôt être issues de recombinaisons méiotiques (Fullerton *et al.* 1994).

Haplotypes	Fréquences	Hinc-II	Hind-III	Hind-III	Hinc-II	Hinc-II	Ava-II	Hinf-I	β ³⁹
I	0,236 ±0,012	+	-	-	-	-	+	+	-
I	0,023 ±0,001	+	-	-	-	-	+	+	+
II	0,109 ±0,008	-	+	+	-	+	+	+	-
II	0,187 ±0,014	-	+	+	-	+	+	+	+
III	0,123 ±0,010	-	+	-	+	+	+	-	-
V	0,066 ±0,004	+	-	-	-	-	+	-	-
VII	0,048 ±0,005	+	-	-	-	-	-	+	-
VII	0,021 ±0,002	+	-	-	-	-	-	+	+
VIII	0,026 ±0,004	-	+	-	+	-	+	-	-
IX	0,009 ±0,001	-	+	-	+	+	+	+	-
1	0,092 ±0,006	+	-	-	-	+	+	+	-
2	0,028 ±0,004	-	+	-	-	+	+	-	-
3	0,032 ±0,006	+	-	+	+	-	+	+	-

Tableau 5. Fréquences haplotypiques des échantillons étudiés avec la nomenclature de ORKIN et al. (1982).

Discussion et conclusions

L'étude des marqueurs classiques montre un certain nombre de caractéristiques génétiques:

- Une forte similitude relie les populations corse et sarde (Figure 2).
- Une hétérogénéité est décelée au sein de ces mêmes populations (Tableau 1), probablement liée à l'isolement et à leur structure démographique.
- La répartition des autres populations sur l'arbre (Figure2), du fait des valeurs de Bootstrap peu significatives, est à considérer avec précaution. La population d'Afrique du Nord avec une valeur de Bootstrap à la limite de la significativité (46%) occupe une position qui semble en désaccord avec l'analyse R matrix (Figure 1). Si l'on considère la forte distance génétique entre cette population et le groupe corso sarde, il serait logique de ne pas considérer ce rapprochement. Le cas de la population du pays Basque est différent, malgré la valeur de Bootstrap, également proche de la significativité (48%), elle présente une faible distance génétique avec le groupe insulaire (Tableau 1). De plus ce rapprochement est également visualisé avec l'analyse R matrix et surtout avec l'étude de l'ADNmt (Figure 3).
- Une influence modérée est visualisée avec les populations de la péninsule italienne.
- L'influence française demeure pratiquement inexistante, sans doute trop récente. De plus l'enquête généalogique permet, à travers les noms, d'éliminer les migrants ou leurs descendants.

Si les généticiens s'accordent sur l'origine ancestrale de la structure génétique actuelle des populations méditerranéennes, ils restent par contre partagés entre une origine paléolithique et néolithique.

Cavalli-Sforza et al. (1994) en utilisant les fréquences géniques de nombreux marqueurs protéiques, ont démontré que leurs variations étaient corrélées géographiquement aux sites néolithiques. Leur modèle assure que notre structure génétique actuelle provient de la lente expansion des fermiers néolithiques à partir du Moyen Orient. Le nouveau mode économique a permis une croissance démographique qui déplaça (ou absorba) le faible nombre de chasseurs cueilleurs mésolithiques.

Un modèle opposé (Richard et al. 1996) propose, au contraire, une simple diffusion culturelle avec une intrusion minimale des peuples du Moyen Orient.

L'analyse de l'ADNmt de la population corse semble confirmer les observations publiées par un certain nombre d'auteurs, montrant, en Europe, un gradient Est-Ouest à partir d'une population ancestrale unique (Francalacci et al. 1996 ; Comas et al. 1997). Les valeurs de l'indice de Shannon H' et du nombre moyen de substitution vont également dans ce sens (Tableau 2).

La date d'expansion démographique de la population corse, une des plus récentes, se situerait entre 14443 et 41584 ans avant présent (AP), durant le paléolithique, sensiblement durant la même période que l'expansion de la population basque: 14467 à 42619 (Bertranpetit et al. 1995).

L'expansion sarde, plus ancienne, se situerait entre 27174 et 78234 ans AP (Comas *et al.* 1997).

La structure génétique des populations étudiées semble quasiment établie au paléolithique supérieur, ceci est donc en accord avec le second modèle décrit par Richards *et al.* (1996).

Le peuplement se serait donc effectué, depuis le Moyen Orient, à partir de 35000 ans environ avant notre ère, qui correspond à la première phase du retrait des glaciers en Europe. L'occupation des territoires par nos ancêtres a dû certainement n'être que sporadique. En Europe, le véritable essor démographique a dû intervenir à la fin de la dernière glaciation, il y a 15000 ans environ. Les expansions des fermiers du néolithique, à partir de 10000 ans avant notre ère, auraient eu, en Méditerranée, une influence technologique plus que génétique.

En considérant l'unité du bloc corso-sarde et les facteurs climatiques au paléolithique, ainsi que les caractéristiques géographiques, il serait logique de penser que le peuplement le plus ancien concerna la partie la plus propice à une implantation humaine: la Sardaigne actuelle. Ces conditions sont attestées par les traces de glaciers quaternaires en Corse, indiquant la présence de trois épisodes glaciaires durant le paléolithique. Ces traces ne se retrouvent pas en Sardaigne, qui à la même époque, connu des épisodes de forte pluviométrie (Vardabasso-Bonicelli 1968). Ce climat, plus favorable, aurait attiré les groupes humains vers la partie méridionale du bloc corso-sarde, par la suite, le réchauffement progressif, à partir de 15000 ans environ AP, en supprimant les "ponts" avec l'Italie continentale, aurait favorisé une expansion vers le Nord. Cette hypothèse semble être confortée par les données obtenues à partir de marqueurs protéiques (Varesi *et al.* 1996, Vona *et al.* 1995 ; Moral *et al.* 1996 ; Memmi *et al.* 1998), et nucléaires (Calo *et al.* 1998, Vona *et al.* 1996).

Ce scénario semble conforté par le gradient des temps de divergence, obtenus avec l'étude de l'ADNmt, depuis la Sardaigne centrale jusqu'au centre de la Corse.

La similitude génétique entre Corses et Sardes, révélée avec différentes approches, peut s'expliquer par les échanges constants qui ont eu lieu entre les deux populations depuis la Préhistoire jusqu'au Moyen Age. L'influence des mêmes envahisseurs aux mêmes périodes n'a été que très limitée, comme le montre nos résultats. En complétant notre raisonnement, nous pouvons avancer l'hypothèse que les deux populations insulaires ont eu la même origine de peuplement, et que cette similitude génétique actuelle n'est autre que le reflet d'un patrimoine génétique ancestral commun. Ceci semble confirmé par les nombreuses ressemblances archéologiques sur plusieurs millénaires (Tanda 1995; Lilliu 1988; Mazzia 1975). Par la suite, les visées politiques de la République de Gènes d'une part, et des Aragonais d'autre part, initièrent le ralentissement des échanges entre les deux îles. Le facteur démographique accentua l'effet de dérive pour les deux populations insulaires, ce qui se traduit par la différenciation mise en évidence dans notre étude.

Cette similitude est également décelée avec des marqueurs sélectifs tels que les mutations du gène de la β globine.

Dans les régions méditerranéennes l'apparition de la malaria a probablement eu lieu lorsque les conditions géoclimatiques étaient favorables au Plasmodium, c'est-à-dire lors de la montée des eaux (formation de zones lacustres) associée à un réchauffement terrestre. Cette période eut lieu il y a 3 000 ans environ avant notre ère, à la fin du néolithique (Conchon 1987).

Cette période correspond également à un échange de cultures, de techniques et d'idées dans tout le bassin méditerranéen: agriculture, industrie du cuivre, culture mégalithique, etc. (Camps 1988).

Ces contacts humains étaient très fréquents entre peuples de la Méditerranée occidentale, comme le démontrent les découvertes archéologiques.

La mutation β^0-39 dans la population du centre de la Corse montre donc une forte association avec l'haplotype II, les valeurs de fréquences obtenues, soulignent l'importante homogénéité génétique de cette micro-région, tout au moins au niveau du complexe bêta globine. Cette association quasi exclusive se retrouve également en Sardaigne, laissant supposer que les habitants des deux îles ont été en contact avec un seul foyer humain thalassémique β^0-39 et que le maintien de cette mutation a été favorisé par un effet fondateur dû à l'insularité et à la présence endémique de la malaria.

Remerciements. Ces recherches ont été financées par les programmes de l'Union Européenne INTERREG 1, 2 et 3.

Références bibliographiques

- Anderson, S., Bankier, A.T., Barrell, B.G., De Bruijn, M.H.L., Coulson, A.P., Drouin, J., Eperon, I.C., Nierlich, D.P., Roe, B.A., Sanger, F., Schreier, P.H., Smith, A.J.H., Staden, R., Young, I.G., 1981, Sequence and Organisation of the Human Mitochondrial Genome. *Nature*, 290, 457-465.
- Bertranpetit, J., Sala, J., Calafell, F., Underhill, P.A., Moral, P., Comas, D., 1995, Human Mitochondrial DNA Variation and the Origin of Basques. *Ann.Hum.Genet.*, 59, 63-81.
- Cabeda, J.M., Correia, C., Estevinho, A., Simoes, C., Amorim, M.I., Pinho, L., Justica, B., 1999, Unexpected pattern of beta globin mutations in beta thalassemia patients from northern Portugal. *Br. J. Haematology*, 105(1), 68-74.
- Calo, C.M., Autori, L., Di Gaetano, C., Latini, V., Mameli, G.E., Memmi, M., Varesi, L., Vona, G., 1998, The polymorphism of the Apo B 3' VNTR in the Western Mediterranean. *Anthrop Anz*, 56(3), 1-11.
- Camps, G. 1988, *Préhistoire d'une île*. Editions Errance. Paris.
- Cao, A., Pirastu, M., Ristaldi, M.S., Leoni, G.B., Rosatelli, M., 1989a, β thalassemias: Mediterranean aspects. *Molecular probes*, Ed. Raven Press NY, pp257.
- Cao, A., Rosatelli, C., Galanello, R., Monni, G., Olla, G., Cossu, P., Ristaldi, S., 1989b, The prevention of thalassemia in Sardinia. *Clinical Genetics*, 36, 277-285.
- Cavalli-Sforza, L.L., Menozzi, P., Piazza A., 1994, *History and Geography of Human Genes*. Princeton, NJ: Princeton Univ.Press, 518p.
- Comas, D., Calafell, F., Mateu, E., Perez-Lezun, A., Bertranpetit, J., 1996, Geographic Variation in Human Mt DNA Control Region Sequence: the Population History of Turkey and its Relationship to the European Populations. *Mol. Biol. Evol.*, 13, 1067-1077.
- Comas, D., Calafell, F., Mateu, E., Perez-Lezaun, A., Bosch, E., Bertranpetit, J., 1997, Mitochondrial DNA variation and the origin of the Europeans. *Hum. Genet.*, 99(1), 443-449.
- Conchon, O., 1987, Corrélations entre les formations glaciaires, fluviatiles et marines de Corse et les sédiments sous marins de Méditerranée occidentale au Pléistocène supérieur. *Revue Géol. Dyn. Géogr. Phys.*, 27(2), 85-93.
- Di Rienzo, A., Wilson, A.C., 1991, Branching Pattern in the Evolutionary Tree for Human Mitochondrial DNA. *Proc.Natl.Acad.Sci.USA.*, 88, 1597-1601.
- Excoffier, L., Slatkin, M., 1995, Maximum likelihood estimation of molecular haplotype frequencies in a diploid population. *Mol. Biol. Evol.*, 12(5), 921-927.
- Falchi, A., Giovannoni, L., Vacca, L., Latini, V., Vona, G., Varesi, L., 2005, Beta-globin gene cluster haplotypes associated with beta-thalassemia on Corsica island. *Am J Haematol*, 78(1), 27-32.
- Felsenstein, J., 1989, PHYLIP, Physiology influence package (version 3.2). *Clastic* 5, 164-166.
- Francalacci, P., Bertranpetit, J., Calafell, F., Underhill, P.A., 1996, Sequence Diversity of the Control Region of Mitochondrial DNA in Tuscany and its Implications for the Peopling of Europe. *Am.J.Phys Anthropol*, 100, 443-460.
- Fullerton, S.M., Harding R.M., Boyce A.J., Clegg J.B., 1994, Molecular and population genetic analysis of allelic sequence diversity at the human beta-globin locus. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 91(5), 1805-1809.
- Giambona, A., Lo Gioco, P., Marino, M., 1995, The great heterogeneity of thalassemia molecular defects in Sicily. *Hum. Genet.*, 95, 526-530.
- Harpending, H.C., Jenkins, T., 1973, Genetic distance among Southern African populations. *Methods and theories in Anthropological Genetics*, University of New Mexico Press, Albuquerque, 177-199.
- Harpending, H.C., Sherry, S.T., Rogers, A.R., Stoneking, M., 1993, The genetic structure of ancient human populations. *Current Anthropology*, 34, 483-496.
- Hartl, D.L., Clark, A.G., 1989, *Principles of population genetics*. Sunderland, MA: Sinauer Associates.

- Horai, S., Hayasaka, K., 1990, Intraspecific Nucleotide Sequence Differences in the Major Noncoding Region of Human Mitochondrial DNA. *Am. J. Hum. Genet.*, 46, 828-842.
- Lilliu, G., 1988, *La civiltà dei Sardi*. TORINO NUOVA RI 3n ed., 320p.
- Magurran, A.E., 1988, *Ecological diversity and its measure*. Princeton: Princeton University Press.
- Mazzia, C., 1975, Uomo e ambiente in Corsica dalla preistoria ai tempi attuali. *Rendiconti del seminario della Facoltà di Scienze dell'Università di CAGLIARI*, XLV, 253-323.
- Melillo, A.M., 1971, *Profilo dei dialetti italiani: Corsica*. Pisa Ed Pacini.
- Memmi, M., Moral, P., Calo, C.M., Autori, L., Mameli, G.E., Succa, V., Varesi, L., Vona, G., 1998, Genetic structure of southwestern Corsica (France). *American Journal of Human Biology*, 10, 567-577.
- Moral, P., Varesi, L., Memmi, M., Mameli, G.E., Succa, V., Guttierrez, B., Lutken, N., Vona, G., 1996, Study on the variability of seven serum protein genetic markers in Corsica (France). *Anthropologischer Anzeiger*, 54(2), 97-107.
- Old, J.M., Varawalla, N.Y., Weatherall, D.J., 1990, Rapid detection and prenatal diagnosis of β thalassemia: studies in Indian and Cypriot population in the UK. *The Lancet*, 336, 834-837.
- Orkin, S.H., Kazazian H.H., Antonariki S.E., 1982, Linkage of β -thalassemia mutations and β -globin gene polymorphism in human globin gene cluster. *Nature*, 296, 627-631.
- Perrin, P., Bouhassa, R., Mselli, L., Garguier, N., Nigon, V.M., Bennani, C., Labie, D., Trabuchet, G., 1998, Diversity of sequence haplotypes associated with beta thalassemia mutations in Algeria: implication for their origin. *Gene*, 213(1-2), 169-177.
- Reynolds, J.B., Weir, B.S., Cokerham, C.C., 1983, Estimation of coancestry coefficient: basis of a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767-779.
- Richards, M., Corte-Real, H., Forster, P., Maccaulay, V., Wilkinson-Herbots, H., Demaine, A., Papiha S., Hedges, R., Bandelt, H.J., Skyes, B., 1996, Paleolithic and Neolithic Lineages in the European mitochondrial gene pool. *Am. J. Hum. Genet.*, 59, 185-203.
- Ristaldi, M.S., Pirastu, M., Rosatelli C., Monni, G., Erlich, H., Saiki, R., Cao, A., 1989, Prenatal diagnosis of beta-thalassemia in Mediterranean populations by dot blot analysis with DNA amplification and allele specific oligonucleotide probes. *Prenat. Diagn.*, 9(9), 629-638.
- Rohlf, G., 1972, *Studi e Ricerche su Lingua e Dialetti d'Italia*. Firenze Ed Sansoni.
- Saitou, N., Nei, M., 1987, The Neighbor-joining Method: a New Method for Reconstructing Phylogenetic Trees. *Mol. Biol. Evol.*, 4(4), 406-425.
- Schneider S., Kueffer J.M., Roessli D., Excoffier L., 1997, Arlequin 1.1: A software for population genetic data analysis. User manual. Genetics and Biometry Lab, University of Geneva.
- Stoneking, M., 1993, DNA and Recent Human Evolution. *Evol. Anthropol.*, 2, 60-73.
- Tanda, G., 1995, I siti del neolitico antico e l'ambiente in Sardegna. *Anthropologia Contemporanea*, 18(3-4), 5-17.
- Thein, S.L., Wainscoat, J.S., Sampietro, M., Old, J.M., Cappellini, D., Fiorelli, G., Modell, B., Weatherall, D.J., 1987, Association of thalassemia intermedia with a beta-globin gene haplotype. *Br. J. Haematol.*, 65(3), 367-373.
- Vardabasso-Bonicelli, S., 1968, Il quaternario lungo la fascia costiera della Sardegna. *Atti del X Congresso di Studi Sardi Ed. Sarda Fossataro Cagliari*.(I).
- Varesi, L., Memmi, M., Moral, P., Mameli, G.E., Succa, V., Vona, G., 1996, La Distribution de Quatorze Marqueurs Génétiques dans la Population de l'Île de Corse. *Bulletin et Mémoires de la Société d'Anthropologie de PARIS*, 1(2), 5-14.
- Varesi, L., Vona, G., Memmi, M., Marongiu, M.F., Ristaldi, M.S., 2000, Beta thalassemia mutations in Corsica. *Hemoglobin*, 24(3), 239-244.
- Vigilant, L., Pennington, R., Harpending, H., Kocher, T.D., Wilson, A.C., 1989, Mitochondrial DNA sequences in single hairs from a Southern African population. *Evolution*, 86, 9350-9354.
- Vigilant, L., Stoneking, M., Harpending, H., Hawkes, K., Wilson, A.C., 1991, African Populations and the Evolution of Mitochondrial DNA. *Science*, 253, 1503-1507.
- Vona, G., Memmi, M., Varesi, L., Mameli, G.E., Succa, V., 1995, Study of several red cell enzyme markers in Corsica. *Anthropologischer Anzeiger*, 53(2), 125-132.

- Vona, G., Varesi, L., Memmi, M., Mameli, G.E., Calo, C.M., Esteban, E., Moral, P., 1996, Genetic structure of Corsica (FRANCE). 10th Congress of the European Anthropological Association, Brussels (B).
- Ward, R.H., Frazier, B.L., Dew-Jager, K., Pääbo, S., 1991, Extensive mitochondrial diversity within a single Amerindian tribe. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 88, 8720-8724.
- Zahed, L., Talhouk, R., Saleh, M., Abou-Jaoudeh, R., Fisher, C., Old, J., 1997, The spectrum of β thalassemia in the Lebanon. *Hum. Hered.*, 47, 241-249.