



Les traces génétiques de la traite des esclaves

Bertrand Jordan

► To cite this version:

Bertrand Jordan. Les traces génétiques de la traite des esclaves. Médecine/Sciences, 2020, 36 (10), pp.945-948. [10.1051/medsci/2020169](https://doi.org/10.1051/medsci/2020169). [hal-02960800](https://hal.science/hal-02960800)

HAL Id: hal-02960800

<https://hal.science/hal-02960800v1>

Submitted on 7 Oct 2020

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

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



HAL Authorization

Chroniques génomiques

Les traces génétiques de la traite des esclaves

Bertrand Jordan



Quatre siècles de trafic d'êtres humains

L'esclavage est un phénomène très ancien, mais il a pris une ampleur inégalée et un caractère systématique entre le ^{xvi}e et le ^{xix}e siècle. Au cours de cette période, environ 12,5 millions d'Africains ont été capturés et transportés dans des conditions effroyables vers les Amériques ; 10,5 millions d'entre eux ont survécu au voyage et ont été vendus pour être exploités comme force de travail dans les plantations de canne à sucre, de riz ou de coton. La *Figure 1* illustre les principales caractéristiques de ce trafic et indique les régions de départ et d'arrivée tout comme le nombre approximatif de personnes concernées. On note que près de la moitié des esclaves proviennent de l'Afrique centrale de l'Ouest (Angola et Congo aujourd'hui), et que l'Amérique du Nord est une destination très minoritaire (environ 0,5 millions) par rapport aux Caraïbes et à l'Amérique du Sud. Ce honteux commerce, qui fit la fortune de plusieurs ports français (Bordeaux, La Rochelle, Nantes, etc.), britanniques et hollandais, a laissé de nombreuses traces écrites que l'on peut notamment consulter grâce à une base de données, la *Trans-Atlantic Slave Trade Database*¹, qui contient des informations détaillées sur plus de 36 000 voyages effectués entre 1500 et 1900. On peut y lire, par exemple, que la Marie-Gertrude, partie de Saint-Malo le 5 septembre 1719, a embarqué 190 esclaves à Whydah (Ouaidah, Bénin) et a débarqué les 154 survivants à Léogâne (Haïti) le 11 juin 1720. On peut même, dans certains cas, accéder à la liste des esclaves embarqués, connaître leur nom africain, leur âge et leur taille... Depuis quelques années, ces données historiques ont pu être complétées par des analyses d'ADN susceptibles de révéler les origines africaines précises de personnes afro-américaines vivant actuellement en Amérique du Nord, du Centre ou du Sud². Mais ces études restaient partielles, l'Afrique centrale



UMR 7268 ADÉS, Aix-Marseille, Université/EFS/CNRS ; CoReBio PACA, case 901, Parc scientifique de Luminy, 13288 Marseille Cedex 09, France.
bjordan@orange.fr

de l'Ouest y étant peu représentée alors qu'elle a fourni près de la moitié des esclaves (*Figure 1*). Un article paru cet été dans la revue de référence du domaine, *American Journal of Human Genetics* [1], présente pour la première fois une analyse exhaustive fondée sur un large échantillon de personnes et aboutit à des conclusions solides. Notons que cette étude émane de la société 23andMe, dont la banque de données et d'ADN a été fortement mise à contribution. C'est donc un travail de recherche fondamentale qu'a financé cette entreprise, mais il répond aussi au désir exprimé par nombre de ses clients afro-américains qui cherchent à préciser leur ascendance régionale en Afrique et ainsi à retrouver leurs racines [2] brutalement coupées par la traite et l'esclavage.

Un aperçu de l'étude

Les auteurs se sont principalement appuyés sur la banque de données (et d'ADN) de l'entreprise 23andMe, qui inclut plusieurs millions de personnes ayant fourni leur ADN pour obtenir (moyennant une centaine de dollars) un profil génétique donnant une estimation de leur(s) ascendance(s) ainsi que des indications d'ordre médical. La plupart de ces clients ont donné leur accord pour que leur ADN soit utilisé dans des projets de recherche, et ont répondu à des questionnaires détaillés ; cette relation particulière de client/participant a déjà été évoquée dans *médecine/sciences* [3-5] (→).

(→) Voir l'Éditorial de B. Jordan, *m/s* n° 3, mars 2014, page 227 ; la Chronique génomique de B. Jordan, *m/s* n° 4, avril 2015, page 447 ; le Forum de H.C. Stoecklé et al., *m/s* n° 8-9, août-septembre 2018, page 735

¹ <https://slavevoyages.org/>

² J'emploierai ici le terme « afro-américain » au sens large, désignant toute personne vivant en Amérique du Nord, du Centre et du Sud et ayant une part d'ascendance africaine.

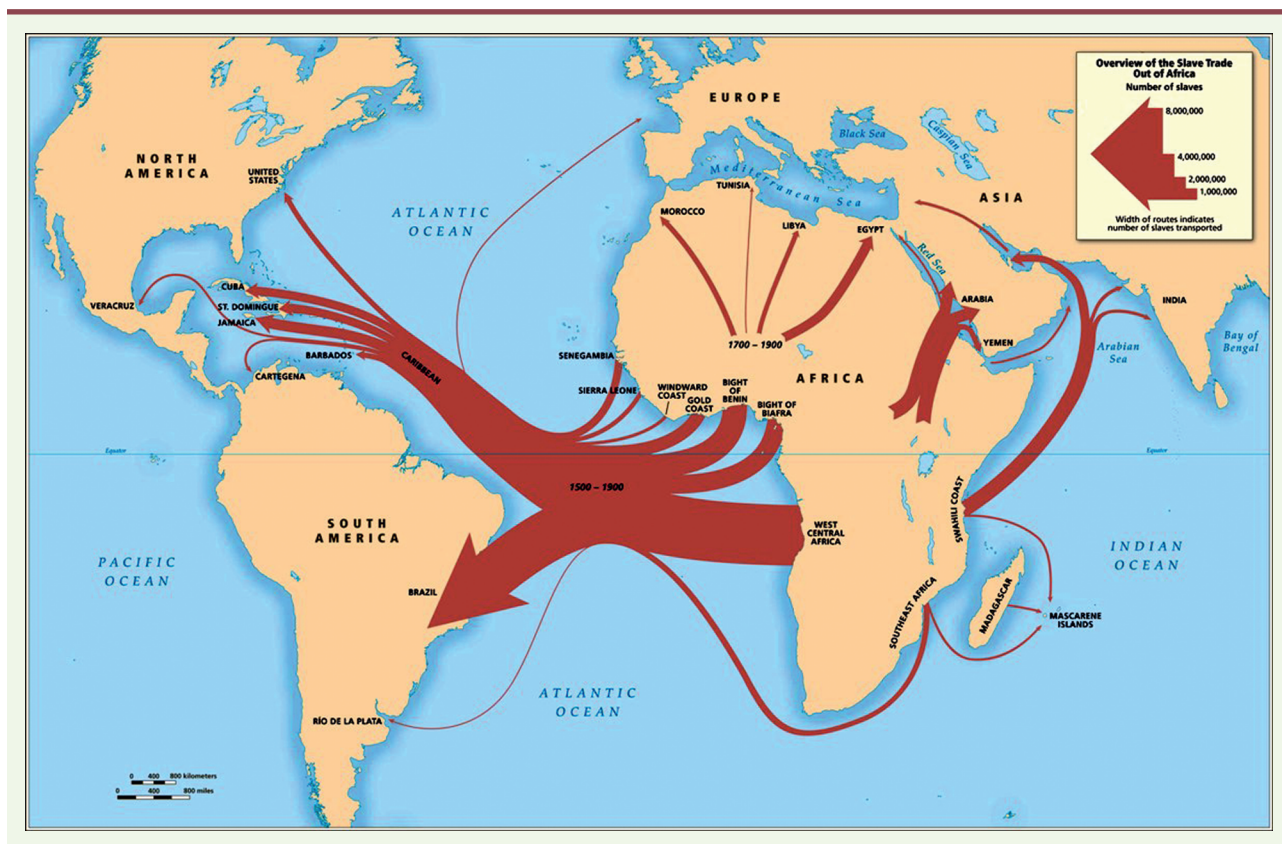


Figure 1. La traite d'esclaves de 1500 à 1900. Les principaux points de départ et d'arrivée sont indiqués, l'épaisseur des flèches indique le nombre de personnes concernées. Le trafic intra-africain, relativement minoritaire au cours de cette époque, a été plus important au cours des siècles précédents (carte présentée par le site *Slave Voyages*, slavevoyages.org).

L'échantillon constitué pour l'étude rapportée ici comporte principalement des clients de *23andMe* dont les quatre grands-parents habitaient le même pays (ou le même État pour les États-Unis), et des participants du *1000 Genomes Project*, ainsi que des prélèvements provenant d'études précédentes dans différentes nations africaines. Cela représente au total plus de 60 000 individus répondant à des critères précis : pour les Afro-Américains, au moins 5 % d'ascendance africaine, pour les Africains au moins 95 % d'ascendance africaine, et pour les Européens (groupe témoin important pour l'interprétation) plus de 95 % d'ascendance européenne. Le tout a été approuvé par les comités d'éthique compétents et a fait l'objet de signatures de consentements éclairés.

Les ADN de toutes ces personnes ont été analysés grâce à des *microarrays* comportant de 560 à 960 000 plots, dont les résultats ont permis d'évaluer les ascendances et d'éliminer les échantillons ne répondant pas aux conditions posées ci-dessus. Ils ont aussi montré qu'il était bien possible de différencier les différentes populations africaines envisagées lorsqu'on calcule les distances génétiques entre individus et que l'on analyse les données selon la technique des composantes principales³ (Figure 2).

Pour la suite, les relations entre populations d'origine et afro-américains actuels ont été surtout explorées par la recherche de petites régions transmises sans altération, dites *identical by descent* (IBD)⁴, identifiées grâce aux polymorphismes (SNP) trouvés mais plus spécifiques car regroupant chacune un grand nombre de ces marqueurs. Sans entrer dans tous les détails de ces analyses, résumons leurs principales conclusions.

Un accord global avec les données historiques

La chronique des embarquements d'esclaves indique à chaque fois leur région d'origine. On peut donc évaluer la contribution historique de chacune d'elles à la population afro-américaine. On peut aussi en retrouver la trace en calculant la fraction d'ADN identique par descendance entre chacune de ces populations et les Afro-Américains actuels : on constate que ces valeurs sont

³ https://fr.wikipedia.org/wiki/Analyse_en_composantes_principales

⁴ Petites régions d'ADN (longues de quelques centimorgans) héritées d'un ancêtre commun et qui n'ont pas été (encore) morcelées par les recombinaisons qui se produisent à chaque génération.

directement corrélées (Figure 3) ; en d'autres termes, par exemple, que la proportion d'ADN de type « Sierra Leone » dans la population globale afro-américaine correspond bien au nombre de personnes déportées depuis cette région au cours de la traite.

Une analyse régionale plus fine fait apparaître quelques déviations : par exemple, une proportion plus faible d'ascendance sénégalaise qu'attendu d'après le nombre d'esclaves débarqués, ce que les auteurs expliquent par une mortalité plus élevée de cette main-d'œuvre qui était surtout employée dans des plantations de riz et exposée notamment à la malaria. De même, on observe une discordance importante entre la faible proportion globale d'ascendance africaine en Amérique du Sud et le fait que ce continent ait été la destination de 70 % des esclaves : cela semble être dû à des conditions de travail encore plus rudes qu'en Amérique du Nord (attestée par des documents historiques), entraînant une mortalité élevée. La dilution de la part d'ascendance africaine due aux politiques de « blanchissement » (voir plus loin) peut aussi rendre sa détection plus aléatoire.

Mélange des composantes africaines

Pour cette analyse (et la suivante), les régions et pays africains d'origine sont regroupés en quatre : Nigeria, Sénégal, Côte de l'Afrique occidentale, et Congo. L'étude montre que presque tous les Afro-Américains des États-Unis portent des séquences provenant de chacune de ces quatre régions. Pour l'Afrique centrale et du Sud, deux ou trois provenances (Sénégal, Nigeria, Congo) sont généralement retrouvées. Les différences Nord/Sud correspondent au flux d'arrivée des esclaves, dont les provenances diffèrent entre le Nord et le Sud (Figure 1) ; la multiplicité d'origines africaines présentes chez chaque personne atteste de la rupture brutale des communautés africaines qui n'ont pu maintenir leur structure et leur endogamie dans les conditions de l'esclavage, aboutissant ainsi à un mélange d'origines africaines. Cela rend un peu illusoire l'espoir qui pousse nombre d'Afro-Américains à recourir aux analyses d'ADN pour retrouver leurs origines et identifier précisément la terre de leurs ancêtres...

Déséquilibre sexuel et politiques de gestion de la minorité noire

Selon les registres, plus de 60 % des esclaves débarqués aux Amériques étaient des hommes. Il est possible, à partir des profils de SNP, d'évaluer la contribution de

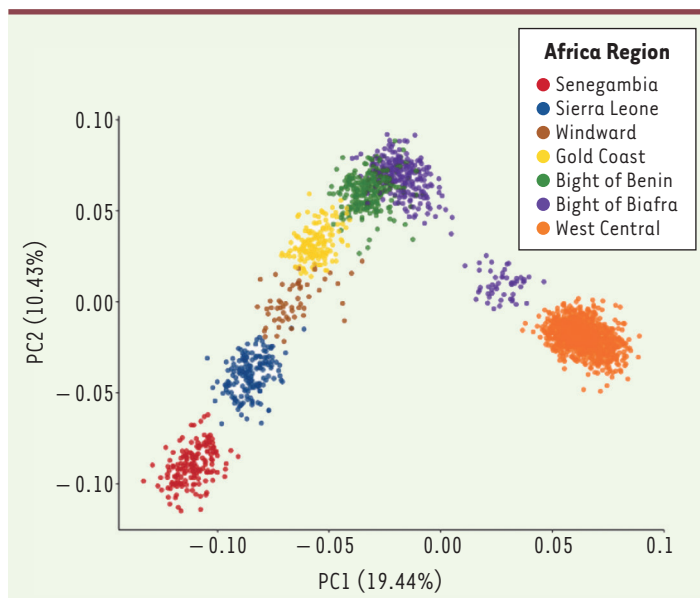


Figure 2. Différenciation génétique de populations africaines, représentées selon les deux premières composantes principales, PC1 et PC2, qui rendent respectivement compte de 19,44 % et de 10,4 % de la variation observée. Chaque point représente une personne, la couleur indique la population concernée. Régions et pays indiqués : Sénégal et Gambie, Sierra Leone, Côte sous le vent, Côte d'Or, Golfe du Bénin, Golfe de Biafra, Angola et Congo (extrait partiel et remanié de la figure S2 de [1]).

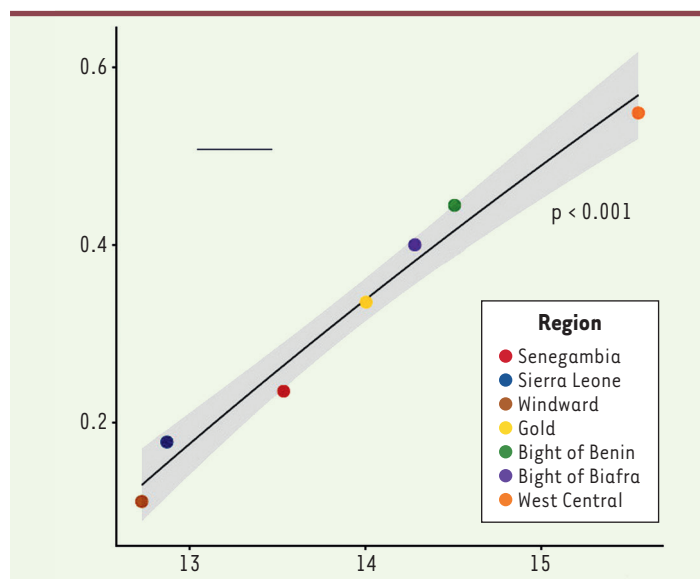


Figure 3. Comparaison entre le nombre d'esclaves embarqués à partir de chaque région africaine (abscisse, en coordonnées logarithmiques) et la valeur moyenne de l'identité par descendance (ordonnée, Identity by Descent (IBD), en centimorgans) provenant de chacune des populations concernées dans la population globale afro-américaine. Désignation des régions comme dans la Figure 2 (reproduction partielle et modifiée de la figure 2 de [1]).

ces derniers au *pool* de gènes actuel de la population afro-américaine, et on constate, qu'en fait, la contribution féminine est majoritaire, parfois de manière très marquée : dans le nord de l'Amérique du Sud, elle représente 17 fois celle des hommes ! Le rapport est encore de 4,6 fois pour le centre de l'Amérique du Sud, et tombe à 1,47 pour les États-Unis. Globalement, cela signifie que les esclaves mâles ont été largement (parfois strictement) exclus de la reproduction, tandis que les femmes y ont eu accès – sans l'avoir nécessairement voulu, et probablement souvent sous la contrainte. Les différences politiques apparaissent également dans ces résultats : aux États-Unis, où les esclaves étaient relativement rares⁵, leurs propriétaires avaient intérêt à ce qu'ils se reproduisent ; par la suite, une ségrégation stricte a favorisé les relations au sein de la communauté africaine, et la croissance démographique de ce groupe, fort aujourd'hui de plus de 40 millions de personnes. En Amérique latine, au contraire, les esclaves étaient bien plus nombreux (*Figure 1*) et leur mortalité a été plus élevée. Les politiques de *branqueamento* (blanchissement), favorisant l'arrivée d'immigrants européens et leur mariage avec des femmes noires, visaient à « blanchir la race » et à faire progressivement disparaître les Noirs en tant que catégorie sociale. Dans ce contexte, un Africain, même affranchi, avait peu de chances de trouver une partenaire et d'avoir une descendance, ce qui explique la très forte dominance (17 fois !) du composant féminin de l'ascendance africaine.

La génétique et les traces de l'histoire

Cette étude de grande ampleur, portant sur plus de 60 000 personnes, nous offre une nouvelle approche de l'histoire de la traite et de l'esclavage. Si elle n'apporte pas de correction majeure aux données historiques déjà disponibles et à leur froid répertoire de millions de tragédies individuelles, elle permet de préciser de nombreux points, notamment le mélange, chez les Afro-Américains d'aujourd'hui, d'origines africaines diverses, reflet de la rupture des communautés et du mélange des ascendances régionales sous la contrainte de l'esclavage. Elle montre aussi comment d'innombrables hommes africains ont été exclus de la reproduction et n'ont pas eu de descendance, surtout en Amérique du Sud. Elle dévoile enfin le résultat de politiques

très différentes : ségrégation au nord, avec la préservation d'une certaine identité Noire mais la perpétuation d'un statut de citoyens de seconde zone, « blanchissement » au sud, qui a sans doute contribué à des relations raciales moins tendues mais a largement effacé l'identité afro-américaine. C'est un travail utile du point de vue scientifique mais aussi sociétal, et on ne peut que souhaiter qu'il soit poursuivi, notamment en le complétant par des études sur des échantillons d'ADN ancien (de l'époque de la traite) qui pourraient sûrement éclairer certains points [6]. ♦

SUMMARY

Genetic traces of the trans-Atlantic slave trade

More than 10 million enslaved Africans were transported to the Americas between 1500 and 1900. Recent genetic studies investigate regional African ancestry components in present-day Africa-Americans, and allow comparison with the extensive records documenting these deportations. The genetic evidence generally agrees with the historical records but brings additional insights in this dark episode of human history. ♦

LIENS D'INTÉRÊT

L'auteur déclare n'avoir aucun lien d'intérêt concernant les données publiées dans cet article.


RÉFÉRENCES

1. Micheletti SJ, Bryc K, Ancona Esselmann SG, et al. Genetic consequences of the transatlantic slave trade in the Americas. *Am J Hum Genet* 2020 ; 107 : 265-77.
2. Alex Haley. *Roots: the saga of an American family*. New York : Doubleday Books, 1976.
3. Jordan B. Grandes manœuvres autour des profils génétiques en libre accès. *Med Sci (Paris)* 2014 ; 30 : 227-8.
4. Jordan B. 23andMe ou comment (très bien) valoriser ses clients *Med Sci (Paris)* 2015 ; 31 : 447-9.
5. Stoeklé HC, Forster N, Charlier P, et al. Le partage des données génétiques : un nouveau capital. *Med Sci (Paris)* 2018 ; 34 : 735-9.
6. Reich D. *Who we are and how we got here: ancient DNA and the new science of the human past*. Oxford : Oxford University Press, 2018.

⁵ Les États-Unis ont reçu directement moins d'un demi-million d'esclaves, plus un certain nombre provenant des Caraïbes, contre plus de sept millions pour l'Amérique latine.

TIRÉS À PART

B. Jordan



Tarifs d'abonnement m/s - 2020

Abonnez-vous

à médecine/sciences

> Grâce à m/s, vivez en direct les progrès des sciences biologiques et médicales

Bulletin d'abonnement

page 950 dans ce numéro de m/s

