



HAL
open science

Les origines africaines et malgaches des Réunionnais : point de vue mitochondrial.

V. Dubut, P. Murail, Marie-Dominique Thionville, François Cartault

► To cite this version:

V. Dubut, P. Murail, Marie-Dominique Thionville, François Cartault. Les origines africaines et malgaches des Réunionnais : point de vue mitochondrial.. Médéa (dir.). Kaf, étude pluridisciplinaire, Zarlou, Sainte-Clothilde, Ile de la Réunion, pp.79-97, 2009, 978-99903-82-20-4. <halshs-00434068>

HAL Id: halshs-00434068

<https://shs.hal.science/halshs-00434068v1>

Submitted on 19 Dec 2018

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

Textes réunis par
Laurent MÉDÉA

Maquette, mise en page :
Marie-Pierre Rivière

Couverture :
Estelle Choucair

Photo de 4^e de couverture :
Fabrice Picot

Kaf

Etude pluridisciplinaire

La loi du 11 mars 1957 interdit les copies ou reproductions destinées à une utilisation collective. Toute reproduction, intégrale ou partielle faite par quelque procédé que ce soit, sans le consentement de l'auteur ou de ses ayants cause, est illicite.

© Zarlор Editions, 2009

11 ter rue des Ecoliers, n°8 Rés. Pulchérima
97490 Sainte-Clotilde
Tél. : 02 62 28 18 89
www.zarlор.com - contact@zarlор.com

ISBN : 978-99903-82-20-4

ZARLOR EDITIONS

Les origines africaines et malgaches des Réunionnais : un point de vue mitochondrial

*Vincent DUBUT, Pascal MURAIL¹
Marie-Dominique THIONVILLE, François CARTAULT²*

Résumé : Le peuplement et la mise en place de la population de l'île de La Réunion, à l'instar des Antilles ou de la Guyane françaises, sont intimement liés aux apports issus de la Traite des esclaves. Alors que les populations concernées par la Traite atlantique furent en grande majorité originaires de l'Afrique de l'Ouest, les données historiques concernant La Réunion montrent clairement que ce fut la côte Est Africaine et Madagascar qui furent les régions les plus sollicitées. Cependant, certaines zones d'ombre persistent concernant l'origine géographique des esclaves africains importés à La Réunion, mais aussi les contributions respectives de Madagascar et de l'Afrique subsaharienne au pool afro-malgache réunionnais. A travers l'analyse des polymorphismes de l'ADN mitochondrial d'un échantillon de la population réunionnaise, nous apportons ici des éléments de réponse à ces deux questions. Nos analyses ont aussi permis d'explorer la dynamique temporelle du pool génétique des descendants réunionnais des esclaves et engagés africains et malgaches.

¹ Université Bordeaux 1, CNRS, PACEA-UMR 5199, Laboratoire d'Anthropologie des Populations du Passé, Avenue des Facultés, 33405 Talence Cedex, France.

² U781 INSERM, Équipe Insularité et Analyse Moléculaire des Maladies Génétiques à l'Île de La Réunion, CHR Félix Guyon, 97405 Saint-Denis de La Réunion Cedex, France.

Correspondance : Vincent Dubut, vincent.dubut@univ-provence.fr

Introduction

De tous temps, les peuples se sont intéressés à leur histoire et leurs origines. Ce passé peut être exploré par des historiens, des archéologues, des paléanthropologues, de même que des éléments peuvent être tirés des populations humaines actuelles elles-mêmes, telles des données linguistiques ou, de plus en plus aujourd'hui, des données de type moléculaire, particulièrement celles issues de l'étude de l'ADN. En effet, depuis près d'un siècle, initiées par la publication de Hirschfeld et Hirschfeld (1919), les recherches concernant la variabilité moléculaire de l'espèce humaine participent à l'apport d'éléments supplémentaires pour l'étude de l'origine de l'espèce humaine, des migrations et des phénomènes démographiques qui l'ont conduite à coloniser la quasi totalité des terres émergées du globe, ainsi que des admixtures³ entre les populations qui la composent.

L'intérêt de l'approche moléculaire de la diversité humaine réside dans le fait que l'ADN est transmis de génération en génération, accumulant au passage des polymorphismes. Les polymorphismes sont les différences que l'on peut observer entre deux brins d'ADN homologues appartenant à des individus différents. De façon aléatoire mais régulière, des polymorphismes sont introduits sur l'ADN. Ces polymorphismes pourront être transmis à la génération suivante, comme les coquilles qui peuvent être introduites au moment de l'enregistrement du patronyme d'un enfant à l'état-civil (ex : Huet → Hiet). Le patronyme sera ensuite transmis avec la coquille aux descendants, comme l'ADN avec les polymorphismes. Ainsi, si l'on considère l'ensemble du patrimoine génétique (ou génome), l'ADN de chacun d'entre nous est unique. Ce sont les polymorphismes accumulés au cours du temps qui sont la mémoire d'une part des relations entre populations, et d'autre part de l'histoire de ces populations.

Ce n'est que depuis l'avènement de techniques permettant l'analyse directe et en routine de la variation au niveau de la molécule d'ADN, entre la fin des années 1970 et la fin des années 1980 (Sanger et al., 1977 ; Mullis et Faloona, 1987), que ce type d'approche a pu se

développer pleinement. Ces techniques nouvelles ont permis d'augmenter et optimiser l'information recueillie, et ont conduit à la recrudescence de l'intérêt pour les relations entre la diversité génétique des populations humaines et leur histoire. Chaque année, de plus en plus de données relatives à l'ADN mitochondrial sont désormais disponibles. Leur quantité, mais aussi leur qualité, ont permis d'appréhender avec plus de précision les modalités de peuplement pour les périodes préhistoriques (pour l'Europe, ex : Richards et al., 2000). De même, ces données autorisent l'étude de périodes plus récentes (ex : pour le Brésil, Alves-Silva et al., 2000 ; pour l'Islande, Helgason et al., 2000 ; pour São Tomé e Príncipe, Trovada et al., 2003).

La Traite des esclaves et l'Engagisme s'inscrivent dans les grands mouvements de populations humaines qui ont remanié le paysage génétique de notre espèce, déplaçant un grand nombre de personnes et mettant en contact des populations préalablement isolées biologiquement les unes des autres. Si les mouvements de cette période font l'objet d'un intérêt important en ce qui concerne la Traite Atlantique, tant au niveau des historiens (ex : Thomas, 1998) que des biologistes (ex : Salas et al., 2004), les chercheurs et les études consacrées à la Traite dans l'océan Indien restent encore peu nombreux (voir Alpers, 2003). Pour La Réunion cependant, cette période commence à être bien connue des historiens (voir par ex : Filliot, 1974 ; Fuma, 1992). Néanmoins, certaines zones d'ombre persistent concernant l'origine géographique des esclaves africains importés à La Réunion, mais aussi les contributions respectives de Madagascar et de l'Afrique subsaharienne au pool afro-malgache réunionnais. A travers l'analyse des polymorphismes de l'ADN mitochondrial (ADNmt), nous proposons ici de poser une première pierre dans l'étude de l'impact de la Traite et de l'Engagisme africains et malgaches sur le pool génétique de la population réunionnaise et des Kaf en particulier.

L'intérêt principal de l'ADNmt pour l'étude des migrations et des admixtures humaines est de n'être transmis que par la mère. L'ADNmt permet donc d'avoir accès aux paramètres strictement maternels de l'histoire des populations humaines. L'ensemble des polymorphismes observés au niveau de l'ADNmt d'un individu constitue un haplotype (HT). Cet HT sera transmis tel quel à la génération suivante (néo-polymorphismes exceptés). Plusieurs HTs peuvent présenter des polymorphismes communs, sans toutefois être identiques. Ce sont ces polymorphismes communs qui permettront de regrouper ces haplotypes en un ensemble appelé haplogroupe (HG). Un HG regroupe donc des haplotypes apparentés, c'est-à-dire partageant un ancêtre

³ Le terme admixture désigne la dimension strictement biologique du métissage. Les gènes, mais aussi les régions non-codantes de l'ADN (qui ne codent pas un caractère ou une fonction) de l'ensemble des individus appartenant à une même population, forment le pool génétique de cette population. L'admixture est le brassage de deux ou plusieurs pools génétiques appartenant à des populations auparavant non concernées par des flux génétiques directs, c'est-à-dire par des échanges de conjoints.

mitochondrial commun et plus récent que l'ancêtre commun à deux HGs différents. Les HGs se différencient et se répandent au fil de l'évolution des populations humaines et de leurs migrations. La différenciation des HGs se fait grâce à l'occurrence aléatoire de modifications (polymorphismes) sur l'ADNmt. Cette partie de notre génome a donc enregistré avec précision les phénomènes migratoires, démographiques et de différenciation qui, depuis l'apparition d'*Homo sapiens* en Afrique il y a environ 150 000 ans (Ingman *et al.*, 2000 ; White *et al.*, 2003), ont amené cette espèce à coloniser progressivement le reste de la planète. En conséquence, et c'est une propriété remarquable de l'ADNmt pour l'étude des admixtures, la fréquence et la nature des HGs⁴ mitochondriaux varient d'une région du monde à l'autre. Si cette variation est souvent peu évidente entre deux populations adjacentes, elle est très importante entre des populations issues de continents différents (pour une synthèse, voir Jobling *et al.*, 2004).

Echantillonnage et analyse de l'ADN mitochondrial

Afin de mener nos recherches, un échantillon de la population réunionnaise a été constitué entre juillet 2003 et février 2006. Cette étude a reçu, après examen de notre projet, un avis favorable de la Commission Nationale de l'Informatique et des Libertés. L'échantillon constitué comprend plus de 650 volontaires. Chaque volontaire a signé un consentement, puis a répondu à un questionnaire permettant de recueillir des informations généalogiques et ethniques sur ses ascendants et lui-même. Pour accéder au matériel génétique de chaque individu, un frottis buccal a été effectué. Concernant les lignées utérines (strictement maternelles), le non-apparement des volontaires sur trois générations a été vérifié par des recherches généalogiques afin d'optimiser la représentativité de cet échantillon.

Nous souhaitons avoir une image des admixtures avant la seconde moitié du XX^e siècle. En effet, par la suite, ces brassages se sont révélés plus importants suite à un décloisonnement social des groupes ethniques en présence (Labache, 1999 ; Médéa, 2004). Or, la plupart des Réunionnais d'aujourd'hui présentent au sein de leur généalogie

des ancêtres issus de plusieurs des six groupes ethniques principaux de l'île (*Kaf*, *Malbar*, *Créoles Blancs*, *Créoles Métis*, *Shinwa*, *Zarab*). Pour pallier ces admixtures récentes, qui pourraient obscurcir l'histoire biologique des groupes réunionnais, et grâce aux informations recueillies lors de l'enquête auprès des volontaires, l'ascendance de chaque participant a été reconstituée jusqu'à une époque (avant la seconde moitié du XX^e siècle) à laquelle les catégories retenues peuvent être considérées comme beaucoup moins perméables qu'elles ne le sont aujourd'hui. Une première série d'échantillons a donc été constituée où seule l'appartenance ethnique de l'ancêtre utérine la plus anciennement connue du volontaire (en général, la grand-mère ou l'arrière-grand-mère maternelle) a été retenue pour attribuer à chaque chromosome mitochondrial un groupe ethnique réunionnais. Une seconde série d'échantillons a été ensuite constituée pour laquelle l'identité ethnique déclarée du volontaire lui-même a été retenue (dans les cas où le volontaire s'est identifié à un des groupes réunionnais). Dans le cadre de cet article, une partie seulement de l'échantillon réunionnais total sera considérée : n'ont été retenus que les individus ayant déclaré avoir au plus loin de leur lignée utérine connue un ancêtre *Kaf*, ainsi que l'ensemble des individus qui, après analyse de leur ADN mitochondrial, se sont avérés porteurs d'un ADNmt d'origine africaine ou malgache.

Pour l'ensemble des volontaires, les polymorphismes présents sur la région HVS1 ainsi que d'autres polymorphismes sur les régions codantes de l'ADNmt ont été analysés. Ces polymorphismes ont permis d'identifier l'HG de chacun des HTs mitochondriaux présents dans l'échantillon réunionnais.

Parallèlement nous avons collecté les données mitochondriales relatives à 114 individus originaires de **Madagascar (MD)** : Hurles *et al.*, 2005 ; Erika Hagelberg, com. pers.), à 437 individus originaires de **France (FR)** : Rousselet & Mangin, 1998 ; Richards *et al.*, 2000 ; Cali *et al.*, 2001 ; Dubut *et al.*, 2004), à 1165 individus originaires d'**Inde du Sud (SI)** : Andhra Pradesh et Tamil Nadu : Bamshad *et al.*, 1998 ; Kivisild *et al.*, 1999, 2003 ; Thangaraj *et al.*, 1999 ; Roychoudhury *et al.*, 2000 ; Basu *et al.*, 2003 ; Cordaux *et al.*, 2003 ; Wooding *et al.*, 2004 ; Sharma *et al.*, 2005) et 4076 individus originaires d'Afrique sub-saharienne. Pour l'Afrique, suivant la méthodologie utilisée par Salas *et al.* (2004, 2005) pour l'étude de l'impact de la traite sur le pool mitochondrial des Amériques, les données recueillies ont été regroupées en six zones géographiques distinctes : l'**Afrique de l'Ouest (WA)**, n=1466), comprenant des individus originaires du

⁴ Les HGs mitochondriaux humains majeurs sont identifiés avec une lettre majuscule, les HGs qui sont dérivés de ces HGs majeurs sont suivis d'un chiffre ou d'une série alphanumérique permettant d'identifier leurs relations phylogénétiques (de parenté). Par exemple, de l'HG M sont issus plusieurs HGs, dont l'HG M1, dont est issu l'HG M1a, etc.

Bénin (Watson *et al.*, 1997), du Burkina Faso (Watson *et al.*, 1997 ; Černý *et al.*, 2006), de Guinée-Bissau (Rosa *et al.*, 2004) ; du Mali (Watson *et al.*, 1997 ; Ely *et al.*, 2006 ; González *et al.*, 2006), de Mauritanie (González *et al.*, 2006), du Niger (Watson *et al.*, 1997), du Nigeria (Vigilant *et al.*, 1991 ; Watson *et al.*, 1997), du Tchad (Černý *et al.*, 2006), du Sénégal (Graven *et al.*, 1995 ; Rando *et al.*, 1998) et de Sierra Leone (Jackson *et al.*, 2005) ; le **Centre Ouest de l'Afrique** (WCA, n=1033) comprenant des individus originaires du Cameroun (Černý *et al.*, 2004, 2006 ; Destro-Bisol *et al.*, 2004a,b ; Coia *et al.*, 2005 ; Silva *et al.*, 2006 ; Batini *et al.*, 2007), de Centrafrique (Vigilant *et al.*, 1991 ; Ingman *et al.*, 2000 ; Destro-Bisol *et al.*, 2004a ; Batini *et al.*, 2007), de la République Démocratique du Congo (Vigilant *et al.*, 1991 ; Silva *et al.*, 2006 ; Batini *et al.*, 2007), et de Guinée Equatoriale (Mateu *et al.*, 1997 ; Pinto *et al.*, 1996) ; le **Sud-ouest de l'Afrique** (SWA, n=154) représenté par des individus originaires d'Angola (Plaza *et al.*, 2004 ; Beleza *et al.*, 2005) ; le **Sud de l'Afrique** (SA, n=127) comprenant des individus originaires du Botswana, de Namibie (Vigilant *et al.*, 1991), et d'Afrique du Sud (Chen *et al.*, 2000) ; le **Sud-est de l'Afrique** (SEA) représenté par des individus originaires du Mozambique (Pereira *et al.*, 2001 ; Salas *et al.*, 2002) ; et enfin l'**Est de l'Afrique** (EA, n=880) comprenant des individus originaires d'Ethiopie (Watson *et al.*, 1997 ; Kivisild *et al.*, 2004 ; Scott *et al.*, 2005), du Kenya (Watson *et al.*, 1997 ; Brandstätter *et al.*, 2004), de Somalie (Watson *et al.*, 1997), de Sud du Soudan (Kriings *et al.*, 1999) et de Tanzanie (Vigilant *et al.*, 1991, Knight *et al.*, 2003).

Estimation des coefficients d'admixture

Afin d'avoir une estimation précise des contributions de chacune des zones étudiées, des coefficients d'admixture ont été estimés, prenant en compte la résolution maximale des HGs sub-sahariens et malgache, soit 133 HGs et sous-HGs. Les coefficients d'admixture sont une estimation statistique des contributions de chaque population parentale au pool génétique de la population fille issue d'une admixture. Nous avons ici utilisé la méthode de calcul développée par Salas *et al.* (2004). Cette méthode se base sur les fréquences des HGs présents dans les populations parentales et la population fille pour estimer les paramètres d'admixture. Elle considère que les fréquences des HGs dans la population admixée sont une combinaison linéaire des fréquences des HGs au sein des populations parentales, fonction des contributions respectives de chacune des populations parentales.

Cette méthode a fait ses preuves dans l'estimation des contributions des grandes régions africaines au pool mitochondrial des Amériques (Salas *et al.*, 2004), et spécialement des Etats-Unis (Salas *et al.*, 2005).

Dans un premier temps, seules les contributions des populations africaines et malgaches ont été recherchées. Pour cela, nous avons isolé au sein de notre échantillon réunionnais les HTs appartenant à des HGs originaires d'Afrique sub-saharienne et de Madagascar, c'est-à-dire l'ensemble des HGs L (L0, L1, L2, etc.) ainsi que les HGs M1, U6, M7c1c, F3b, F4b, M23, M46, E1a, et B4a1a1. Premièrement, l'échantillon **RUN-Af** (n=204) a été constitué, regroupant tous les HTs africains et malgache de l'échantillon total, et ce, quelle que soit l'origine ethnique de l'ancêtre utérine la plus anciennement connue. Cet échantillon représente ainsi le palimpseste des apports successifs de l'Afrique et de Madagascar à La Réunion, depuis le début de la colonisation jusqu'à la fin de l'Engagisme. Un deuxième échantillon (**KF-Af**, n=80) a été constitué en regroupant tous les HTs africains et malgache associés à une ancêtre utérine déclarée *Kafrine* par le volontaire. RUN-Af permettra donc de restituer le bilan des événements migratoires en provenance d'Afrique et de Madagascar, car il prend en compte les HTs afro-malgaches qui au cours du temps sont passés des esclaves aux autres groupes de l'île. KF-Af, quand à lui, est constitué des ADNmt retrouvés au sein des lignées *Kaf* avérées depuis les environs de la moitié du XX^e siècle. Il retrace donc l'histoire de ce groupe avant cette période, restituant l'histoire des HTs étant restés au sein des descendants d'esclaves identifiés et s'identifiant en tant que tels, les *Kaf*. KF-Af sera donc plus sensible aux événements de migration récents (du XIX^e siècle et du début du XX^e siècle), qu'aux traces des événements plus anciens (essentiellement du XVIII^e siècle). Au cours du temps, ces traces anciennes ont en effet subi une certaine « érosion », due aux sorties d'HTs vers d'autres groupes (ex : par le mariage d'une esclave ou d'une affranchie avec un libre), mais ces traces ont aussi subi une minoration en fréquence due à l'entrée de nouveaux HTs en provenance d'Afrique et de Madagascar dans le groupe *Kaf*.

Cette méthodologie nous a permis d'évaluer les contributions respectives de chacune des régions d'Afrique sub-saharienne et de Madagascar au pool mitochondrial réunionnais. Les résultats de cette première analyse sont regroupés dans le Tableau 1.

	RUN-Af	KF-Af
EA	1,5±1,0%	2,4±2,3%
SEA	33,6±4,6%	40,2±7,2%
SA	1,1±0,9%	3,3±2,3%
SWA	7,5±3,5%	12,9±6,2%
WCA	4,3±2,8%	3,7±3,5%
WA	2,9±2,0%	2,8±2,6%
MD	49,1±3,7%	34,7±5,4%

Tableau 1 : Coefficient d'admixture des régions africaine et de Madagascar au sein des échantillons RUN-Af et KF-Af (pour les abréviations des régions géographiques, voir le texte).

Concernant RUN-Af et KF-Af, les coefficients d'admixture obtenus pour les régions WA, EA, SA et WCA, et compte tenu de leur intervalle de confiance, indiquent que la contribution de ces régions a été négligeable à La Réunion⁵. En revanche, deux régions apparaissent comme ayant contribué de façon importante au peuplement de La Réunion : le Sud-est de l'Afrique et Madagascar. A elles deux, selon que l'on se réfère à RUN-Af ou à KF-Af, elles représentent entre 83% et 80% de la contribution afro-malgache totale. Ceci est en accord avec la plupart des études historiques (ex : Filliot, 1974). Cependant, alors que la contribution du Sud-est de l'Afrique (m_{SEA}) est de 33,6% pour RUN-Af, elle est plus forte pour KF-Af (40,2%), et inversement, la contribution de Madagascar est de 49,1% pour RUN-Af, alors qu'elle n'est plus que de 34,7% pour KF-Af. Le fort coefficient d'admixture correspondant à Madagascar ($m_{MD} \approx 50\%$) pour RUN-Af suggère que, si l'ensemble de la période esclavagiste et engagiste est considéré, Madagascar fut la source majoritaire de recrutement. Néanmoins, entre RUN-Af et KF-Af, on note une diminution de m_{MD} ainsi qu'une augmentation de m_{SEA} . Ces changements suggèrent une « africanisation » du pool mitochondrial *Kaf* au cours du XIX^e siècle. Ces résultats peuvent être mis en relation avec plusieurs éléments historiques. Tout d'abord, depuis le début de la colonisation de l'île Bourbon et jusque vers 1770, la grande majorité des esclaves sont

⁵ Concernant l'Afrique de l'Est, les données de départ incluent des HTs originaires d'Ethiopie, de Somalie et du Sud du Soudan. Cependant, les données historiques ne mentionnent pas ces régions en tant que zones significativement sollicitées pour la Traite. Les analyses ont donc été renouvelées en ne conservant que les HTs kenyans et tanzaniens pour constituer EA. Néanmoins, les coefficients ainsi obtenus pour EA restent du même ordre que ceux rapportés dans le Tableau 1.

importés depuis la côté Est de Madagascar (Filliot, 1974). Cependant, par la suite, un changement s'opère progressivement dans la primauté des zones de recrutement au profit de la côté Sud-est orientale de l'Afrique. Il en résulte qu'en 1808, alors que seuls un peu plus de 40% des esclaves sont Créoles (nés dans l'île), les « Mozambiques » représentent 32,5% de l'effectif total, et les Malgaches 21,5 % (d'après les chiffres de Gerbeau, 1976). Ce changement s'opère d'abord de façon détournée, car entre 1769 et 1820, plus d'un tiers des esclaves embarqués sur la côté Est malgache avaient été débarqués préalablement sur la côté Ouest, en provenance du Sud-est africain (Larson, 1997). Ces transferts par le Canal du Mozambique sont opérés d'abord par les Arabes, puis par les Européens eux-mêmes, désireux d'éviter les contrôles de la marine britannique à partir du début du XIX^e siècle (Filliot, 1974 ; Carter et Gerbeau, 1988). Ensuite, à partir des années 1820, les autorités Merina entravent l'exportation d'esclaves hors de Madagascar. Elles entendent en effet consolider et étendre leur expansion et leur hégémonie sur les autres régions de la Grande Ile, ce qui nécessite un nombre important d'esclaves (Campbell, 1981, 1988). Les Européens se tournent alors de plus en plus vers l'Afrique. Sous le couvert de relations cordiales entre les autorités portugaises du Mozambique et celles de La Réunion, la traite des esclaves Mozambiques prospéra jusqu'à l'abolition de l'esclavage, surtout depuis les côtes du Cap Delgado (Capela et Medeiros, 1989). Par la suite, après 1848, un accord franco-portugais est conclu, permettant un recrutement massif d'engagés au sein des possessions portugaises du Mozambique (Capela et Medeiros, 1989 ; Fuma, 2000). Malgré l'interdiction en 1859 par les autorités impériales françaises de recruter des engagés africains et malgaches, en 1881, on compte autour de 22 000 de ces engagés sur le sol réunionnais, dont 60% d'Africains et 40% de Malgaches (d'après les statistiques de l'immigration ; Marimoutou-Oberlé, 1999). De plus, seront encore introduits 3 000 travailleurs africains en provenance du Mozambique entre 1888 et 1900 (Gerbeau, 1976). Ces éléments montrent clairement qu'à partir de la fin du XVIII^e siècle, l'Afrique sera majoritaire dans l'exportation de main-d'œuvre vers La Réunion. Néanmoins m_{MD} reste important pour KF-Af, ce qui engendre deux hypothèses, qui ne s'excluent pas l'une l'autre. Premièrement, le recrutement malgache, très majoritaire jusque dans la fin du XVIII^e siècle, a eu un impact si important que, par la suite, les exportations grandissantes en provenance d'Afrique n'ont pu que difficilement le minorer. Deuxièmement, les importations d'esclaves malgaches après

1770 et jusqu'à la fin de la période engagiste, bien que moins importantes que les exportations en provenance d'Afrique du Sud-est, se sont poursuivies à un niveau assez élevé pour maintenir Madagascar en seconde position dans l'impact sur le pool mitochondrial *Kaf*.

De plus, RUN-Af et KF-Af se différencient aussi par la contribution du Sud-ouest africain (m_{SWA}), c'est-à-dire l'Angola. Si la contribution de cette région au pool réunionnais total d'origine afro-malgache (RUN-Af) n'est que de 7,5%, elle passe à 12,9% si seul le pool mitochondrial d'origine afro-malgache des Kaf (KF-Af) est considéré. Nous n'avons pu trouver de référence historique mentionnant des exportations en provenance de cette région d'Afrique. Cependant, l'augmentation entre RUN-Af et KF-Af de m_{SWA} a le même profil que celle de m_{SEA} , ce qui suggère que l'Angola n'a joué un rôle relativement important qu'à partir de la fin du XVIII^e siècle. Les « relations cordiales » entre les Français et les autorités des possessions portugaises d'Afrique ne se seraient-elles pas restreintes au Mozambique ? Auraient-elles concerné aussi l'Angola ?

Nous avons ensuite exploré l'impact sur le pool *Kaf* des grandes régions du monde qui ont eu un impact sur la mise en place de la population réunionnaise. Deux échantillons ont été constitués. Le premier (KF1, n=88) regroupe les HTs mitochondriaux des individus pour lesquels la lignée utérine est *Kaf* au niveau de l'ancêtre la plus anciennement connue. Le second échantillon (KF2, n=73) regroupe les HTs mitochondriaux des volontaires s'étant identifiés en tant que *Kaf*. KF2 ne tient pas compte des informations généalogico-ethniques obtenues grâce au questionnaire de notre enquête. Les résultats issus de KF2 seront donc sensibles aux admixtures qui se sont produites jusque dans la seconde moitié du XX^e siècle, alors que ceux issus de KF1 ne seront pas influencés que par celles précédant cette période. Les coefficients d'admixture issus de l'analyse de KF1 et KF2 sont rapportés dans le Tableau 2.

Comme attendu au vu des données historiques, pour KF1 et KF2, les régions ayant le plus contribué au pool mitochondrial sont l'Afrique (AF, qui regroupe l'ensemble des données issues des six zones définies *supra*) et Madagascar. Ensuite, si le pool européen ne semble pas avoir contribué sensiblement au pool de KF1, l'Inde du Sud paraît avoir eu un impact non négligeable ($m_{SI} \approx 10\%$). Les mariages entre Indiens et Créoles, dont les Affranchis afro-malgaches, ne sont pas rares dès la seconde moitié du XIX^e siècle (ils atteignent presque 30% des mariages de l'Est réunionnais vers 1875 ; Dupon,

1974). Même si ce type de mariages semble contracté surtout entre hommes indiens et femmes affranchies (Fuma, 2002), nos données suggèrent que les mariages entre femmes indiennes (et leurs descendantes) et affranchis afro-malgaches (et leurs descendants) furent relativement importants durant cette période et jusque dans la première moitié du XX^e siècle.

	KF1	KF2
AF	50,9±5,6%	37,9±6,0%
MD	38,1±5,5%	40,1±6,0%
FR	1,1±1,1%	2,3±2,0%
SI	9,9±3,1%	19,7±4,7%

Tableau 2 : Pour KF1 et KF2, coefficients d'admixture des régions du monde ayant significativement contribué à la mise en place de la population réunionnaise (pour les abréviations des régions géographiques, voir le texte).

Concernant KF2 et en comparaison avec KF1, on note à la fois une diminution de la contribution africaine et une certaine stabilité (voire une légère augmentation) de la contribution malgache. Les grandes vagues de migrations en provenance de Madagascar et d'Afrique s'étant achevées dans la première moitié du XX^e siècle, on ne peut évoquer cet argument pour expliquer la « malgachisation » du pool mitochondrial *Kaf* dans la seconde moitié du XX^e siècle. En revanche, dans cette seconde moitié du XX^e siècle, les barrières sociales et culturelles prévenant les interactions, les échanges et les brassages sociaux et culturels, et donc prévenant un brassage biologique extensif entre les groupes ethniques réunionnais, deviennent de plus en plus obsolètes (Labache, 1999, Médéa, 2004). Les *Kaf* suivent également cette tendance. Or, parmi les groupes ethniques réunionnais avec lesquels ils peuvent échanger des gènes, figurent les *Créoles Blancs*. Ces derniers ont la particularité d'avoir subi un fort effet fondateur au début de la mise en place de leur groupe. Un gros tiers des femmes des premiers colons européens étaient malgaches (Barassin, 1960), et il s'est avéré que leur ADNmt a très largement contribué au pool génétique actuel des *Créoles Blancs*, mais aussi des *Créoles Métais* (Dubut, 2008). Ainsi, le groupe *Kaf*, par mariage, a pu bénéficier d'apports malgaches, sans pour autant bénéficier d'HTs africains (relativement peu fréquents au sein des autres groupes réunionnais ; Dubut, 2008). Mais les *Kaf* ont aussi reçu des apports supplémentaires

d'origine indienne, comme le montre le doublement du m_{SI} entre KF1 et KF2. La comparaison entre KF1 et KF2 semble matérialiser l'accélération du brassage biologique entre les groupes réunionnais pour la seconde moitié du XX^e siècle, conséquence de la résorption des barrières ethno-sociales et culturelles.

Remarque : de la faisabilité des études individuelles

Lors de la période d'échantillonnage, des manifestations d'enthousiasme nous ont été exprimées concernant notre travail et ses conséquences en termes identitaires. En effet, lorsque les liens entre le pays d'origine et les individus qui en sont originaires ont été perdus depuis l'arrivée des ancêtres sur le sol réunionnais, la construction identitaire se révèle plus complexe et moins aisée (Médéa, 2003, 2004). La génétique peut alors apparaître à certains comme une solution majeure (Elliott et Brodwin, 2002 ; Rotimi, 2003). Elle représente la possibilité d'établir un lien qui peut sembler plus fort encore qu'un lien culturel : un lien biologique. Ce lien autoriserait la légitimation de l'identité revendiquée. Et au moment où fleurissent de nombreuses firmes commerciales proposant de retrouver les origines individuelles grâce à l'ADN (ex : Brown, 2002), la génétique apparaît comme pouvant révéler enfin la provenance géographique des ancêtres, donnant ainsi accès à une histoire qui a été arrachée. Si ces espérances sont légitimes, la génétique n'est pas apte à toutes les combler. Il est donc important d'informer le public que, quelle que soit l'étude menée, ou la firme proposant ce service, seule une très petite part de leur génome est étudiée, et que les conclusions ne concernent qu'une infime part de leur ascendance, les ascendances agnatiques (strictement paternelle) et utérines dans la plupart des cas (voir Ferreira, 2006). En outre, même pour ces quelques ancêtres, les méthodes actuelles ne sont pas en mesure d'assurer que la (les) région(s) d'origine sera(ont) systématiquement retrouvée(s). Leur efficacité dépend en effet à la fois de la nature des polymorphismes retrouvés chez un individu (à savoir, s'ils sont très répandus à l'échelle d'un continent ou au contraire très localisés), et de l'état d'exhaustivité des banques de données. Une étude récente sur de l'ADNmt a notamment montré les limites de l'approche individuelle : étudiant les polymorphismes mitochondriaux de 182 Africains-Américains, elle n'a permis d'assigner sans ambiguïté à une région spécifique de l'Afrique que moins de 10% des HTs mitochondriaux (Ely *et al.*, 2006). Cette étude montre combien il est difficile et peu systématique de pouvoir répondre aux attentes décrites *supra*.

Aussi, si l'on veut avancer dans la connaissance de l'histoire et de la dynamique d'une population ou d'un groupe au sein de cette population, seule une approche populationnelle (*versus* individuelle) peut apporter des éléments, certes plus généraux, mais de loin plus fiables, comme nous avons tenté de le montrer par notre étude.

Conclusion et perspectives

Le travail présenté ici contribue à l'apport d'éléments concernant la connaissance de l'impact de l'esclavage et de l'Engagisme africain et malgache, ainsi que sur la dynamique temporelle et biologique des descendants d'esclaves et d'engagés afro-malgache à La Réunion. RUN-Af a souligné l'impact important de Madagascar sur le pool afro-malgache réunionnais au cours du XVIII^e siècle. KF-Af a permis de suivre l'évolution du recrutement des esclaves puis des engagés de la fin du XVIII^e siècle à la fin du XIX^e siècle, mettant en évidence durant cette période une « africanisation » du pool mitochondrial afro-malgache à La Réunion. KF1, quant à lui, met en évidence les admixtures entre groupes réunionnais pour la fin du XIX^e siècle et la première moitié du XX^e siècle, avec notamment un passage non négligeable de lignées utérines indiennes au sein du pool Kaf. Enfin, KF2 permet de mesurer l'impact de la chute progressive des barrières ethno-sociales à La Réunion par la détection d'une augmentation des flux génétiques entre les Kaf et les autres groupes réunionnais.

Un découpage raisonné de l'échantillon total (conduisant ici à la constitution des sous-échantillons RUN-Af, KF-Af, KF1 et KF2) montre qu'il est possible de disséquer le palimpseste formé par l'accumulation des impacts d'évènements migratoires et sociaux sur le pool génétique d'une population humaine. Hubert Gerbeau (1979, 1980), mais aussi Jean Benoist (1983) ont souligné que, pour l'étude des migrations liées à l'esclavage, une approche pluridisciplinaire est à favoriser. La biologie a toujours fait partie des outils que ces auteurs ont cités comme étant à inclure dans cette démarche. Dans le cadre de ce travail, nous avons tenté de croiser des informations issues de disciplines distinctes, qui utilisent des techniques et des approches différentes. Car quelle que soit la période de temps étudiée, une étude d'anthropologie moléculaire nécessite, en plus d'une connaissance du marqueur génétique utilisé – ici l'ADNmt –, la possibilité d'avoir à disposition des éléments (historiques, généalogiques, archéologiques, linguistiques, ect.) pouvant être confrontés aux conclusions qu'elle fournira, et inversement. La pluridisciplinarité permet en effet d'approcher au mieux la réalité historique et sociale d'une population

ou d'un groupe ethnique (pour d'autres exemple de pluridisciplinarité dans ce domaine, voir : Chaix *et al.*, 2004, 2007).

Néanmoins, à l'issue de ce travail, plusieurs questions subsistent et de nouvelles interrogations sont apparues. Par exemple, s'agissant de la contribution de l'Angola que nous avons détectée, de plus amples recherches seront nécessaires afin d'explorer cette possibilité, tant au niveau historique que sur d'autres parties de l'ADN. En particulier, le chromosome Y, transmis uniquement de père en fils permettra de savoir si cet impact de l'Angola est confirmé pour le contingent masculin. Afin notamment de tester cette hypothèse, l'étude des polymorphismes du chromosome Y des Réunionnais est actuellement en cours au sein de notre équipe.

Remerciements

Nous remercions tous les volontaires qui ont participé à cette étude, ainsi que les nombreuses personnes qui nous ont très aimablement apporté leur aide durant la période de l'échantillonnage, tout particulièrement Alexandre Vienne. Notre gratitude au Pr. Erika Hagelberg (Université d'Oslo) pour nous avoir communiqué des données mitochondriales malgaches non publiées. Ce travail a été supporté par le Conseil Régional de La Réunion. Le poste de généalogiste de M.-D. Thionville a été soutenu par le Conseil Général de La Réunion.

Bibliographie

- ALPERS, E.A. (2003). « The African Diaspora in the Indian Ocean : A comparative perspective », in S. de Silva Jarasuriya, R Pankhurst, eds., *The African Diaspora in the Indian Ocean*. Trenton/Asmara, African World Press, 19-50.
- ALVES-SILVA, J., DA SILVA SANTOS, M., GUIMARAES, P.E., FERREIRA, A.C., BANDELT, H.J., PENA, A.S.D., PRADO, V.F. (2000). « The ancestry of Brazilian mtDNA lineages », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 67, 444-461.
- BAMSHAD, M.J., WATKINS, W.S., DIXON, M.E., JORDE, L.B., RAO, B.B., NAIDU, J.M., PRASAD, B.V., RASANAYAGAM, A., HAMMER, M.F. (1998). « Female gene flow stratifies Hindu castes », *Nature*, Vol. 395, 651-652.
- BARASSIN, J. (1960). « Études sur les origines extérieures de la population libre de Bourbon », *Recueils de Documents et de Travaux Inédits pour Servir à l'Histoire de La Réunion*, Vol. 4, 9-75.
- BASU, A., MUKHERJEE, N., ROY, S., SENGUPTA, S., BANERJEE, S., CHAKRABORTY, M., DEY, B., ROY, M., ROY, B., BHATTACHARYYA, N.P., ROYCHOUDHURY, S., MAJUMDER, P.P. (2003). « Ethnic India : A genomic view, with special reference to peopling and structure », *Genome Research*, Vol. 13, 2277-2290.
- BATINI, C., COIA, V., BATTAGLIA, C., ROCH, J., PILKINGTON, M.M., SPEDINI, G., COMAS, D., DESTRO-BISOL, G., CALAFELL, F. (2007). « Phylogeography of the

- human mitochondrial L1c haplogroup : Genetic signatures of the prehistory of Central Africa », *Molecular Phylogenetics and Evolution*, Vol. 43, 635-644.
- BENOIST, J. (1983). *Un développement ambigu : Structure et changement de la société réunionnais*, 2^e édition. Saint-Denis (Réunion), Fondation pour la Recherche et le Développement dans l'Océan Indien.
- BELEZA, S., GUSMÃO, L., AMORIM, A., CARRACEDO, A., SALAS, A. (2005). « The genetic legacy of western Bantu migrations », *Human Genetics*, Vol. 117, 366-375.
- BRANDSTÄTTER, A., PETERSON, C.T., IRWIN, J.A., MPOKE, S., KOECH, D.K., PARSON, W., PARSONS, T.J. (2004). « Mitochondrial DNA control region sequences from Nairobi (Kenya) : Inferring phylogenetic parameters for the establishment of a forensic database », *International Journal of Legal Medicine*, Vol. 118, 294-306.
- BROWN, K. (2002). « Tangled roots ? Genetics meets genealogy », *Science*, Vol. 295, 1634-1635.
- CALI, F., LE ROUX, M.G., D'ANNA, R., FLUGY, A., DE LEON, G., CHIAVETTA, V., AYALA, G.F., ROMANO, V. (2001). « MtDNA control region and RFLP data for Sicily and France », *International Journal of Legal Medicine*, Vol. 114, 229-231.
- CAMPBELL, G. (1981) « Madagascar and the slave trade, 1810-1895 », *Journal of African History*, Vol. 22, 203-227.
- CAMPBELL, G. (1988). « Madagascar and Mozambique in the slave trade of the western Indian Ocean, 1800-1861 », *Slavery and Abolition*, Vol. 9, 166-193.
- CAPELA, J., MEDEIROS, E. (1989). « La traite au départ du Mozambique vers les îles françaises de l'Océan Indien - 1720-1904 », in U. BISSOONDOYAL, S.B.C. SERVANSING, eds., *Slavery in south west Indian Ocean*, Moka (Maurice), Mahatma Gandhi Institute, 247-309.
- CARTER, M., GERBEAU, H. (1988). « Covert slaves and coveted coolies in the early 19th century Mascareignes », *Slavery and Abolition*, Vol. 9, 194-208.
- ČERNÝ, V., HÁJEK, M., ČMEJLA, R., BRŮŽEK, J., BRDIČKA, R. (2004). « MtDNA sequences of Chadic-speaking populations from northern Cameroon suggest their affinities with eastern Africa », *Annals of Human Biology*, Vol. 31, 554-569.
- ČERNÝ, V., HÁJEK, M., BROMOVÁ, M., ČMEJLA, R., DIALLO, I., BRDIČKA, R. (2006). « MtDNA of Fulani nomads and their genetic relationships to neighboring sedentary populations », *Human Biology*, Vol. 78, 9-27.
- CHAIX, R., AUSTERLITZ, F., KHEGAY, T., JACQUESSON, S., HAMMER, M.F., HEYER, E., QUINTANA-MURCI, L. (2004). « The genetic or mythical ancestry of descent groups : Lessons from the Y chromosome », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 75, 1113-1116.
- CHAIX, R., QUINTANA-MURCI, L., HEGAY, T., HAMMER, M.F., MOBASHER, Z., AUSTERLITZ, F., HEYER, E. (2007). « From social to genetic structures in central Asia », *Current Biology*, Vol. 17, 43-48.
- CHEN, Y.S., OLCKERS, A., SCHURR, T.G., KOGELNIK, A.M., HUOPONEN, K., WALLACE, D.C. (2000). « MtDNA variation in the South African Kung and Khwe and their genetic relationships to other African populations », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 66, 1362-1383.
- COIA, V., DESTRO-BISOL, G., VERGINELLI, F., BATTAGLIA, C., BOSCHI, I., CRUCIANI, F., SPEDINI, G., COMAS, D., CALAFELL, F. (2005). « MtDNA variation in North Cameroon : Lack of Asian lineages and implications for back migration from Asia to sub-Saharan Africa », *American Journal of Physical Anthropology*, Vol. 128, 678-681.
- CORDAUX, R., SAHA, N., BENTLEY, G.R., AUNGER, R., SIRAJUDDIN, S.M., STONEKING, M. (2003). « Mitochondrial DNA analysis reveals diverse histories of tribal

- populations from India », *European Journal of Human Genetics*, Vol. 11, 253-264.
- DESTRO-BISOL, G., COIA, V., BOSCHI, I., VERGINELLI, F., CAGLIÀ, A., PASCALI, V., SPEDINI, G., CALAFELL, F. (2004a). « The analysis of variation of mtDNA hypervariable region 1 suggests that Eastern and Western Pygmies diverged before the Bantu expansion », *American Naturalist*, Vol. 163, 212-226.
- DESTRO-BISOL, G., DONATI, F., COIA, V., BOSCHI, I., VERGINELLI, F., CAGLIÀ, A., TOFANELLI, S., SPEDINI, G., CAPELLI, C. (2004b). « Variation of female and male lineages in sub-Saharan populations : the importance of sociocultural factors », *Molecular Biology and Evolution*, Vol. 21, 1673-1682.
- DUPON, J.F. (1974). « Les immigrants indiens de La Réunion : Evolution et assimilation d'une population », *Cahiers du Centre Universitaire de La Réunion*, Vol. 4, 67-93.
- DUBUT, V., CHOLLET, L., MURAIL, P., CARTAULT, F., BÉRAUD-COLOMB, E., SERRE, M., MOGENTALE-PROFIZI, N. (2004). « MtDNA polymorphisms in five French groups : Importance of regional sampling », *European Journal of Human Genetics*, Vol. 12, 293-300.
- DUBUT, V. (2008) *Les Polymorphismes de l'ADNmt et du chromosome Y sur l'île de La Réunion : Étude des modalités d'un peuplement récent*, Thèse d'Anthropologie Biologique, Université Bordeaux 1.
- ELLIOTT, C., BRODWIN, P. (2002). « Identity and genetic ancestry tracing », *British Medical Journal* Vol. 325, 1469-1471.
- ELY, B., WILSON, J.L., JACKSON, F., JACKSON, B.A. (2006). « African-American mitochondrial DNAs often match mtDNAs found in multiple African ethnic groups », *BMC Biology*, Vol. 4, 34.
- FERREIRA, L.B. (2006). « Population genetics and the power of discrimination », *Eubios Journal of Asian and International Bioethics*, Vol. 16, 25-27.
- FILLIOT, J.M. (1974). *La traite des esclaves vers les Mascareignes au XVIII^e siècle*, Paris, ORSTOM.
- FUMA, S. (1992). *L'esclavagisme à La Réunion 1794-1848*, Paris/Saint-Denis (Réunion), L'Harmattan/Université de La Réunion.
- FUMA, S. (2000). « La traite des esclaves dans le bassin du sud-ouest de l'Océan Indien et la France après 1848 », in E. MAESTRI, ed., *Esclavage et abolitions dans l'Océan Indien 1723-1860*, Paris, L'Harmattan, 417-418.
- FUMA S. (2002). « Les actes civils en 1848 : Une nouvelle source historique pour aborder l'histoire de l'esclavage à La Réunion », in I. RAKOTO, ed., *La route des esclaves : Systèmes serviles et traite dans l'est malgache*, Toamasina/Paris, Université de Toamasina/L'Harmattan, 247-261.
- GERBEAU, H. (1976). « Le rôle de l'agriculture dans le peuplement de La Réunion », *Cahiers du Centre Universitaire de La Réunion*, Vol. 8, 61-67.
- GERBEAU, H. (1979). « La traite esclavagiste dans l'Océan Indien : Problèmes posés à l'historien, recherches à entreprendre », in UNESCO, ed., *La traite négrière du XV^e au XIX^e siècle*, Paris, UNESCO, 194-217.
- GERBEAU, H. (1980). « Les esclaves asiatiques des Mascareignes au XIX^e siècle : Enquête et hypothèses », *Annuaire des pays de l'Océan Indien*, Vol. 7, 169-197.
- GONZÁLEZ, A.M., CABRERA, V.M., LARRUGA, J.M., TOUNKARA, A., NOUMSI, G., THOMAS, B.N., MOULDS, J.M. (2006). « Mitochondrial DNA variation in Mauritania and Mali and their genetic relationship to other Western Africa populations », *Annals of Human Genetics*, Vol. 70, 631-657.
- GRAVEN, L., PASSARINO, G., SEMINO, O., BOURSOT, P., SANTACHIARA-BENERECETTI, S., LANGANEY, A., EXCOFFIER, L. (1995). « Evolutionary correlation between control region sequence and restriction polymorphisms in the mitochondrial genome of a large Senegalese Mandenka sample », *Molecular Biology and Evolution*, Vol. 12, 334-345.
- HELGASON, A., SIGURÐARDÓTTIR, S., NICHOLSON, J., SYKES, B., HILL, E.W., BRADLEY, D.G., BOSNES, V., GULCHER, J.R., WARD, R., STEFANSON, K. (2000). « Estimating Scandinavian and Gaelic ancestry in the male settlers of Iceland », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 67, 697-717.
- HIRSCHFELD, L., HIRSCHFELD, H. (1919) « Serological differences between the blood of different races. The results of researches on the Macedonian front », *Lancet*, Vol. 2, 675-678.
- INGMAN, M., KAESSMANN, H., PÄÄBO, S., GYLLENSTEN, U. (2000). « Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans », *Nature*, Vol. 408, 708-713.
- JACKSON, B.A., WILSON, J.L., KIRBAH, S., SIDNEY, S.S., ROSENBERGER, J., BASSIE, L., ALIE, J.A., MCLEAN, D.C., GARVEY, W.T., ELY, B. (2005). « Mitochondrial DNA genetic diversity among four ethnic groups in Sierra Leone », *American Journal of Physical Anthropology*, Vol. 128, 156-163.
- JOBLING, M.A., HURLES, M.E., TYLER-SMITH, C. (2004). *Human evolutionary genetics : Origins, peoples and diseases*, New York, Garland Science.
- KIVISILD, T., BAMSHAD, M.J., KALDMA, K., METSPALU, M., METSPALU, E., REIDLA, M., LAOS, S., PARIK, J., WATKINS, W.S., DIXON, M.E., PAPIHA, S.S., MASTANA, S.S., MIR, M.R., FERAK, V., VILLEMS, R. (1999). « Deep common ancestry of Indian and western-Eurasian mitochondrial DNA lineages », *Current Biology*, Vol. 9, 1331-1334.
- KIVISILD, T., ROOTSI, S., METSPALU, M., MASTANA, S., KALDMA, K., PARIK, J., METSPALU, E., ADOJAAN, M., TOLK, H.V., STEPANOV, V., GÖLGE, M., USANGA, E., PAPIHA, S.S., CINNIÖGLU, C., KING, R., CAVALLI-SFORZA, L., UNDERHILL, P.A., VILLEMS, R. (2003). « The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 72, 313-332.
- KIVISILD, T., REIDLA, M., METSPALU, E., ROSA, A., BREHM, A., PENNARUN, E., PARIK, J., GEBERHIWOT, T., USANGA, E., VILLEMS, R. (2004) « Ethiopian mitochondrial DNA heritage : Tracking gene flow across and around the gate of tears », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 75, 752-770.
- KNIGHT, A., UNDERHILL, P.A., MORTENSEN, H.M., ZHIVOTOVSKY, L.A., LIN, A.A., HENN, B.M., LOUIS, D., RUHLEN, M., MOUNTAIN, J.L. (2003). « African Y chromosome and mtDNA divergence provides insight into the history of click languages », *Current Biology*, Vol. 13, 464-473.
- KRINGS, M., SALEM, A.E., BAUER, K., GEISERT, H., MALEK, A.K., CHAIX, L., SIMON, C., WELSBY, D., DI RIENZO, A., UTERMANN, G., SAJANTILA, A., PÄÄBO, S., STONEKING, M. (1999). « MtDNA analysis of Nile River Valley populations : A genetic corridor or a barrier to migration? », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 64, 1166-1176.
- LABACHE, L. (1999). « Les relations interethniques à La Réunion », *Cahiers de Sociologie Economique et Culturelle*, Vol. 31, 101-115.
- LARSON, P.M. (1997). « A census of slaves exported from central Madagascar to the Mascarenes between 1769 and 1820 », in I. RAKOTO, ed., *L'esclavage à Madagascar : Aspects historiques et résurgences contemporaines*, Antananarivo, Musée d'Art et d'Archéologie, 131-145.
- MARIMOUTOU-OBERLÉ, M. (1999). *Les engagés du sucre*, 3^e édition, Saint-Denis (Réunion), Conseil Général de La Réunion/Océan Editions.

- MATEU, E., COMAS, D., CALAFELL, F., PÉREZ-LEZAUN, A., ABADE, A., BERTRANPETIT, J. (1997). « A tale of two islands : Population history and mitochondrial DNA sequence variation of Bioko and São Tomé, Gulf of Guinea », *Annals of Human Genetics*, Vol. 61, 507-518.
- MÉDÉA, F.J.L. (2003). « La construction identitaire dans la société réunionnaise », *Journal des Anthropologues*, Vol. 92-93, 261-281.
- MÉDÉA, F.J.L. (2004). *Creolisation and identity in a neo-colonial context : The case of Réunion*, Thèse de Sociologie, University of Warwick.
- MULLIS, K.B., FALOONA, F.A. (1987). « Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction », *Methods in Enzymology*, Vol. 155, 335-350.
- PEREIRA, L., MACAULAY, V., TORRONI, A., SCOZZARI, R., PRATA, M.J., AMORIM, A. (2001). « Prehistoric and historic traces in the mtDNA of Mozambique : insights into the Bantu expansions and the slave trade », *Annals of Human Genetics*, Vol. 65, 439-458.
- PINTO, F., GONZÁLEZ, A.M., HERNANDEZ, M., LARRUGA, J.M., CABRERA, V.M. (1996). « Genetic relationship between the Canary Islanders and their African and Spanish ancestors inferred from mitochondrial DNA sequences », *Annals of Human Genetics*, Vol. 60, 321-330.
- PLAZA, S., SALAS, A., CALAFELL, F., CORTE-REAL, F., BERTRANPETIT, J., CARRACEDO, A., COMAS, D. (2004). « Insights into the western Bantu dispersal : MtDNA lineage analysis in Angola », *Human Genetics*, Vol. 115, 439-447.
- RANDO, J.C., PINTO, F., GONZÁLEZ, A.M., HERNANDEZ, M., LARRUGA, J.M., CABRERA, V.M., BANDELT, H.J. (1998). « Mitochondrial DNA analysis of northwest African populations reveals genetic exchanges with European, near-eastern, and sub-Saharan populations », *Annals of Human Genetics*, Vol. 62, 531-550.
- RICHARDS, M., MACAULAY, V., HICKEY, E., VEGA, E., SYKES, B., GUIDA, V., RENGO, C., SELBITTO, D., CRUCIANI, F., KIVILSID, T., VILLEMS, R., THOMAS, M., RYCHKOV, S., RYCHKOV, O., RYCHKOV, Y., GÖLGE, M., DIMITROV, D., HILL, E., BRADLEY, D., ROMANO, V., CALI, F., VONA, G., *et al.* (2000). « Tracing European founder lineages in the near eastern mtDNA pool », *American Journal Human Genetics*, Vol. 67, 1251-1276.
- ROSA, A., BREHM, A., KIVISILD, T., METSPALU, E., VILLEMS, R. (2004). « MtDNA profile of West Africa Guineans : Towards a better understanding of the Senegambia region », *Annals of Human Genetics*, Vol. 68, 340-352.
- ROTIMI, C.N. (2003). « Genetic ancestry tracing and the African identity : A double-edged sword ? », *Developing World Bioethics*, Vol. 3, 151-158.
- ROUSSELET, F., MANGIN, P. (1998). « Mitochondrial DNA polymorphisms : A study of 50 French Caucasian individuals and application to forensic casework », *International Journal of Legal Medicine*, Vol. 111, 292-298.
- ROYCHODHURY, S., ROY, S., BASU, A., BANERJEE, R., VISHWANATHAN, H., USHA RANI, M.V., SIL, S.K., MITRA, M., MAJUMDER, P.P. (2000). « Genomic structures and population histories of linguistically distinct tribal groups of India », *Human Genetics*, Vol. 109, 339-350.
- SALAS, A., RICHARDS, M., DE LA FE, T., LAREU, M.V., SOBRINO, B., SÁNCHEZ-DIZ, P., MACAULAY, V., CARRACEDO, A. (2002). « The making of the African mtDNA landscape », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 71, 1082-1111.
- SALAS, A., RICHARDS, M., LAREU, M.V., SCOZZARI, R., COPPA, A., TORRONI, A., MACAULAY, V., CARRACEDO, A. (2004). « The African diaspora : mitochondrial

- DNA and the Atlantic slave trade », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 74, 454-465.
- SALAS, A., CARRACEDO, A., RICHARDS, M., MACAULAY, V. (2005). « Charting the ancestry of African Americans », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 77, 676-680.
- SANGER, F., NICKLEN, S., COULSON, A.R. (1977). « DNA sequencing with chain-terminating inhibitors », *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, Vol. 74, 5463-5467.
- SCOTT R.A., WILSON R.H., GOODWIN W.H., MORAN C.N., GEORGIADIS E., WOLDE B., PITSILADIS Y.P. (2005). « Mitochondrial DNA lineages of elite Ethiopian athletes », *Comparative Biochemistry and Physiology Part B*, Vol. 140, 497-503.
- SHARMA, S., SAHA, A., RAI, E., BHAT, A., BAMEZAI, R. (2005). « Human mtDNA hypervariable regions, HVR I and II, hint at deep common maternal founder and subsequent maternal gene flow in Indian population groups », *Journal of Human Genetics*, Vol. 50, 497-506.
- SILVA, W.A., BORTOLINI, M.C., SCHNEIDER, M.P., MARRERO, A., ELION, J., KRISHNAMOORTHY, R., ZAGO, M.A. (2006). « MtDNA haplogroup analysis of black Brazilian and sub-Saharan populations : implications for the Atlantic slave trade », *Human Biology*, Vol. 78, 29-41.
- THANGARAJ, K., RAMANA, G.V., SINGH, L. (1999). « Y-chromosome and mitochondrial DNA polymorphisms in Indian populations », *Electrophoresis*, Vol. 20, 1743-1747.
- THOMAS, H. (1998). *The slave trade—the history of the Atlantic slave trade : 1440-1840*, London, Macmillan.
- TROVOADA, M.J., PEREIRA, L., GUSMÃO, L., ABADE, A., AMORIM, A., PRATA, M.J. (2003). « Pattern of mtDNA variation in three populations from São Tomé e Príncipe », *Annals of Human Genetics*, Vol. 68, 40-54.
- VIGILANT, L., STONEKING, M., HARPENDING, H., HAWKES, K., WILSON, A.C. (1991). « African populations and the evolution of human mitochondrial DNA », *Science*, Vol. 253, 1503-1507.
- WATSON, E., FORSTER, P., RICHARDS, M., BANDELT, H.J. (1997). « Mitochondrial footprints of human expansions in Africa », *American Journal of Human Genetics*, Vol. 61, 691-704.
- WHITE, T.D., ASFAW, B., DEGUSTA, D., GILBERT, H., RICHARDS, G.D., SUWA, G., HOWELL, F.C. (2003). « Pleistocene *Homo sapiens* from Middle Awash, Ethiopia », *Nature*, Vol. 423, 742-747.
- WOODING, S., OSTLER, C., PRASAD, B.V., WATKINS, W.S., SUNG, S., BAMSHAD, M., JORDE, L.B. (2004). « Directional migration in the Hindu castes : Inferences from mitochondrial, autosomal and Y-chromosomal data », *Human Genetics*, Vol. 115, 221-229.