

N° d'ordre : 3427

THESE

En vue de l'obtention du : **DOCTORAT**

Structure de Recherche : **Laboratoire de Biologie des Pathologies Humaines**

Discipline : **Biologie**

Spécialité : **Génétique**

Présentée et soutenue le 13/02/2021 par :

HABIBEDDINE Lamiaa

Etude Anthropogénétique de la population du nord du Maroc

JURY

BENJOUAD Abdelaziz	PES, Université Internationale de Rabat	Président
DAKKA Nadia	PES, Faculté des Sciences - Université Mohammed V - Rabat	Rapporteur / Examineur
BAKRI Youssef	PES, Faculté des Sciences - Université Mohammed V - Rabat	Rapporteur / Examineur
KHADMAOUI Abderrazzak	PES, Faculté des Sciences - Université Ibn Tofail - Kenitra	Rapporteur
EL OSSMANI Hicham	Dr, Gendarmerie Royale, Rabat	Invité
TALBI Jalal	Dr, Laboratoire de Police Scientifique de Casablanca	Encadrant
AMZAZI Saaid	PES, Faculté des Sciences - Université Mohammed V - Rabat	Directeur de thèse

Année Universitaire : 2020-2021

Avant-propos :

Le présent travail a été réalisé au Centre de Génomique des Pathologies Humaines au laboratoire de Biologie des pathologies humaines à la Faculté des Sciences de Rabat sous la direction du professeur **AMZAZI Saaïd**, en collaboration avec le Laboratoire National de Police scientifique de Casablanca sous l'encadrement du docteur **TALBI Jalal**.

Je tiens à exprimer mes plus vifs remerciements à monsieur **AMZAZI Saaïd**, professeur de l'enseignement supérieur (PES) et ministre de l'éducation nationale, qui fut pour moi un directeur de thèse attentif et disponible malgré ses nombreuses charges. Sa compétence, sa rigueur scientifique et sa clairvoyance m'ont beaucoup appris. Ils ont été et resteront des moteurs de mon travail de chercheur.

La personne que je tiens à remercier particulièrement est mon encadrant monsieur **TALBI Jalal**, docteur et chef de la section Identification par empreintes génétique au Laboratoire de Police Scientifique de Casablanca, pour l'orientation, la confiance, la patience qui ont constitué un apport considérable sans lequel ce travail n'aurait pas pu être mené au bon port. Son amitié et sa disponibilité malgré ses nombreuses responsabilités m'ont toujours motivé et encouragé. Qu'il trouve dans ce travail un hommage vivant à sa haute personnalité.

Un grand merci à **Pr BENJOUAD Abdelaziz**, professeur de l'enseignement supérieur (PES) et président à l'Université Internationale de Rabat pour m'avoir honoré en acceptant de présider ce jury. Permettez-moi de vous témoigner mon respect et mon estime les plus sincères.

Je remercie également professeur **DAKKA Nadia**, professeur de l'enseignement supérieur (PES) et responsable du laboratoire de Biologie des Pathologies humaines à la Faculté des Sciences de Rabat, d'avoir accepté d'être rapporteur et examinateur de mon travail.

Je remercie vivement professeur **BAKRI Youssef** professeur de l'enseignement supérieur (PES) et directeur du Centres d'Etudes Doctorales (CEDoc) à la Faculté des Sciences de Rabat, d'avoir accepté d'être rapporteur et examinateur de mon travail.

Je remercie professeur **KHADMOAUI Abderazzak**, professeur de l'enseignement supérieur (PES) et de la Faculté des Sciences, à l'Université Ibn Tofail de Kénitra d'avoir accepté d'être rapporteur de mon travail.

Je tiens à remercier très chaleureusement monsieur **EL OSAMANI Hicham**, docteur et chef de département à l'Institut médico-légal de la Gendarmerie Royale pour sa présence, ses conseils et son soutien tout au long de ce travail.

Un grand Merci à mon mari **AKKOUJANE Imad**, qui a toujours été à mes côtés et qui m'a apporté le soutien technique et moral, et n'a pas cessé de m'encourager tout au long de ma thèse. Sa grande patience et son amour m'ont permis de garder l'espoir et mener ce mémoire jusqu'au bout.

J'adresse toute mon affection à ma **famille**, et en particulier à mes parents qui m'ont fait comprendre qu'il ne faut jamais abandonner ses rêves, malgré les obstacles rencontrés en chemin. Leur confiance, leur tendresse, leur amour me portent et me guident tous les jours.

RESUME

Dans le but de connaître et d'expliquer le comportement matrimonial ainsi que les divers aspects de la diversité génétique de la population du nord du Maroc on a fait appel à l'anthropogénétique. Les résultats présentés dans cette étude montrent que les faits historiques et la position géographique de cette population sont des éléments déterminant et ont une conséquence directe de la constatation de la valeur élevée du taux général d'endogamie (86%) et du pourcentage de consanguinité qui atteint 24,78%, ce dernier se présente comme un comportement héréditaire entre les générations, faisant un trait sociodémographique ancré dans le patrimoine culturel de cette population. Le coefficient de consanguinité calculé à travers l'isonymie (0.0276031) est deux fois plus élevé que le coefficient calculé via les liens de parenté (0,0148253). 15 marqueurs STRs ont été exploités afin d'étudier la distribution des fréquences alléliques de ces systèmes, pour générer une empreinte génétique de la population ciblée et la situer dans son contexte géographique et linguistique. Les résultats montrent que La population du nord du Maroc est en équilibre de Hardy-Weinberg pour 12 marqueurs, cependant elle présente une déviation significative au niveau de quatre marqueurs (TH01, D18S51, DS7820 et D19S433).

Mots clés : Anthropogénétique, endogamie, consanguinité, isonymie, STRs, fréquences alléliques, structure génétique

ABSTRACT

In order to know and explain marital behavior as well as the various aspects of the genetic diversity of the population of northern Morocco, anthropogenetics has been used. The results presented in this study, show that the historical facts and the geographical position of this population are determining factors, and have a direct consequence of the finding of the high value of the general rate of endogamy (86%), and the percentage of consanguinity (24.78%). This behavior is a hereditary behavior among generations, which makes it a socio-demographic feature rooted in the cultural heritage of this population. The coefficient of consanguinity calculated through isonymy is (0.0276031), twice as high then the coefficient calculated via kinship (0.0148253). 15 STRs markers were used to study the distribution of allele frequencies of these systems, to generate a genetic fingerprint of the targeted population and to situate it in its geographic and linguistic context. The results show that the population of northern Morocco is in Hardy-Weinberg equilibrium for 12 markers; however it shows a significant deviation at the level of four markers (TH01, D18S51, DS7820 and D19S433).

Key words: Anthropogenetics, endogamy, consanguinity, isonymy, STRs, allelic frequencies, genetic structure.

SOMMAIRE

AVANT-PROPOS :	1
RESUME	3
ABSTRACT	4
SOMMAIRE	5
TABLES DES PUBLICATIONS:	9
TABLES DES COMMUNICATIONS:	10
LISTE DES ABREVIATIONS :	11
LISTE DES TABLEAUX:	12
LISTE DES FIGURES :	13
CHAPITRE 1 : HISTOIRE DU NORD DU MAROC	18
1.1 LA PERIODE PREHISTORIQUE :	18
1.1.1 Le néolithique :	18
1.1.2 Le chalcolithique :	18
1.2 LA PERIODE ANTIQUE :	19
1.2.1 La période phénicienne :	19
1.2.2 La période punique :	19
1.2.3 La période mauritanienne :	19
1.2.4 La période romaine :	19
1.3 LA PERIODE ISLAMIQUE :	20
1.4 LA PERIODE DU PROTECTORAT :	22
1.4.1 La période précolonial :	22
1.4.2 La période colonial :	22
1.4.3 L'indépendance :	22
CHAPITRE 2 : STRUCTURES ET CARACTERISTIQUES SOCIODEMOGRAPHIQUES DE LA REGION DE NORD DU MAROC.	23
2.1 CARACTERISTIQUES GEOGRAPHIQUES ET DEMOGRAPHIQUES DE LA REGION :	23
2.1.1 Caractéristiques géographiques :	23
2.1.2 Découpage administratif:	23
2.1.3 Caractéristiques démographiques	23
2.2 SECTEURS ECONOMIQUES ET SOCIOCULTURELS DE LA REGION DU NORD DU MAROC :	24
2.2.1 Situation économique de la région du Nord:	24
2.2.2 Appartenance ethnique et caractéristiques linguistiques :	25
2.2.2.1 Les Jbalas :	25
2.2.2.2 Les Rifains :	25
CHAPITRE 3 : LE POLYMORPHISME GENETIQUE:	26
3.1 LA VARIABILITE GENETIQUE AU SEIN DES POPULATIONS:	26
3.1.1 Le déterminisme génétique:	26
3.1.2 Le déterminisme épigénétique:	26
3.2 LES DIFFERENTS TYPES DE POLYMORPHISME:	27
3.2.1 SNP (Single Nucleotide Polymorphisme):	27

3.2.2	ADN mitochondrial :	28
3.2.3	Polymorphisme de longueur ou VNTR :	28
3.2.3.1	Minisatellites :	28
3.2.3.2	Microsatellites :	29
3.2.3.2.1	Les caractéristiques des Microsatellites :	29
3.2.3.2.2	Le développement des microsatellites:	31
3.2.3.2.3	L'instabilité des microsatellites:	32
3.2.3.2.4	Avantages de l'intégration des microsatellites marqueurs dans le domaine d'analyse génétique :	32
CHAPITRE 4 : GENETIQUE DES POPULATIONS HUMAINES:		33
4.1	MESURE DE LA VARIABILITE GENETIQUE AU SEIN DES POPULATIONS HUMAINES:	33
4.1.1	Les forces évolutives:	33
4.1.1.1	Les mutations:	33
4.1.1.1.1	Les mutations ponctuelles:	34
4.1.1.1.2	Les mutations chromosomiques:	34
4.1.1.1.3	Mutation du nombre de chromosomes:	35
4.1.1.2	La sélection:	35
4.1.1.3	Dérive génétique:	35
4.1.1.4	La migration:	36
4.1.1.5	La dérive génétique et l'effet fondateur:	36
4.2	STRUCTURES GENETIQUES DES POPULATIONS HUMAINES:	37
4.2.1	L'endogamie :	37
4.2.1.1	L'endogamie socio-culturelle :	37
4.2.1.2	L'endogamie ethnico-religieuse :	38
4.2.1.3	L'endogamie géographique :	39
4.2.2	La consanguinité :	39
4.2.2.1	L'état de la consanguinité dans le monde arabe :	40
4.2.2.2	L'état de la consanguinité dans le Maroc :	41
4.2.3	L'effet de la consanguinité sur la santé publique :	41
4.2.3.1	La consanguinité et ses conséquences au sein des anciennes familles royales :	42
CHAPITRE 5 : LA GENETIQUE DES POPULATIONS HUMAINES AU SERVICE DES SCIENCES FORENSIQUE :		43
5.1	INTRODUCTION :	43
5.2	: DOMAINES D'APPLICATIONS DES EMPREINTES GENETIQUES EN SCIENCES FORENSIQUES:	43
5.2.1	: La filiation paternelle :	43
5.2.2	: Identification des corps :	44
5.3	: LIMITES D'UTILISATION DES EMPREINTES GENETIQUES DANS LE DOMAINE FORENSIQUE:	44
5.3.1	: ADN ancien et dégradé:	45
5.3.2	: Contaminations et inhibiteurs des empreintes génétiques :	45
5.3.3	: Présence des mélanges d'ADN :	45
5.3.4	: Apparition des stutters dans le profil génétique:	45
5.3.5	: Les allèles nuls :	46
CHAPITRE 6 : ECHANTILLONNAGE ET TRAVAIL DE PALLIASSE :		49
6.1	POPULATION CIBLEE :	49
6.2	APPROCHE UTILISEE:	50
6.3	METHODES DE COLLECTE ET D'ANALYSE DES DONNEES :	50
6.4	ANALYSE DE LA BIO-BANQUE (ADN) :	51
6.4.1	Extraction de l'ADN:	51
6.4.2	: Extraction par le DNA IQ™ Reference Sample Kit for Maxwell® 16.....	51

6.4.3	: Extraction par phénol-chloroforme isoamylique (PCI) :	51
6.4.3.1	Estimation de la concentration de l'ADN :	52
6.5	AMPLIFICATION GENIQUE PAR PCR MULTIPLEX:	52
6.5.1	Rappel du principe général de la PCR:	52
6.5.2	Les nouveaux apports de la PCR multiplex:	53
6.5.3	Réalisation de la PCR multiplex avec le kit AmpFISTRIdentifiler® :	53
6.5.4	Protocole de l'amplification:	55
6.6	ELECTROPHORESE CAPILLAIRE EN GEL :	56
6.6.1	Principe générale :	56
6.6.2	Principe de l'ABI Prism 3130xl (Applied Biosystems):	57
6.7	LECTURE DES PROFILS STRS :	59
CHAPITRE 7 :	METHODES D'ANALYSES STATISTIQUES ADOPTEES:	62
7.1	METHODES DE MESURE DE LA CONSANGUINITE :	62
7.1.1	Coefficient de consanguinité :	62
7.1.2	Coefficient de Consanguinité moyen :	63
7.1.3	Coefficient de Consanguinité apparente (Ca) :	63
7.1.4	Calcul de coefficient de consanguinité des différents liens de parenté :	64
7.1.4.1	Coefficient de consanguinité de doubles cousins germains (DCG) :	64
7.1.4.2	Coefficient de consanguinité de cousins germains (CG) :	64
7.1.4.3	Coefficient de consanguinité de cousins issu germains (CIG) :	65
7.1.4.4	Coefficient de consanguinité de cousins inégaux (CI) :	65
7.1.5	Mesure de la consanguinité par la méthode d'isonymie :	66
7.1.5.1	Définition de l'isonymie :	66
7.1.5.2	L'utilité de la méthode isonymique dans l'estimation de la consanguinité:	66
7.2	MESURE DE LA DIVERSITE GENETIQUE DES POPULATIONS HUMAINES :	67
7.2.1	Test d'équilibre via la loi de Hardy-Weinberg:	67
7.2.2	Calcul des fréquences alléliques:	68
7.2.3	Taux d'hétérozygotie attendu (He) :	68
7.2.4	Taux d'hétérozygotie observé :	69
7.2.5	Indice de fixation (Fis) :	70
7.2.6	Paramètres de différenciation Fst et Fit :	70
7.3	PARAMETRES MEDICAUX LEGAUX:	71
7.3.1	Le contenu informatif du polymorphisme PIC ou CIP:	71
7.3.2	La probabilité de coïncidence (MP) ou Matching probability:	71
7.3.3	Le pouvoir de discrimination PD :	72
7.3.4	La probabilité d'exclusion (PE):	72
CHAPITRE 8 :	RESULTATS ET DISCUSSION	74
8.1	DESCRIPTION SOCIODEMOGRAPHIQUE DE LA POPULATION DU NORD DU MAROC :	74
8.2	L'ETUDE DU COMPORTEMENT MATRIMONIAL :	74
8.2.1	L'étude de l'endogamie géographique:	74
8.2.1.1	Mesure de l'endogamie dans la population générale :	74
8.2.1.2	L'endogamie géographique selon le milieu de naissance:	75
8.2.1.3	Mesure de l'endogamie selon les générations :	75
8.2.2	L'étude de la consanguinité :	75
8.2.2.1	Répartition des mariages consanguins dans la population générale :	75
8.2.2.2	Répartition des mariages consanguins selon le milieu de naissance :	77
8.2.2.3	Répartition des mariages consanguins selon les générations:	77
8.2.3	L'étude de l'isonymie :	79
8.2.3.1	L'étude de l'isonymie dans la population générale :	79

8.2.3.2	L'étude de l'isonymie selon le milieu de naissance :	80
8.2.3.3	L'étude de l'isonymie selon les générations :	80
8.2.4	Estimation de la consanguinité à travers l'isonymie :	81
8.2.4.1	Estimation de la consanguinité à travers l'isonymie :	81
8.2.4.2	Mesure de la consanguinité par l'isonymie selon le milieu de naissance :	82
8.2.4.3	Mesure de la consanguinité par l'isonymie selon les générations :	82
	Tableau 22 : Mesure des différents types d'unions consanguines par l'isonymie selon les générations.	82
8.3	L'ETUDE DE LA STRUCTURE GENETIQUE DE LA POPULATION DU NORD DU MAROC :	84
8.3.1	L'étude de la distribution des fréquences alléliques :	84
8.3.1.1	Distribution des fréquences alléliques dans la population du nord du Maroc :	84
8.3.1.2	Distribution des fréquences alléliques dans la population de Tanger :	87
8.3.1.3	Distribution des fréquences alléliques dans la population de Tetouan :	91
8.3.1.4	Distribution des fréquences alléliques dans la population de Larache :	94
8.3.1.5	Distribution des fréquences alléliques dans la population d'El Hoceima :	97
8.3.1.6	Distribution des fréquences alléliques dans la population berbère :	101
8.3.1.7	Distribution des fréquences alléliques dans la population Arabe :	104
8.4	ETUDE ANALYTIQUE ET COMPARATIVE DES FREQUENCES ALLELIQUES DES 15 STRS DE LA POPULATION DU NORD MAROCAINE PAR RAPPORT AUX POPULATIONS MONDIALES:	107
8.4.1	Comparaison par pair de l'indice Fst de la population globale du nord du Maroc:	107
8.4.2	Comparaison par pair de l'indice Fst des sous-populations du nord du Maroc:	109
8.4.2.1	Comparaison par pair de l'indice Fst de la population de Tanger:	109
8.4.2.2	Comparaison par pair de l'indice Fst de la population de Tetouan:	111
8.4.2.3	Comparaison par pair de la population de Larache de l'indice Fst:	113
8.4.2.4	Comparaison par pair de l'indice de la population d'El Hoceima:	115
8.4.3	Comparaison par pair de l'indice Fst des ethnies du nord du Maroc:	117
8.4.3.1	Comparaison par pair de l'indice Fst de la population berbère:	117
8.4.3.2	Comparaison par pair de l'indice Fst de la population arabe:	119
8.5	ETUDE DE STRUCTURE ET LA DIVERSITE GENETIQUE DE LA POPULATION DU NORD DU MAROC DANS SON CONTEXTE POPULATIONNELS, GEOGRAPHIQUE ET LINGUISTIQUE	121
8.5.1	Contexte géographique:	121
8.5.1.1	Structure géogénétique de la population de nord du Maroc :	121
8.5.2	Contexte linguistique.....	124
8.5.2.1	Structure lingua-génétique de la population globale :	124
	DISCUSSION :	128
	CONCLUSION :	133
	PERSPECTIVES :	134
	REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES :	135
	ANNEXES : QUESTIONNAIRE	147
	ANNEXES : ARTICLES SCIENTIFIQUES	149

Tables des publications:

1) Habibeddine L, Ouwardani M, El Ossmani H, Amzazi S, Talbi J (2018) Study of consanguinity of the population of northern Morocco. J Forensic Res 9: 406. DOI: 10.4172/2157-7145.1000406. January 2018.

2) Lamiaa habibeddine, Mohammed el ouardani, Hicham Osmani, Saaïd Amzazi, Youssef Bakri and Jalal Talbi. ETUDE DE L'ENDOGENIE GEOGRAPHIQUE CHEZ LA POPULATION DU NORD DU MAROC. Am. J. innov. res. appl. sci. 2019; 9(1): 80-84. August 2019.

3) Lamiaa habibeddine, Mohammed el ouardani, Saaïd Amzazi, Jalal Talbi. Distribution Of Allelic Frequencies Of 15 Microsatellite Markers (STRs) In Tangier Population. International Journal of Scientific & Technology Research 8(11):1025-1028. December 2019.

4) Lamiaa habibeddine, Mohammed el ouardani, Hicham El ossmani , Saaïd Amzazi, Jalal Talbi. Distribution Of Allelic Frequencies Of 15 Microsatellite Markers (STRs) In Tangier Population. International Journal of Scientific & Technology Research 8(11). December 2019.

5) Mohammed el ouardani, Lamiaa habibeddine, Abderahime Bouali, Noureddine boukhatem, Jalal talbi and Hicham El ossmani. ETUDE DE LA CONSANGUINITE DANS LA REGION DU MAROC ORIENTAL. Am. J. innov. res. appl. sci. 2019; 9(2): 148-152. July 2019.

6) Mohammed el ouardani, Lamiaa habibeddine, Jalal talbi, Noureddine boukhatem, Hicham and Abderahime Bouali. Allele Frequencies Of 15 Autosomal STR Loci In The Eastern Population Of Morocco. International Journal of Scientific & Technology Research 8(11):914-920. November 2019

Tables des communications:

<u>COMMUNICATION</u> <u>AFFICHEE</u>	<i>The 2nd International Congress on Cancer (ICCBM 2016), FST BeniMellal.</i> <i>“Consanguinity and health in the north of Morocco”</i>
<u>COMMUNICATION</u> <u>ORALE</u>	<i>Colloque International de l’ISPITS de Meknès « Les Sciences au Service de la Santé » 2ème edition, ISPITS Meknès “Profil de la santé publique et échanges génétiques endogames: la population du nord du Maroc »</i>
<u>COMMUNICATION</u> <u>AFFICHEE</u>	<i>Doctoriales FSR 5eme Edition 2016, Faculté des Sciences de Rabat</i> <i>« Etude de la consanguinité de la population du nord du Maroc »</i>
<u>COMMUNICATION</u> <u>AFFICHEE</u>	<i>8èmes Assises Internationales de Génétique humaine et médicale, Lyon, France.</i> <i>« Etude de la consanguinité de la population du nord du Maroc »</i>
<u>COMMUNICATION</u> <u>AFFICHEE</u>	<i>Journée internationale de biotechnologie médicale, Faculté de Médecine et Pharmacie Rabat « Etude anthro-po-génétique de la population du nord du Maroc »</i>
<u>COMMUNICATION</u> <u>ORALE</u>	<i>Doctoriales FSR 3eme Edition 2014, FSR Rabat</i> <i>« Etude éthno-géo-génétique de la population du nord du Maroc »</i>

Liste des abréviations :

ADN	Acide Désoxyribo Nucléique
pb	paires de base
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
A	Adénine
T	Thymine
C	Cytosine
G	Guanine
UV	Ultra-Violet
ADNmt	ADN mitochondrial
D-Loop	Displacement-Loop
HVII	HyperVariable Region II
HVIII	HyperVariable Region III
BP	Before Present
STR	Short Tandem Repeat
PCR	Polymerase Chain Reaction
Fst	F-statistics
AMOVA	Analysis of MOlecular Variance
ddNTPs	DidéoxyNucléotide TriPhosphate
BET	Bromure d'ETHidium
TBE	Tris Borate EDTA
EDTA	EthyleneDiamineTetraAcétique
J.C	Jésus-Christ
HW	Hardy Weinberg
DCG	Double cousins germains
CG	Cousins germains
IC	Cousins inégaux
CIG	Cousins issus germains
RFLP	Restriction fragment length polymorphism
VNTR	Variable number tandem repeat
PD	Pouvoir de discrimination
PE	Pouvoir d'exclusion
MP	Matching probability
CIP	Contenu informatif du polymorphisme
PCI	Phénol-chloroforme isoamylique
rpm	Rotation par minute
P.P	Pas de parenté
GPP	Grands-parents paternels
GPM	Grands-parents maternels
ng	Nonogramme
FFP	Fille du frère du père
FSM	Fille de la sœur de la mère
FFM	Fille du frère de la mère
FSP	Fille de la sœur du père
RSZZ	Rabat-Salé-Zemmour-Zaer

Liste des tableaux:

Tableau 1 : Recensement Général de la Population et de l'Habitat (Maaroufi 2014).....	24
Tableau 2: Caractéristiques des 16 loci STRs spécifiques au kit AmpFISTR®Identifiler ® (« AmpFLSTR Identifiler PCR Amplification Kit - Thermo Fisher Scientific » 2012).....	54
Tableau 3 : Préparation du mixe pour l'amplification.	55
Tableau 4 : Préparation de l'échantillon (x)	56
Tableau 5 : Préparation du Control +	56
Tableau 6 : Préparation du Control	56
Tableau 7 : Conditions d'amplification selon le mode d'utilisation du kit AmpFISTR Identifiler.	56
Tableau 8 : Mesure de l'endogamie selon le milieu de naissance(rural /urbain).....	75
Tableau 9 : Mesure des mariages endogames et exogames selon les générations	75
Tableau 10 : La répartition des unions consanguines selon les liens de parenté chez la population du Nord Du Maroc.....	76
Tableau 11 : Répartition des cousins germains selon les types d'unions pour la population générale :	76
Tableau 12 : Répartition des paramètres de la consanguinité selon le milieu rural et urbain.	77
Tableau 13 : Répartition des mariages consanguins et non consanguins d'unions selon les générations.	78
Tableau 14 : Répartition des différents types d'unions consanguines selon les générations.	78
Tableau 15 : Répartition des différents liens cousins germains selon les générations.	79
Tableau 16 : Répartition des différents liens de consanguinité chez groupes isonymes et non isonymes :	79
Tableau 17 : Répartition des différents liens cousins germains chez les groupes isonymes et non isonymes :	80
Tableau 18 : L'étude de l'isonymie selon le milieu rural et urbain.	80
Tableau 19 : L'étude de l'isonymie selon les générations.	81
Tableau 20 : Mesure des différents types d'unions consanguines par l'isonymie dans la population générale. .	81
Tableau 21 : Mesure des différents types d'unions consanguines par l'isonymie dans le milieu urbain et rural.	82
Tableau 22 : Mesure des différents types d'unions consanguines par l'isonymie selon les générations.	82
Tableau 23: Répartition des Fréquences alléliques des 15 STRs dans la population du nord du Maroc.....	84
Tableau 24 : Distribution des fréquences alléliques des 15 STRs dans la population de Tanger.....	87
Tableau 25 : Répartition des fréquences alléliques des 15 STRs dans la population de Tetouan	91
Tableau 26 : Répartition des fréquences alléliques des 15 STRs dans la population de Larache	94
Tableau 27 : Répartition des fréquences alléliques des 15 STRs dans la population d'El Hoceima	97
Tableau 28 : Fréquences alléliques des 15 STRs dans la population berbère.....	101
Tableau 29 : Répartition des fréquences alléliques des 15 STRs dans la population arabe.....	104
Tableau 30 : Comparaison par pair de l'indice Fst de population de nord du Maroc.....	108
Tableau 31 : Comparaison par pair de l'indice Fst de la population de Tanger	110
Tableau 32 : Comparaison par pair de la population de Tetouan de l'indice Fst:	112
Tableau 33 : Comparaison par pair de l'indice Fst de la population de Larache.....	114
Tableau 34 : Comparaison par pair de l'indice Fst de la population d'El Hoceima	115
Tableau 35 : Comparaison par pair de l'indice Fst de la population berbère	118
Tableau 36 : Comparaison par pair de l'indice Fst de la population arabe	120
Tableau 37 : Structure géo-génétique de la population de nord du Maroc	122
Tableau 38 Pourcentages de variation (ANOVA) et indices de fixation calculés pour chaque système (Structure géogénétique de la population de nord du Maroc	123
Tableau 39 : Définition de la structure linguo-génétique de la population de nord du Maroc.....	124
Tableau 40 : Pourcentages de variation (ANOVA) et indices de fixation calculés pour chaque système (Structure linguistique de la sous-population berbère).....	125
Tableau 41 : Pourcentages de variation (ANOVA) et indices de fixation calculés pour chaque système (Structure linguistique de la sous-population Arabe).....	127

Liste des figures :

<i>Figure 1 : Illustration des résultats d'analyse réelle d'un VNTR (Raphaël et FRANCO 2006).</i>	29
<i>Figure 2 : Représentation d'une région de l'ADN portant deux séquences répétitives différentes. [RphaelCoquoz, Franco Taroni ; 2006</i>	30
<i>Figure 3 : Illustration du phénomène des stutters (Raphaël et FRANCO 2006).</i>	46
<i>Figure 4 : Carte du nord du Maroc (google maps).</i>	49
<i>Figure 5 : Marqueurs de fluorescence caractérisant le kit AmpFI STR Identifier (Applied Biosystems) et taille des locis amplifiés (Source : http://www.cstl.nist.gov).</i>	55
<i>Figure 6 : Echelles alléliques (ladder) utilisées dans la PCR multiplex Identifier (Applied Biosystems).</i>	58
<i>Figure 7 : Illustration schématique de la séparation et la détection des allèles des STRs avec un system ABI prismGenetic Analyser.</i>	59
<i>Figure 8 Exemple du profil STR d'un individu obtenu avec la PCR multiplex Identifier (Applied Biosystems).</i>	60
<i>Figure 9 : Mesure du taux de l'endogamie géographique dans la population générale</i>	74
<i>Figure 10 : L'hérédité de la consanguinité en tant que comportement chez la population du nord du Maroc</i>	83

INTRODUCTION :
ETUDE BIBLIOGRAPHIQUE

Introduction :

Le mariage est une relation sacrée fortement influencée par des conditions ethnographiques, socioéconomiques, et géographiques (Relethford et Mielke 1994b). Dans les populations, les unions se font en général soit entre individus apparentés, soit au hasard (Roberts 1976). Le mariage consanguin est une forme d'unions assez pratiquée dans les sociétés arabes et dont l'endogamie joue un rôle majeur (Graziella 2004). Par conséquent ce comportement contribue à l'appauvrissement du patrimoine génétique (Chaventré 1983; Talbi et al. 2007a) et à l'augmentation de degrés d'homogénéité au sein des populations (Sutter et Tabah 1952), contribuant ainsi à la différenciation de celle-ci.

Plusieurs études ont confirmés que l'endogamie, notamment géographique renforce l'immobilité sociale, et pour ce type de mariage les individus ont une forte tendance à choisir leurs conjoints selon le même origine et le même lieu de naissance (Hami, Soulaymani, et Mokhtari 2007; Sbii 2008). Ce type de mariage conduit à la formation d'isolats et à la fermeture des milieux (Rabino-Massa, Prost, et Boetsch 2005). Ce type de mariage conduit à la formation d'isolats et à la fermeture des milieux (Rabino-Massa, Prost, et Boetsch 2005). Ce comportement influence directement la structure génétique et l'évolution du patrimoine héréditaire des populations. Ce qui donne naissance à une population génétiquement pauvre et semblable, et par conséquence, le taux de la consanguinité devient de plus en plus élevé (Jakobi et Jacquard 1971; Rabino-Massa, Prost, et Boetsch 2005; Rajab et Patton 2000; Sutter 1968).

Plusieurs études ont été menées sur la consanguinité dans différents pays de mondes. Les pays arabes sont connus par un niveau remarquablement élevé par rapport à l'Europe et aux Etats unis. En premier, les niveaux de consanguinité les plus élevés sont enregistré au niveau des pays de Golf, 64,3% au Kuwait (Radovanovic, Shah, et Behbehani 1999), et 50,5% en Arabie Saoudite (Al-Gazali et al. 1997). Par ailleurs les pourcentages respectivement de 22,8% (Mohamed 1995), 42% (Barbour et Salameh 2009) et 39,8% (Othman et Saadat 2009), ont été relevés chez les pays du levant (Egypte, Liban et Syrie). Des chiffres similaires ont été dénotés lors des études réalisées sur les pays Nord africains avec 47,2% en Mauritanie (Hammami et al. 2005) et 32,71% en Tunisie (M'rad et Chalbi 2004). Des études effectuées sur des périodes différents, ont rapporté des pourcentages de consanguinité oscillant entre 19% et 23% (A. Baali 1994; Lamdouar Bouazzaoui et al. 1994; Talbi et al. 2007b).

L'estimation de la consanguinité peut se faire également par l'étude de l'isonymie. C'est une méthode qui révèle des taux plus élevés que celles calculés via le coefficient de consanguinité apparente (Crow et Mange 1965; Zakaria 1999). Les patronymes peuvent donner des informations sur l'histoire migratoire des familles, et il sont couramment utilisés dans l'étude de la structure génétique des populations humaines (Rodriguez-Larralde et al. 1998), ainsi que la dynamique des populations (Castro de Guerra, Arvelo, et Pinto-Cisternas 1999).

Afin de comprendre le lien entre le comportement matrimonial et la structure génétique des population nous faisons appel à la génétique des populations qui est une nouvelle science qui unie deux grandes disciplines, la génétique et la démographie. Bien que l'objectif est d'étudier ou retracer l'évolution du patrimoine génétique de l'individu ou du groupe en fonction des

comportements et des conditions d'existence(Jacquard 1970). La génétique des populations est une synthèse entre l'application des lois de Mendel de la génétique de la transmission et l'application de la théorie de l'évolution et de la sélection naturelle. Elle se base sur l'étude de l'évolution de l'information génétique qui se traduit par une variation des fréquences alléliques au sein des populations susceptibles de se reproduire entre eux à court terme(Daniel L.HARTL 1994).

De nouvelles techniques développées en anthropologie et génétique ont été appliquées suite au développement des techniques de l'ADN et de la bio-informatique (Lefèvre-Witier 2001). Ces techniques ont été introduites dans différentes études donnant naissance à une nouvelle discipline appelée l'anthropogénétique ou l'anthropologie génétique. Ce développement a donné de nouveaux outils nécessaires à l'interprétation des résultats dans un contexte bio-anthropologique utilisant les marqueurs génétiques. Les marqueurs uni-parentaux tel que le chromosome Y et l'ADN mitochondrial, ne représentent qu'un seul marqueur non recombinant (Quintana-Murci et al. 1999) et leur pouvoir informatif peut être affecté par plusieurs facteurs perturbants (Gremaud 2010; Lecompte 2013; Pham-Hoai, Pussiau, et Curci 2017; Ségurel 2010), ce qui fait appel aussi aux marqueurs autosomaux (les SNP et les STRs).

Dans la présente étude nous avons choisi d'étudier la population nord Marocaine qui est considérée comme le carrefour de civilisations, et le médiateur géographique entre l'Europe et l'Afrique. Sa position géographique est susceptible d'influencer son patrimoine génétique, en créant des populations plus ou moins hétérogènes. Nous avons fait une étude du comportement matrimonial à savoir l'endogamie, la consanguinité et l'isonymie suivie d'une étude génétique à l'aide de 15 marqueurs microsatellites, il s'agit des portions d'ADN non codantes, très polymorphes et répétées en tandem (100 à 400 pb), considérées comme de bons marqueurs pour l'étude du polymorphisme génétique. Ces STRs (Short Tandem Repeats) vont servir à effectuer une étude approfondie de la structure génétique de la population du nord du Maroc (Fréquences alléliques, distances génétiques intra et inter-populationnelles, différenciation, AMOVA...).

Objectif général :

Ce travail s'inscrit dans le cadre du projet de l'établissement d'une carte ethno-géo-génétique « CEGG » de la population générale du Maroc. Il vise la réalisation d'un screening de l'ensemble des caractères anthropo-génétiques de la population du Nord du Maroc comme population encore non étudiée dans le cadre de ce projet.

Le présent travail a pour objectif :

- Caractériser le comportement matrimonial en termes de l'endogamie, la consanguinité et l'isonymie dans la population du nord du Maroc, dont les données sont encore fragmentaires.
- Etudier la distribution des fréquences alléliques au niveau de la population du nord et les différentes sous populations
- Faire une étude analytique et comparative des fréquences alléliques des 15 STRs de la population du nord marocaine par rapport aux populations mondiales

Chapitre 1 : Histoire du nord du Maroc.

1.1 La période préhistorique :

L'existence de l'homme au Maroc remonte à la préhistoire. Les données archéologiques ont confirmées que le Maroc est passé par différentes phases préhistoriques : paléolithique (inférieur, moyen et supérieur), néolithique et chalcolithique.

C'est une période qui marque les différentes étapes de développement de l'homme sur plusieurs centaines de milliers d'années. Le Maroc, en raison de sa position naturelle et ses caractéristiques géographiques (Capot-Rey 1963), a favorisé l'occupation humaine, notamment les régions du Maroc Atlantique, du Nord occidentale et de l'orientale (Debénath 2000). Des traces caractérisant le paléolithique (grattoirs, des pièces pédonculégalets aménagés, de bifaces, d'hachereaux...), ont été découvertes dans différentes zones du Maroc, notamment la carrière Thomas, Oulad Hamida et Sidi Abderahman à Casablanca (Debénath 2000; Raynal et al. 2005). Divers types d'outillage tel que des Racloirs, pointe moustérienne... ont été trouvés dans des sites comme Jbel Irhood, Taforalt, la grotte Zouhrah, caractérisent le paléolithique moyen qui s'intercale entre 200.000 ans et 300.000 ans avant l'ère chrétienne.

La grotte de Taforalt qu'on vient de citer, se trouve dans la région d'Oujda, elle est également l'un des importants sites qui ont présenté des indices prouvant l'évolution d'outillage de chasse et des pratiques funéraires (Bouzouggar et al. 2007), caractérisant le paléolithique supérieur (Balzeau et Badawi-Fayad 2005).

1.1.1 Le néolithique :

Appelé aussi l'âge de pierre (Coye 1993), Pendant cette période, il y'a 6000 ans avant l'ère chrétienne, de nouvelles méthodes et activités ont été apparues et évaluées, à savoir le développement de l'agriculture et de la domestication, ainsi que le changement total des modes de vies. Des traces telles que la céramique, des outillages en pierre et des parures en ivoire d'éléphant ont été trouvées sur plusieurs sites du Maroc (A. Ballouche, Ouchau, et Idrissi 2012; Texier et al. 2008), notamment autour de Tanger-Tétouan, Casablanca et Rabat et d'autres régions (grotte Ghar Cahal à Ceuta, Boussaria, les grottes d'elkhill, grotte Caf Taht el Cap-Spartel, Oued Tahadart...), (Daugas et al. 1998), à Témara (grotte el Harhoura), à skhirat (Oued cherrat), (DAqus et al. 1989) et dans la région de Rif (Oued de Moulouya), (Linstädter 2003).

1.1.2 Le chalcolithique :

3000 ans avant l'ère chrétienne, cette période était considérée comme une fin de la préhistoire et début de l'âge des métaux. Le Maroc est parmi les sites les plus connus par la fameuse culture campaniforme caractérisant cette civilisation, dont, divers types de gobelets ou vases en céramique décorés de motifs géométriques incisés ont été trouvés dans certaines grottes de différentes régions du Maroc (Souville 1986). Des céramiques campaniformes ont été trouvées

dans le littoral atlantique notamment à la grotte de Dar Soltane près de Rabat, et à la grotte de contrebandiers de Temara. Ces gisements se trouvent également dans le nord Marocain, tel que Achkar à Tanger (Souville 1986) et Caf Tah El Gar à Tetouan (Aziz Ballouche et Marinval 2003).

1.2 La période antique :

Entre la préhistoire et les dynasties islamiques, deux grandes périodes ont marqué l'histoire du Maroc. L'époque préromaine, dont les phéniciens, les carthaginois et les maures ont occupé le pays pendant des siècles en profitant de sa position géographique et l'époque romaine qui a été considérée comme initiation à de nouvelles politiques de colonisation et fin de la période antique (Guy Lasserre, 1948).

1.2.1 La période phénicienne :

Le sud de la péninsule ibérique et les côtes atlantiques du Maghreb, notamment la côte occidentale du Nord du Maroc (Lipiński 1995), ont attiré les navigateurs phéniciens vers la fin du XII^{ème} siècle avant l'ère chrétienne. Afin de détecter de nouveaux marchés et d'élargir les activités commerciales (Hoefler 1852), les phéniciens avaient comme objectif d'exploiter de nouveaux territoires pour chercher les métaux et le bois. Durant leurs colonisations, ils ont fondé des ports et des établissements dans plusieurs zones du Maroc : Tingis (Tanger) ; Lixus (Larache) ; Mogador (Essaouira) ; Sala (Rabat), etc (Hoefler 1852).

1.2.2 La période punique :

C'est la période des carthaginois au V^{ème} siècle avant l'ère chrétienne, originaire de Carthage (Tunisie), une colonie fondée lors de la période phénicienne (Gaudio 1981). Elle est devenue la plus puissante après l'affaiblissement des autres villes phéniciennes sous la dominance des assyriens, babyloniens, grecs, perses et romains (Elayi 1990). Ils étaient des grands commerçants de la méditerranée occidentale (Nicolet 2014). Ils ont exploité de nouveaux territoires et fondé de nouvelles colonies. La fin de la période carthaginoise a commencé lorsque Carthage prend la ville de Messine, une ville qui était sous la protection de Rome, c'est ainsi que les guerres avec les romains ont commencé (Chénier 1787).

1.2.3 La période mauritanienne :

Les maures sont une population arabe berbère (Pouillon 1993), ils ont occupé toute la zone Nord-Africaine occidentale, correspondant aujourd'hui au Maroc, l'Algérie et la Tunisie sous l'empire romain. Depuis la deuxième guerre punique contre les romains de 206 avant l'ère chrétienne, le roi maure Massinissa tente de régner sur les territoires Carthaginois (Chénier 1787; Sehim 1987). Ils ont commencé par conquérir les villes côtières en profitant de l'instabilité et l'affaiblissement des carthaginois, et ils ont contribué notamment à la victoire de la fameuse bataille de Zama (Callegarin et al. 2016; Charles et Tzu 2012).

1.2.4 La période romaine :

La destruction de Carthage par l'empire romain a permis aux romains de dominer tout le territoire Nord-Africain en s'alliant avec les Maures. Durant cette époque, le royaume était divisé en deux grandes provinces, à l'ouest la Mauritanie-Tingitane correspondant au Maroc actuel, avec Tingis (Tanger) comme capitale (Tissot 1878). A l'est la Mauritanie-césarienne, actuellement l'Algérie (Gsell 1894). Le Maroc ou la Mauritanie-Tingitane connut une ouverture économique importante aux autres marchés de méditerranée (Callegarin 2008; Callegarin et al. 2016). La cohabitation entre les différentes communautés religieuses explique notamment le haut niveau socioculturel qui a vécu cette province (Cadotte 2006).

1.3 La période islamique :

A l'époque près romaine, le Maroc était une entité appelée royaume des maures, qui va disparaître à l'époque post-romaine à l'époque musulmane. En générale le Maroc n'était pas profondément romanisé, par contre la région du nord était remarquablement touchée suite à sa position géographique, contrairement à la région du Rif qui était connue à cette époque par sa forte résistance (Lugan 2011). Le Maroc a résisté le christianisme, à cause du fort mouvement des berbères à l'intérieur du pays, Comparé à l'Algérie et la Tunisie qui ont été profondément christianisés. Ces tribus ont passé directement à l'islam sans combattre lors de l'enquête arabo-musulmane ou Andalouse. Les berbères (Kabyles) de l'Algérie n'ont pas facilement entré à l'islam, ils ont beaucoup résisté (Lugan 2011).

Le fondement du premier royaume marocain par Idriss premier, descendant du prophète Mohamed (Belhaj 2006). Fuyant les massacres et les persécutions ayant touchés sa famille, à l'issue de la bataille de Fakh près de la Mecque (786 JC), il finit par se réfugier au Maroc dans le moyen Atlas à Volubilis (Walili) ancienne cité romaine. Idriss premier va s'installer au cœur de la confédération berbère qui occupe tout le Nord du Maroc, ils vont garantir sa protection en le déclarant comme leur premier imam (Méouak 1998).

A cette époque il n'y avait pas d'arabe ethnique au Maroc, après la mort de Idriss 1 assassiné par un émissaire Abbasside, son fils métisse d'arabe et de berbère va fonder la ville de Fès en 807, et va faire venir les arabes et non pas les berbères, installés à l'Espagne pour construire le premier noyau de la population arabe ou Mekhzen (Lugan 2011). Les berbères par la suite ont accepté l'islam comme religion, mais la présence des arabes va leur déranger (Lugan 2011). Les arabes présumant que la direction du monde musulman appartient à eux et à leurs descendances, de point de vue politique les berbères refusaient le système Kalifa héréditaire, car ils considéraient que les consignes du coran sont établies sur le fait que le meilleur des musulmans doit gouverner et diriger le peuple. Les berbères étaient toujours contre le paiement des impôts, et ils ont refusé d'être traité comme des vaincus (Lugan 2011).

Les Idrissides vont être chassés par les almoravides, ce sont des nomades berbères Sanhadja originaire du Sahara de sud. Ces tribus berbères vont profiter de l'instabilité du royaume Idrisside devant les menaces et les attaques des Fatimides et les Omeyyades afin de construire leur propre royaume. Les almoravides avaient une force militaire importante, qui les poussa à développer un état impérial afin de purifier l'islam andalous, conduit par Youssef Ibn

Tachfin(Lugan 2011). Cette nouvelle dynastie a été toujours menacée par les berbères de la montagne (Nord du Maroc).

Les almohades originaire de la bourgade de Tinmel en Haut Atlas Occidental vont par la suite construire un empire Nord-africain sous la direction de leur réformateur spirituel Mahdi ibn Toumert qui, dès 1125 J.C, commence à liquider les almoravides à l'aide des berbères du Nord. Ils vont également affronter les Fatimides de l'Egypte, et repousser les arabes de l'est. Lors des reconquêtes chrétiennes, les almohades ont utilisé les arabes comme soldats à l'Espagne pour faire la guerre contre les chrétiens, à partir de là l'élément ethnique arabe a commencé à s'installer dans la zone berbère du Maroc(Lugan 2011). Des tribus berbères originaires de la région orientale Marocaine, étaient en premier temps au service des Almohades, leur chef Abdelhak Al Marini se révolte après et réussit à établir un nouveau royaume, dynastie des Mérinides, profitant de l'impuissance des Almohades. Leur règne a été marqué par le morcellement du pays en deux royaumes, celui de Marrakech et Fès(Lugan 2011).

Les mérinides ont été apparentés à une tribu berbère, qu'ils l'ont recruté comme des vizirs (Premiers ministres). Cette famille avait un rôle important dans ce pouvoir aux dépens des mérinides, et d'une manière progressive ils ont élargi leur puissance et finir par régner leur petit royaume de Fès en 1472(Belhaj 2006). Les Wattassides ont perdu par la suite le contrôle de tous leurs territoires stratégiques à cause des espagnols et des portugais, et ils ont été définitivement détruits par les Saadiens en 1554(Lugan 2011).

Les Saadiens proviennent du Dra au sud du Maroc et ils ont des origines chérifiennes. Leur objectif était de récupérer les territoires perdus et occupés par les portugais. Toute une série de succès militaires des Saadiens, leur a permis de les chasser, notamment l'éclatante victoire dans la bataille d'Oued EL Makhzen ou bataille Ksar El Kébir en 1578 (Bataille des trois rois). L'élément ethnique arabe est introduit au Maroc, les arabes ont poursuivi leurs activités bédouines. L'arabisation de la population a commencé lorsque les arabes ont intervenu dans la vie politique, à partir du moment où les dynasties berbères ont disparu, pour être remplacées par les dynasties alaouites(Lugan 2011).

La période Alaouite est une dynastie arabe appelée également dynastie des Fillaliens, originaire de Tafilalet dans le sud du pays. Ces alaouites sont une famille de chérif, ils descendent du prophète, arrivé de la péninsule arabique au Maroc. Cette dynastie est fondée lors de la période d'instabilité de la dynastie des Saadiens en 1659, durant laquelle le pays était divisé en plusieurs états indépendants. Ce qui a donné aux Alaouites les bonnes conditions pour accéder à la puissance(Lugan 2011).

Le premier fondateur était Moulay Ali Cherif, il a régné sur sa petite région en 1631, à l'aide de son frère Moulay Rachid qui est devenu sultan en 1666, il a pu dominer d'autres régions comme le Rif et Fès après sa mort, Moulay Ismail est devenu le nouveau sultan en 1672, il gouverna le pays pendant 55 ans. Le grand armé qu'il a pu composer, l'a remarquablement aidé afin de chasser les ottomans venus d'Algérie, les espagnols et les anglais. Après sa mort le pays a vécu une période d'instabilité bouleversée et caractérisée par la famine, les pestes et les révoltes montagnardes(Lugan 2011).

1.4 La période du protectorat :

1.4.1 La période précolonial :

Après la mort du deuxième sultan Moulay Ismail en 1727 qui a régné 55 ans sa dynastie, le pays donc a vécu un affaiblissement et une instabilité politique et économique(Tourneau 1966). Ces conditions ont contribué à la division du Maroc en deux, une partie soumise à l'autorité du sultan appelé Bled Makhzen, qui désigne le magasin ou et le lieu de dépôt ou stock(Hibou 2006), la deuxième partie désigne des minorités insoumises à l'autorité du sultan, nommée à l'époque « Bled Siba », ça veut dire la région des révoltes et d'insoumis(Chouvy 2008; Marfaing et Germany) 2004). Il y'avait des sultans qui ont pu récupérer la stabilité interne du pays, mais ils finissent toujours par retomber dans le désordre.Le sultan Mohamed 3 a pu régler la situation interne du pays, mais après sa mort le pays retombe de nouveau dans le désordre(Tourneau 1966). Afin de récupérer la stabilité économique du pays, le sultan Hassan I se dirige vers la politique d'endettement auprès de l'Europe(Gallissot 1976). L'accumulation des dettes, a donné l'occasion de la pénétration européenne sous prétexte du contrôle de la situation. La mort du sultan Hassan I en 1894 va accélérer l'approfondissement de la crise économique et politique marocaine et mettre le pays sous la domination des puissances coloniales franco-espagnol(Denglos 2015).

1.4.2 La période colonial :

Le Maroc été considéré par l'Europe depuis 1902 comme une zone d'influence française espagnol(Sueiro 1993). Après plusieurs négociations, la déclaration franco-britannique a officialisé l'occupation franco-espagnol du Maroc suit au traité de Fès le 30 mars 1912 (Dieste et Villanova 2013; Marchat 1971). Le Maroc est devenu un protectorat français, et en même temps, l'Espagne a conservé la zone du Rif au Nord (Marchat 1971)et la zone d'Ifni au Sud d'Agadir (Serre et Marais 1968). Après la conclusion du traité, les tribus se rallient aux militaires révolutionnaires du Mekhzen, et la résistance commence à s'accroître dans tout le Maroc. Dans de Rif Abdelkrim el khattabi a conduit la guerre contre les espagnoles (Marchat 1971), Moha ou Hamou Zayani avait résisté à l'avancée des français dans le moyen Atlas et au Sud le cheikh Maelainin et son fils Ahmed Hiba avaient dirigé les tribus Sahraoui contre l'occupation espagnole (El Alami 1996). Les femmes avaient participés également à la résistance contre les forces de colonisations à côté des grands résistants dans tout le pays (Benadada 1999).

1.4.3 L'indépendance :

Vers la fin de la deuxième guerre mondiale, le processus de l'indépendance se déclenche, par le mouvement national et par le sultan Mohamed Ben Youssef(Grandguillaume 2004).Les français avaient comme réactionla déportation du sultan à Madagascar et le remplacer par son cousin Ben Arafa en 1953(Zekri 2009). En 1956 le retour de sultan après le fameux mouvement national, et la déclaration de la fin du protectorat suite aux accords d'Aix les Bainsle 22 août 1955 et de Paris(Laubadere 1956). Le Maroc récupère par la suite la zone nordqui était sous le contrôle espagnole le 7 avril 1956(à l'exception de Ceuta et Melilla)suite à l'accord signé à Madrid entre le roi Mohamed V et le général Franco(Chanfreau 2013). Après 44 ans d'occupation, le Maroc retrouve sa liberté en aout 1957, et le sultan Mohamed V se proclame roi du Maroc.

Chapitre 2 : Structures et caractéristiques sociodémographiques de la région de nord du Maroc.

2.1 Caractéristiques géographiques et démographiques de la région :

2.1.1 Caractéristiques géographiques :

Le Nord du Maroc se distingue des autres régions du pays par ses caractéristiques historiques et géographiques. Le Nord couvre près de 35973 km, qui représente 5 pour cent du territoire total du pays, elle occupe environ 100 km de littoral atlantique et 294 km de côtes méditerranéennes (apdn 2015). Cette région se caractérise par son ouverture sur l'océan atlantique et la mer méditerranée limitée à l'est par la région de l'oriental. Elle caractérise également par un milieu géologique diversifié. La chaîne montagneuse (Rifaine) qui s'étend de Tétouan à El Hoceima, et les zones littorales marquées par des plaines, des collines et de vastes espaces forestiers.

Le climat de cette région varie selon les différentes zones géographiques, dans le Rif et l'est du moyen on trouve un climat humide, on distingue aussi des zones moyennement arrosées, notamment la zone du pré Rif. Le Sud-Est de la région du Nord se caractérise par un climat sec (apdn 2015).

2.1.2 Découpage administratif:

En 1956, au moment de l'indépendance, le Maroc hérite un territoire déjà fractionné d'une façon pragmatique par le système du protectorat. Durant cette période, le pays était divisé en deux parties, le Maroc « utile » qui représente le fort potentiel économique notamment l'agriculture et les ressources naturelles, comparé au Maroc « inutile » celui de la montagne, des tribus berbères d'Atlas et le reste du territoire. Deux notions qui traduisent « Bled Imekhzen » et « Bled siba », les deux parties du Maroc avant l'indépendance.

La notion de la région n'apparaît qu'en 1979, ce nouveau découpage divise le territoire en 7 régions (région du nord-ouest, région du centre-nord, région de l'oriental...etc). Afin de corriger le déséquilibre apparu, le Maroc passe vers une nouvelle politique de découpage qui a duré jusqu'à 2014. Parmi les nouvelles 16 régions, la région Tanger-Tétouan et la région de Taza-Hoceima-Taounate, ont représenté le Nord du Maroc. Les soucis de cohésions et d'homogénéité constituent un point faible de ce découpage qui touche directement la composante humaine. Le nouveau et actuel découpage de 2015 diminue le nombre de régions en 12 et semble applicable pour une régionalisation avancée.

2.1.3 Caractéristiques démographiques

Notre enquête concerne les régions du Nord qui selon l'ancien découpage administratif et sa position géographique nous semble assez satisfaisante et pratique pour notre étude. Selon le recensement de 2014, la population marocaine comptait 33,8 millions d'habitants (Maaroufi 2014). En général le taux de croissance a diminué et la tendance à l'urbanisation devient plus

en plus importante notamment autour des grandes villes. La région de Nord du Maroc progresse plus vite qu'avant, notamment la ville de Tanger, qui devient aujourd'hui une locomotive économique et un nouveau pôle urbain dans le pays. Elle enregistre actuellement un taux plus fort de croissance démographique 3,26%(NASSER DJAMA 2015).

On s'est intéressé aux personnes appartenant à 8 provinces et 2 préfectures, et d'après les résultats du sixième Recensement Général de la Population et de l'Habitat réalisé entre le 01 et le 20 septembre 2014, les caractéristiques démographiques de cette population sont présentées selon le tableau suivant :

Tableau 1 : Recensement Général de la Population et de l'Habitat (Maaroufi 2014)

Région, Province ou Préfecture Ensemble des deux milieux urbains et rural	Ménages	Population	Etrangers	Marocains
Province: Al Hoceima	79 326	399 654	236	399 418
Province: Chefchaouen	82 914	457 432	143	457 289
Province: Fahs-Anjra	16 823	76 447	44	76 403
Province: Larache	107 357	496 687	413	496 274
Province: Ouezzane	67 858	300 637	134	300 503
Préfecture: Tanger-Assilah	266 738	1 065 601	5 299	1 060 302
Province: Tétouan	126 969	550 374	605	549 769
Préfecture: M'Diq-Fnideq	51 139	209 897	579	209 318
Province: Guercif	40 666	216 717	75	216 642
Province: Taounate	128 719	662 246	81	662 165
Province: Taza	107 408	528 419	138	528 281

2.2 Secteurs économiques et socioculturels de la région du Nord du Maroc :

2.2.1 Situation économique de la région du Nord:

Le Nord du Maroc bénéficie d'une surface agricole utile, qui lui permet d'occuper une place importante dans l'économie régionale. Les productions végétales et les cultures industrielles constituent les principales activités agricoles de la zone. La position géographique du nord permet d'offrir également plusieurs sources de pêche maritime, les importants ports sont ceux de Tanger, Al-Hoceima, Larache et Md'iq.

Cette région se caractérise par l'existence d'importantes et modernes zones industrielles, notamment Tanger et Tanger-Med. La production au niveau de cette est bien diversifiée et importante (Textile, mécanique, aéronautique...etc.), la région de Taza-Al Hoceima –Taounat domine quant à elle le secteur agroalimentaire. Le taux croissant des activités économiques au nord attire plus de projets et plus de mains d'œuvre, ces facteurs reflètent par conséquent une croissance marquante de taux d'industrie du bâtiment.

2.2.2 Appartenance ethnique et caractéristiques linguistiques :

2.2.2.1 Les Jbalas :

Le mot « Jbala » dans l'étymologie tient son nom du pluriel de Jebli, ça veut dire montagnard qui vient de la montagne ou Jbel. Ces Jbalas sont le fruit d'une arabisation de l'espace amazigh rural, ils portaient également le nom de Ghumāra, qui est un ethnonyme récemment substitué par « Jbalas » au XVIIe siècle lors d'une réorganisation administrative à l'époque de la dynastie alaouite (Troin 1986).

La région des Jbalas correspond aux sous zones montagneuses et aux vallées intérieures du Rif, Elle s'étend de l'est de Tanger, en passant par Asilah et Larache jusqu'à Tétouan et Chefchaouen en pénétrant le sud-est jusqu'à près de Taza. La population parle un dialecte dite « arabe montagnard » un peu semblable à la Darija marocaine, influencé par le Tarifit (Rifain), (Aguadé, Cressier, et Vicente 1998).

2.2.2.2 Les Rifains :

Le terme « Rîf » désigne la « campagne » où la langue parlée est une variante des dialectes Amazighes (berbères), mais généralement au Maroc, le langage usuel désigne la campagne par « urubiya ». Le terme dans la langue littéraire est défini comme une terre fraîche ou l'on trouve de l'eau et de la culture. Ce mot désigne la coulée verte du Nil qui rompait l'uniformité du désert égyptien ça veut dire la berge du fleuve nourricier. Dans la littérature le Rif prend deux sens, celui de terre fertile et celui de bord. Il est bien clair qu'au Maroc, le rif désigne le mot « bord » (M. Hillali et M. Tamsamani 2010).

La région Rifaine est une zone de nature montagneuse et escarpée. Elle implique notamment la province de Taounate et Al Hoceima et Taza, dont on distingue la zone de hautes montagnes plissées et la zone pré-Rifaine qui se prolonge par les montagnes du Rif. Les rifains parlent le dialecte Tarifit une variété de la langue Tamazight (M. Hillali et M. Tamsamani 2010).

Chapitre 3 : Le polymorphisme génétique:

3.1 La variabilité génétique au sein des populations:

Polymorphisme vient du vocabulaire grec "poly" qui désigne plusieurs et "morphe" ça veut dire forme. Le polymorphisme est défini par Ford en 1940 comme étant l'ensemble de plusieurs caractères phénotypique observé (taille, couleur, etc.), déterminé et discontinu au sein d'une même population. Aujourd'hui la définition est devenue plus précise et large, grâce aux nouvelles techniques de la biologie moléculaire qui ont permis l'étude des différentes formes de variabilité cachées et observées non seulement au niveau phénotypique, mais également au niveau de l'ADN.

Si des individus d'une population présentent des différences ce peut être pour deux raisons. La différence entre les individus est due à la différence des milieux et de l'environnement, mais on ne peut pas confirmer ou justifier cette raison sans prendre en compte les différences dans le génome, tant qu'il y'a des interactions de ces individus différents avec les autres sous population qui ont le même mode de vie et le même habitat.

La vie et la biodiversité sont les résultats de plusieurs changements qui se créent d'une manière emphatique entre mutations et réparations. Ces changements répondent souvent au besoin d'adaptation caractérisant un tel milieu, par exemple la diversité des groupes sanguins (A, B, AB et O). On peut dire qu'un groupe est monomorphe (un seul allèle = pas de variabilité) pour un tel caractère, de la même façon ce caractère est peut être polymorphe chez un autre groupe.

3.1.1 Le déterminisme génétique:

Au sein des populations on parle de la diversité qu'en cas de présence de plusieurs formes alléliques pour un caractère donné. Cela veut dire que ce caractère est régulé par plusieurs gènes, et qu'il suffit qu'un seul de ces gènes pour conduire à une variation phénotypique, c'est ce qu'on appelle le déterminisme monogénique.

Le déterminisme monogénique fait le plus souvent l'objet d'une variation discontinue ou de telle façon que les individus peuvent être répartis en un petit nombre de catégories indépendant. Ce type de déterminisme est généralement pas mesurable et parfois mesurable, et il peut être réparti en trois catégories: les caractères biochimiques, les caractères extérieurs, les caractères pathologiques.

On parle du déterminisme polygénique lorsque la variabilité d'un caractère est contrôlée par plusieurs gènes ayant chacun un grand nombre d'allèles. Les caractères polygéniques font l'objet des mesures morphologiques comme le poids et la taille, ainsi ils expliquent la génétique quantitative qui détermine les effets des gènes impliqués, telle que la dominance, l'addition ou l'épistasie (interaction entre les gènes).

3.1.2 Le déterminisme épigénétique:

La variabilité du caractère phénotypique ne dépend d'aucune modification de séquence d'ADN en agissant sur des séquences régulatrices, elle résulte souvent des facteurs extérieurs et

environnementaux (température, nutrition, facteur physico-chimique, etc.), de cette façon l'environnement peut agir sur les phénotypes des organismes et être parfois à l'origine des pathologies. Cette variabilité peut être transmise et héritable aux générations suivantes selon la loi de l'hérédité classique monogénique de Mendel, mais seulement du côté féminin (Morgan et al. 1999). Dans un autre cas, l'hérédité de la variation épigénétique est sous l'effet direct de l'environnement et du comportement de l'individu (LE HOUÉZEC et NICOLLE 2012).

Les variations épigénétiques peuvent induire des modifications majeures au niveau de l'expression des gènes, et peuvent conduire également à des maladies qui se manifesteront plus tard au cours des générations. Le déterminisme épigénétique ne contredit pas le déterminisme génétique, cela veut dire que l'épigénome s'il est héritable devient avec le temps et selon l'intensité des conditions de l'environnement un facteur puissant dans la diversité phénotypique, qui se traduit par des variations induites directement par la génétique (Angers, Castonguay, et Massicotte 2010).

3.2 Les différents types de polymorphisme:

La méthode des empreintes génétiques a pour but d'identifier l'individu par l'étude poussée de son matériel génétique. Tous les individus qui composent l'espèce humaine sont génétiquement très proches les uns des autres mais la présence d'un grand polymorphisme dans l'information génétique crée une biodiversité, qui rend chaque être humain unique. Ce polymorphisme est la base des moyens d'identification par les empreintes génétiques, qui sont constituées par plusieurs marqueurs génétiques. Un marqueur génétique est défini par plusieurs critères :

- Sa transmission mendélienne ;
- Son caractère stable au cours de la vie d'un individu ;
- Son grand polymorphisme (présence d'un grand nombre d'allèles) ;
- Son fort taux d'hétérozygotie.

3.2.1 SNP (Single Nucleotide Polymorphisme):

Les SNP sont des variabilités ponctuelles de la séquence d'ADN. Ces variations sont très courantes dans le génome portant sur un seul nucléotide, aussi bien dans les régions codantes que dans les régions non codantes. Dans deux ADN humains pris au hasard, 99,9 % du génome est identique. Les 0,1 % restants présentent le polymorphisme ponctuel qui atteint vers 3 millions SNP, les SNP sont stables, très abondants et sont le plus souvent phénotypiquement neutres, et il faut noter que si un SNP modifie un site de restriction il génère un RFLP.

L'analyse génétique par marqueurs SNP n'a pas besoin de beaucoup d'ADN, les régions d'ADN ciblées sont de petites tailles. Cela est très important surtout dans le domaine forensique dont le matériel génétique à analyser est souvent à l'état d'une trace. Les SNP présentent un faible taux de mutations comparés aux STR, elles peuvent être analysées par des techniques à haut débit, ainsi permettent d'estimer l'origine ethnique d'individus et des populations (Pasternak 2003).

Les marqueurs SNP présentent aussi des inconvénients qui limitent leurs utilisations dans quelques analyses génétiques (Johnson et al. 2011). Il a été démontré que pour certaines analyses

données il faut utiliser 50 SNP pour avoir le même pouvoir de discrimination de 15 STR, en plus de leurs complexités pour détecter le nombre d'ADN présent dans les mélanges d'ADN suite à la nature biallélique chez la plupart des SNP.

3.2.2 ADN mitochondrial :

L'ADN mitochondrial (ADNmt) est un ADN de taille réduite. Il ne fabrique que 1% des gènes destinés pour son développement, le reste des protéines est fabriqué par l'ADN nucléaire (Wiedemann, Frazier, et Pfanner 2004)(Adam et Palmer 2003; Wiedemann et al.2004; Neupert et Hermann 2007), il a été démontré récemment que l'ADN mitochondrial présente aussi un polymorphisme de structure, et qu'il se trouve sous forme linéaire(Nosek et Tomáška 2003).

Généralement la majorité des régions de l'ADN mitochondrial sont codantes. Il évolue plus vite que l'ADN nucléaire à cause du fort taux de mutation qu'il subit. La région d'ADN non codante contient d'environ 1100 nucléotides et se caractérise par le polymorphisme de séquence, elle est appelée zone D-loop ou région contrôle (HV1, HV2). C'est une région est très variable et très résistante, d'où son utilisation pour l'analyse sur les anciennes trace et les ADN dégradés (Mansuet-Lupo, Rouger, et Van Huffel 2007), également dans les tests de paternité.

L'ADN mitochondrial est héritées uniquement de la mère et restent généralement stable et identiques d'une génération à l'autre, il n'est pas influencé par les conditions d'environnement et il subit peu de modification même après la mort du corps. Concernant le domaine forensique et criminalistique l'ADN mitochondriale est toujours présent quand l'ADN nucléaire est absent.

3.2.3 Polymorphisme de longueur ou VNTR :

Dans le génome, il existe des séquences nucléotidiques répétées en tandem. Le nombre des répétitions diffère d'un individu à l'autre d'où leur nom VNTR (Variable Number of Tandem Repeat). On distingue 2 grandes catégories de séquences répétées:

3.2.3.1 Minisatellites :

Les Minisatellite ou nombre variable de répétitions en tandem (VNTR) sont des régions qui présentent un très haut degré de polymorphisme qu'elles permettent de créer un individu spécifique et unique. L'analyse de ces séquences se fait par Southern blot ou peut être détectés par RFLP, ces techniques sont longues et laborieuses et surtout consomment beaucoup d'ADN et n'est pas applicable à des échantillons d'ADN dégradés souvent récupérées sur les lieux du crime par exemple. Afin de surmonter les problèmes des autres techniques, il est possible d'utiliser la réaction en chaîne par polymérase (PCR), Aussi, avec des amorces oligonucléotidiques mises sur les séquences de répétition, d'amplification des allèles VNTR suivie par la visualisation directe sur gels d'agarose coloré au Bromure d'Ehidium. Dans ces cas, le rendement PCR n'est pas suffisant pour la visualisation directe, le produit peut être transféré sur une membrane de nylon et hybridé avec une sonde marquée. Alternativement, le produit PCR peut être biotinylé pendant l'amplification et visualisé par chimioluminescence direct après transfert de Southern. La technique de PCR est une technique assez sensible, elle sert à détecter le polymorphisme génétique dans les racines des cheveux, les spermatozoïdes et le sang. La grande sensibilité de la PCR est considérée en même temps comme un point faible

ou inconvénient, dont elle détecte de la même façon les contaminations (Decorte et Cassiman 1991). C'est ainsi que d'autres séquences répétitives plus courtes, mieux adaptées à la PCR ont été explorées.

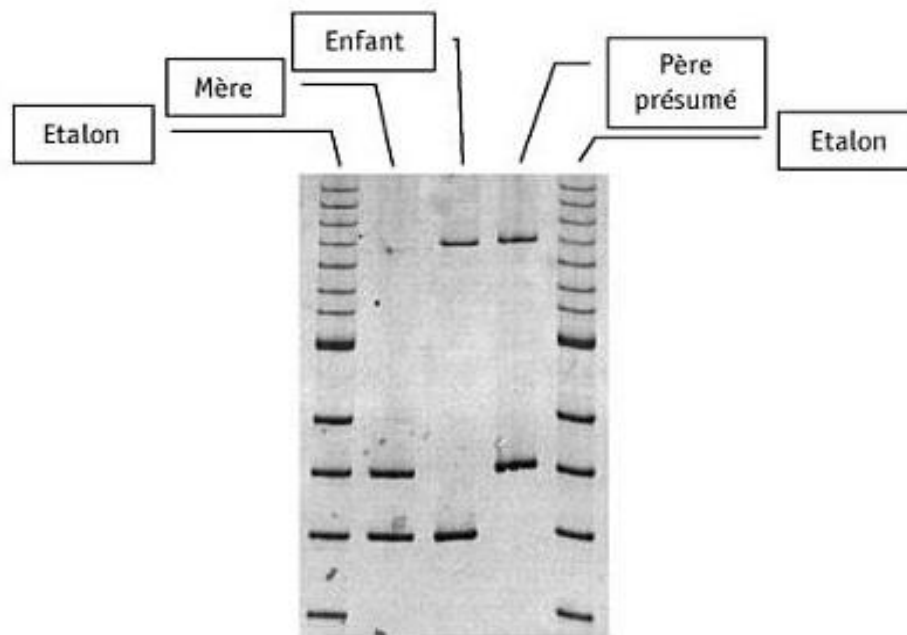


Figure 1 : Illustration des résultats d'analyse réelle d'un VNTR (Raphaël et FRANCO 2006).

3.2.3.2 Microsatellites :

Les microsatellites (short tandem repeats) sont des séquences d'ADN répétées en tandem dont l'unité de répétitions fait de une à six pb. Les microsatellites sont polymorphisme le plus souvent utilisé dans domaine justice et de police scientifique (Coquoz et al. 2013). L'analyse des microsatellites est utilisée également dans le domaine médicale, notamment chez les patients atteints de tumeurs hématologiques malignes pour évaluer la greffe, ainsi que pour le diagnostic des cancers de colon (Seshagiri et al. 2012; Taira et al. 2011).

Un profil génétique est obtenu par amplification de régions très polymorphes qui sont appelées microsatellites ou STR, constituées par la répétition, en un nombre qui varie selon les individus, d'un motif nucléotidique de base. La variabilité de nombre et de position des motifs répétés génère de nombreux allèles qui permettent de caractériser chaque individu (Dib et al. 1996).

La taille des STR ainsi que ces différentes positions de répétitions nécessite des électrophorèses particulièrement performantes pour garantir une meilleure séparation d'allèles dont la longueur ne diffère que de quelques pb. De plus, leurs polymorphismes sont faibles par rapport à celui des VNTR analysés par PCR (Coquoz et al. 2013).

3.2.3.2.1 Les caractéristiques des Microsatellites :

Les microsatellites sont des répétitions de courtes unités qui font l'objet de plusieurs analyses dans différents domaines. Plusieurs caractéristiques comme le motif et le nombre de répétitions permettent de qualifier et classer les microsatellites (Buschiazzi et Gemmell 2006;

Chambers et MacAvoy 2000; Ellegren 2004; Tautz 1993).

Les microsatellites varient entre 1 et 6 nucléotides, cela permet de les classer en motifs de n répétitions ($n=1, 2, 3, 4, 5$ et 6), par exemple on parle de mono-nucléotide quand $n=1$ et hexa-nucléotidiques quand $n=6$. Ce nombre de répétitions varie d'un individu à l'autre et au cours des générations. Il existe différents types de motifs di-nucléotidiques AC/GT, tri-nucléotidiques CAG/CTG, et tétra-nucléotidiques GATA. Ces STR sont à l'origine de plusieurs analyses et études (Webster et al. 2006; Yeramian et Buc 1999).

La taille des microsatellites change au cours des générations, que ça soit dans les régions codantes ou non codante, sous l'effet des forces évolutives y compris les mutations. Ces changements influencent les séquences répétées, ce qui permet de les classer en trois catégories différentes, séquences parfaites ou pure (CAGCAGCAG), imparfaites ou impures (CAGCAGTCAGCAGGGCAG) et juxtaposées (CAGCAGCAGTCTCTCTCTC).

On peut dire qu'une répétition, par exemple la séquence ggCTACTACTAgg (CAT)₃, constitue un polymorphisme semblable à la séquence (CAT)₆ présentée par le même motif mais avec un nombre différent. Les microsatellites se caractérisent aussi par le polymorphisme de structure, ça veut dire qu'au niveau d'un même motif les paires de bases peuvent se changer.

```

ATCGGATAGATATTTTCGATATACGTAGCAGCTTCAGCATCTAGCGCATC
ATATAATCGCA AAAG AAAG AAAG AAAG AAAG AAAG AAAG AAAG A
AAG AAAG AAAG AAAG TGC GACTCATCGATCCTAGCAGCGACTAGCA
TGCAGATCGAGCATCTATTATTACCCACGCATCACGATCGGCTACAT
TTCGGATCCACAACAGGGACTGCACGACTCGAT ACGGTAGGACTTTGA
AGC ACGGTAGGACTTTGAAGC ACGGTAGGACTTTGAAGC ACGGTAG
GACTTTGAAGC ACGGTAGGACTTTGAAGC ACGGTAGGACTTTGAAG
C ATCTAGCATCGAGAGGCTTCTAGACGGGCATCGATCGGGCATCGATC
TTCAGAGAACAAACGAGCAGCATCAGACGAGACTGATGCCCCAGCGAT
CATGAAGAGC

```

Figure 2 : Représentation d'une région de l'ADN portant deux séquences répétitives différentes. [RphaelCoquoz, Franco Taroni ; 2006]

3.2.3.2.2 Le développement des microsatellites:

L'évolution des microsatellites se déroule dans un cycle vital contrôlé par la taille selon quatre phases:

- La conception:

Jusqu'à aujourd'hui les études n'ont pas pu prouver l'origine des microsatellites. L'évolution des STR à partir d'une matrice minimale est devenu un sujet de débat, certains proposent que les microsatellites proviennent de ce qu'on appelle les néo-proto-microsatellites, c'est une séquence initiale qui apparaît d'une manière spontanée sous l'influence de plusieurs facteurs.

Les différents types de mutation y compris la substitution (Messier, Li, et Stewart 1996) d'une base par une autre, les délétions ou bien les insertions (ZHU, STRASSMANN, et QUELLER 2000) sont considérés comme des responsables à l'apparition de la matrice minimale. Les séquences anonymes et les crossing-over peuvent être aussi regardés comme une initiation à la genèse de ces néo-proto-microsatellites qui sont considérés comme les précurseurs des STR. D'autres études proposent que la matrice minimale puisse provenir aussi des néo-microsatellites importés via un élément transposable ou ce qu'on appelle les proto-microsatellites.

- La naissance:

Cette étape désigne le passage de la matrice initiale aux microsatellites polymorphes. La naissance des microsatellites commence après la stabilité de l'unité minimale répétée, cette unité subit des changements de taille due aux facteurs de croissance qui n'agissent qu'à partir d'une répétition bien définie. La transition de la séquence minimale d'une étape à l'autre explique l'apparition du polymorphisme (Buschiazzi et Gemmell 2006).

- La croissance:

C'est la phase de la maturité des microsatellites, caractérisée par le maintien d'un polymorphisme pendant plusieurs générations. Plusieurs facteurs expliquent le développement et la variation des microsatellites, exemple des mutations, qui sont à l'origine des changements de taille, la recombinaison et les échanges entre chromosomes ou parties d'ADN causent des variations de taille ainsi que des gains ou des pertes d'unités répétées. Les erreurs de la polymérisation forment des boucles, et à cause des mésappariements et ré-appariements le système de réparation peut donner comme correction une contraction ou expansion d'une séquence répétée (Tautz et Schlötterer 1994).

- La sénescence:

La sénescence des microsatellites désigne la disparition d'une séquence ou le redémarrage d'un cycle. Plus la longueur des microsatellites est importante plus ils sont sensibles aux mésappariements, car le système de réparation devient incapable de corriger les erreurs dans les zones qui se caractérisent par un nombre élevé de répétitions. En générale la longueur des microsatellites ne dépasse pas 100 bases (Schlötterer 2004), cette longueur est contrôlée par des mécanismes tels que les mutations et la sélection naturelle qui peuvent entraîner des contractions ou expansion des longues séquences, ainsi l'apparition des séquences

anonymes issues de l'interruption des microsatellites.

3.2.3.2.3 L'instabilité des microsatellites:

L'instabilité des microsatellites est influencée par plusieurs facteurs, la longueur de la séquence répétée, la composition, la pureté, le nombre de répétitions et le taux de transcription. Tous ces facteurs peuvent générer des additions, délétions et interruptions qui entraînent l'augmentation ou le raccourcissement de la séquence, et engendre comme résultat des menaces contre la stabilité du génome (Strauss 1999; Umar et Kunkel 1996).

Plus la séquence répétée est longue plus elle est stable (Boyer et al. 2002; Sia et al. 1997), le changement de taille influence l'expression et le fonctionnement des gènes ce qui peut engendrer des effets néfastes sur la santé de l'homme. L'instabilité des microsatellites est parmi les causes majeures du cancer du côlon (Lamoril, Deybach, et Bouizegarène 2006) ainsi que la maladie de Huntington (Nasir et al. 1998; Sia et al. 1997).

La forte activité transcriptionnelle déstabilise l'unité répétée en limitant ou inhibant l'interaction de l'ADN ainsi en générant des enroulements au niveau du chromosome. Dans le cas de défaillance du système de réparation, les erreurs non corrigées se traduisant le plus souvent par un nombre de répétition des nucléotides instable (soit plus élevé soit plus faible par rapport à la séquence originale du microsatellite considéré).

3.2.3.2.4 Avantages de l'intégration des microsatellites marqueurs dans le domaine d'analyse génétique :

Les microsatellites sont considérés comme de bons marqueurs permettant l'analyse génétique de l'ADN dans différents domaines (recherche scientifique, secteur médical, forensique...). Les STR sont des séquences multi-alléliques dispersées sur tout le génome, reproductibles d'une expérience à l'autre et surtout économiques et manipulables à grande échelle.

Les microsatellites offrent d'autres avantages :

- La variabilité : La nature polymorphe des STR leur permet d'être variable entre individus pour pouvoir aisément les différencier.

- La discrimination : L'abondance de séquences répétées aide à analyser le profil génétique d'une manière plus précise.

- La co-dominance : Pour pouvoir distinguer les hétérozygotes des homozygotes.

- La stabilité : Invariable quel que soit le stade du développement.

- La simplicité : Être facilement observable, sans ambiguïté envisageable et un caractère mendélien à simple hérédité.

Chapitre 4 : Génétique des populations humaines:

4.1 Mesure de la variabilité génétique au sein des populations humaines:

Afin de mesurer la variabilité génétique inter-populationnel et intra-populationnel, la génétique des populations explique les changements observés dans le temps et l'espace tout en analysant les forces évolutives impliquées. Les gènes présents au sein des génomes d'individus ou des groupes, peuvent évoluer et se modifier sous l'effet des forces évolutives imprévisible (recombinaison, mutation,...) ou bien sous l'effet d'autres systémiques (sélection naturelle, migration, dérive...).

Selon le mathématicien anglais G.H.Hardy, et le physiologiste allemand W. Weinberg ont formulé en 1908 leur propre modèle Hardy-Weinberg, qui décrit la population comme un ensemble d'individus d'effectif non limité, non soumis aux mutations, ni à la sélection, et que les unions s'effectuent au hasard. Par conséquent, la population devient incapable d'évoluer et de se diversifier, tant que les fréquences géniques et génotypiques ne se modifient pas au cours des générations. On dit dans ce cas que la population a atteint un état d'équilibre de Hardy-Weinberg (Hartl, Clark, et Clark 1997).

4.1.1 Les forces évolutives:

Les forces évolutives sont des facteurs qui rend la population en déséquilibre de Hardy-Weinberg, et qui sont les responsables de la diversification phénotypique et génotypique de l'espèce Humain, ainsi ils sont les distributeurs principaux de la variation génétique dans les populations(Otto et Lenormand 2002).C'est le phénomène de spéciation qui ne se produit pas à l'échelle de la vie humaine mais sur des centaines de milliers d'années.

On a tous la même célèbre molécule d'ADN, sauf que chacun de nous possède son propre programme génétique différent de ceux des autres, et cela rend l'individu unique à l'exception des vrais jumeaux. Ces différences dans l'ADN sont générées par les mutations, transmises par la migration chez les autres populations sans négliger la dérive et la sélection, les deux facteurs responsables de la variation des fréquences alléliques au cours des générations(Otto et Lenormand 2002).

4.1.1.1 Les mutations:

Les variations génétiques sont dues à des modifications au niveau des séquences des gènes, qui donne à ce qu'on appelle les allèles. Les mutations sont généralement dues à des erreurs de réplication de l'ADN, ces mutations surviennent de manière aléatoire. La fréquence est très faible (10^{-7} nucléotide), elle peut être induites sous l'effet de certains agents extérieurs ou mutagènes (Rayons X, UV, virus...), ou bien résultat d'erreurs de réplication.

L'effet de la mutation dépend de sa position dans le génome, sa fréquence est liée, d'une part à la dimension du gène (plus il renferme de régions codantes et plus la probabilité de mutation est élevée), d'autre part à l'existence dans le gène de séquences fortement mutagènes ou "points

chauds", on peut avoir de nouveaux caractères qualitatives, et d'effets phénotypiques, et on peut ne pas les avoir. On peut dire qu'entre les mutations neutres qui ne donnent aucun effet et les mutations létales qui causent la mort, il existe de différents types qui n'ont pas les mêmes conséquences phénotypiques.

4.1.1.1.1 Les mutations ponctuelles:

Les mutations ponctuelles ne concernent qu'un nucléotide ou d'un faible nombre de nucléotides, qui créent de nouveaux allèles avec de profonds changements. Il faut distinguer:

- **les insertions:** addition d'une ou plusieurs nucléotides dans une portion codante de l'ADN, cela donne par conséquence un décalage de lecture et conduit à une protéine anormale.
- **les délétions:** perte d'un ou plusieurs bases nucléotidiques, qui ont les mêmes effets que les insertions.
- **les substitutions:** changement d'une base par une autre, qui peut être des transitions (purine remplacé par une purine A-G ou pyrimidine par une pyrimidine T-C) ou plus rarement des transversions (Pyrimidine remplacé par une purine ou l'inverse exemple G-T).

4.1.1.1.2 Les mutations chromosomiques:

Ce sont des modifications à l'échelle du chromosome. Ces changements touchent un fragment chromosomique qui correspondent à un ou plusieurs gènes fonctionnelles ou non, dont les résultats sont souvent défavorables. On peut distinguer:

- **les délétions:** les délétions consistent en une disparition d'une proportion chromosomique, ils résultent d'une ou deux cassures au niveau du chromosome. Ces délétions surviennent le plus souvent de novo, elles sont généralement létales.
- **les duplications:** la duplication consiste en une augmentation de nombre de copies de gènes qui concernent un segment chromosomique, cela permet l'apparition d'un nouveau gène à partir d'un autre sans perte du gène initiale.
- **les inversions:** les inversions consistent en un changement de l'orientation du chromosome, avec modification de l'ordre des gènes. Le retournement peut toucher le centromère (inversion péricentrique), ou ne pas le toucher (inversion paracentrique), cette mutation est non létale, car il n'y a ni perte ni gain de matériel génétique.
- **Les translocations:** les translocations consistent en un échange de fragments entre les chromosomes, dans ce cas il n'y a ni perte ni gain qualitative du

matériel génétique, c'est une translocation appelée équilibré. Les translocations surviennent pendant la formation des spermatozoïdes et d'ovules, ou lors de la conception de l'embryon, lorsque la personne qui porte la translocation va avoir un enfant, ce dernier peut hériter ce qu'on appelle une translocation déséquilibré, or les résultats sont généralement très défavorables.

4.1.1.1.3 Mutation du nombre de chromosomes:

Ce type de mutations affectent le nombre de chromosomes et non pas la structure, les plus fréquentes sont les aneuploïdies c'est à dire perte ou ajout d'un ou plusieurs chromosomes (exemple de la trisomie $2N+1$). Les polyploïdies désignent une modification du nombre de lots haploïdes entiers (Diploïde = $2N$ à tétraploïde = $4N$).

4.1.1.2 La sélection:

Selon la fameuse théorie de Charles Darwin, l'évolution de l'espèce dépend de la capacité à survivre et à se reproduire, ainsi à transmettre ces caractéristiques phénotypiques et génotypiques d'une génération à la suivante sous l'influence des conditions environnementales.

La sélection augmente la fréquence des allèles qui favorisent la survie et la reproduction, de manière à avoir une meilleure adaptation à l'environnement dans le temps et dans l'espace. On distingue 3 types de sélection naturelle:

- **La sélection directionnelle:** elle sélectionne une seule phénotype dans la population. Par exemple concernant la prédation, les prédateurs vont sélectionner dans une population les proies qui courent à haute vitesse.
- **la sélection stabilisatrice ou conservatrice:** elle sélectionne les phénotypes moyens ou intermédiaires dans la population. Par exemple la sélection s'intéresse à la taille d'une fleur élimine les tailles emphatiques et sélectionne une taille dans la moyenne de celle des insectes pollinisateurs qui la visitent.
- **la sélection divergente:** elle sélectionne simultanément des phénotypes divergents dans la population. Par exemple une incommodité dans l'obtention des ressources alimentaire pourrait favoriser les individus de grande taille qui peuvent battre leurs compétiteurs pour posséder les ressources, et également favoriser les individus de petite taille qui ont besoin de moins de ressources alimentaires pour procréer.

4.1.1.3 Dérive génétique:

Les différents allèles d'un gène n'apparaissent pas à la fois, mais cela dure au fil de temps et des générations afin d'atteindre à ce qu'on appelle l'évolution. Ces allèles peuvent donner des

résultats positifs ou négatifs aux individus qui les portent. Leurs fréquences vont donc changer durant l'évolution.

Indépendamment des mutations, de la sélection naturelle et des migrations, la dérive génétique concerne l'évolution au sein d'une population dont il est impossible de prévoir la fréquence des allèles ou des génotypes d'un gène. Ce paramètre concerne surtout les allèles neutres, qui ne confère ni gain ni perte sélective.

La dérive génétique dépend forcément de la taille de la population. Dans les grandes populations les variations génétiques observées d'une génération à l'autre n'ont pas d'effets significatifs sur la fréquence des gènes. Par contre au sein des petites populations, l'effet de la dérive génétique est plus important, car les écarts observés au fil des générations sont généralement plus stable et accessible. Alors on peut dire que plus que la taille de la population est faible plus que la dérive est rapide.

Chaque individu ne transmet à son descendant qu'un seul des deux allèles de chacun de ses gènes hérité de ses deux parents. Pour qu'il puisse transmettre à coup sûr les allèles, il faudrait que son nombre de descendants tende vers l'infini.

Au sein des populations, il est possible que certains allèles ne soient pas transmis d'une génération à l'autre, en tenant compte le fait que certaines personnes n'auront pas de descendance. Ces variations peuvent aller jusqu'à la disparition de certains allèles ce qui a pour conséquence directe la diminution du nombre d'allèles du gène dans la population.

4.1.1.4 La migration:

La migration est une force plus intense que la mutation, elle contribue à la dispersion et des fréquences alléliques entre les populations. Le déplacement des individus en groupe ou solitaire influence la distribution spéciale du polymorphisme, de plus il peut y avoir un effet d'hétérosis, qui conduit à un hybride issu d'individus de deux populations différentes. La migration intervient également dans des mécanismes de spéciation lorsque des individus issus de la même population vont se séparer et se déplacer vers d'autres nouveaux et différents milieux.

4.1.1.5 La dérive génétique et l'effet fondateur:

Lorsque une population se détache d'une population mère de taille très vaste pour migrer par exemple vers un nouveau milieu, la population fondatrice va ramener avec elle et d'une façon aléatoire toute une panoplie d'allèles qui appartiennent à la population initiale. Dans ce cas-là les générations suivantes vont avoir des fréquences alléliques totalement différentes de celles de la population mère, c'est ce qu'on appelle l'effet fondateur.

Les nouvelles conditions du milieu ainsi que les forces évolutives, vont agir ensemble afin de contribuer à l'évolution de cette nouvelle population. Au sein de ces populations fondatrices la consanguinité intervient d'une manière très brève sur les fréquences alléliques des gènes, car tous les individus d'une famille consanguine ont le même ancêtre commun et ont de fortes

chances de recevoir les mêmes allèles. La consanguinité augment aussi la possibilité de la dispersion et l'amplification des allèles délétères dans cette population fondatrice, cela va donner naissance à un nombre énorme d'individus porteurs de deux copies d'allèles délétères.

4.2 Structures génétiques des populations humaines:

4.2.1 L'endogamie :

L'endogamie est l'un des types de mariages qui consiste à choisir le conjoint à l'intérieur du même groupe pris en compte en tant que priorité pour l'individu. Ce type d'union est fortement influencée par des conditions ethnographiques, socioéconomiques, et géographiques (Relethford et Mielke 1994a). On dit qu'il y'a une endogamie quand il existe des alliances préférentiels dans la population, autrement dit, quand il y'a ressemblance que ça soit le critère entre deux individus, la possibilité qu'ils s'unissaient devient plus forte, contrairement à l'exogamie qui est une forme de mariage imposant de sélectionner son conjoint à l'extérieur de son groupe et de lignage. L'exogamie accepte la différence et considère le mariage comme une union d'échange entre différents groupes. Mais on ne pas juger l'exogamie comme absolu, car même la liberté qu'elle engage est conditionnelle, toute attirance libre et spontanée entre deux individus est influencé et orienté inconsciemment dès l'enfance ou l'adolescence par certaines conditions (Caselli, Vallin, et Wunsch 2002).

La mesure de l'endogamie donne une estimation sur l'ouverture ou la fermeture des populations. On ne peut pas dire qu'une population est strictement isolée, sauf si l'endogamie persiste depuis des générations. Cela dépend également de plusieurs conditions anthropologiques qui participent à l'augmentation ou à la diminution du degré de fermeture des populations. La migration est considéré depuis toujours comme un facteur important dans la diminution de l'endogamie et dans l'ouverture aux autres populations, ainsi que dans l'accroissement des génotypes hétérozygotes. La période coloniale, postindépendance et les guerres ont favorisés la migration massive de différents groupes de populations. Dans ce cas-là, l'émigration est devenu un mécanisme qui renforce l'endogamie et mène à la formation d'isolats coexistant et cohabitant le même milieu, mais en même temps séparé sous l'influence de leurs propres conditions de vie. Ces migrants vont finir par choisir de se marier entre eux (Sutter 1968a), ou bien avec des individus appartenant à des milieux proches à leurs pays d'origine côté coutumes, religions et langue, qu'avec les personnes du pays d'accueil.

Le phénomène de l'endogamie présente un risque sur la stabilité des fréquences géniques ainsi que des fréquences génotypiques (Burchard et al. 2003).

4.2.1.1 L'endogamie socio-culturelle :

Une étude faite sur la population de Fouta-djallon en guinée a montré que les habitudes culturelles avaient un impact sur le choix de conjoint qui a donné comme conséquence la formation d'isolats (Cantrelle et Dupire 1964); Ces sous-populations sont séparées entre eux par des limites théoriques qui forcent les individus à contracter des unions entre semblables afin de maintenir l'appartenance et la ressemblance. Ces limites infranchissables étaient des règles imposées par les ancêtres dans des conditions de temps et d'espace différentes, mais au fil des

générations ces anciennes règles sont devenues une tradition caractérisant chaque sous-population.

Le niveau social détermine également l'intensité de l'endogamie au sein des populations. Selon une étude effectuée sur 3 villages en Russie, concernant le système d'alliances sur la période précédant l'abolition de servage, le mariage des paysans avec une personne hors le village était réglementé par le propriétaire des serfs (Avdeev et al. 2004). Cela veut dire que les différences sociales définissaient à l'époque sévèrement le choix du conjoint.

Il se peut que Les facteurs influençant le choix du conjoint changent, mais parfois l'individu hérite indirectement le comportement et se trouve permissif et prisonnier des anciennes traditions et coutumes de ces ancêtres, exemple d'une étude entamée sur un village après l'abolition du servage ou les filles continuaient à vouloir s'unir avec des hommes de leur village (Berelowitch 1981).

Le niveau d'instruction et socio-professionnelle influence également le choix de conjoint. Plusieurs études au Maroc sur différentes populations ont montrés que la majorité des individus ont tendance à contracter des mariages avec personnes ayant le même niveau d'études (Abdellatif Baali et al. 2005; Berelowitch 1981; Hami, Soulaymani, et Mokhtari 2006; Latifi et al. 2004a; Sbii et al. 2011; Talbi et al. 2006a). D'autres études ont été faites sur différents pays du monde ont soulignées une large hétérogamie de point de vue professionnelle entre les femmes et leurs maris (Abdellatif Baali et al. 2005; Blackwell 1998; Forsé et Chauvel 1995; Hou et Myles 2007; Kalmijn 1991; Vanderschelden 2006).

4.2.1.2 L'endogamie ethnico-religieuse :

Plusieurs facteurs contribuent au maintien de l'endogamie religieuse et ethnique au sein des populations. La nature du système politique et la présence des barrières légales déposés et appliqués par les autorités religieuses, interviennent fortement dans le mariage, divorce, filiation et héritage, cela limite ou interdit les alliances combinées et rend toute forme de mixité religieuse plus compliquée (Nasr 1979).

Une étude sur le comportement matrimonial caractérisant la population de Beyrouth au Liban, indique un renforcement de l'endogamie religieuse et communautaire. Seulement 2,7 % des mariages sont mixtes (entre sunnite et non-musulmans), tandis que la majorité concerne les mariages homogames (Khlat et al. 1986). Une autre étude effectuée sur des immigrés indo-pakistanaïens en Etats-Unis a montré que l'endogamie religieuse est caractérisée fortement par la classe et la caste, est strictement recommandée au sein de la première génération. La génération des jeunes ne s'oppose pas à l'idée des mariages endogames et arrangés (Mohammad-Arif 2010).

Afin de déterminer les facteurs influençant le choix conjugal, Une étude entamée sur des français descendants d'immigrés maghrébines, a montré que la pratique matrimoniale s'éloigne progressivement du lignage, et que la ressemblance de l'origine ethnico-religieuse semble être une préférence (Santelli et Collet 2011). L'endogamie ethnique est considérée aussi comme un critère assez dominant dans le choix de conjoint au sein de la population de Fritissa dans l'Est

du Maroc. Ce comportement paraît moins intense dans les milieux dont le niveau d'instruction est plus important (Latifi et al. 2010).

4.2.1.3 L'endogamie géographique :

L'isolement d'une population implique souvent son isolement de point de vue géographique. Cela est à l'origine d'une rupture ou d'une discontinuité physique (Peuziat et al. 2012), qui peut être un obstacle naturel tel qu'une montagne, climat dure ou une étendue d'eau. Ces facteurs sont liés à des manques d'infrastructures, de moyens de transports, ainsi que des moyens de télécommunications. Cette inaccessibilité se traduit par difficultés à s'intégrer aux flux économiques et de s'insérer dans de nouvelles activités sociales (Brigand 2002; Chouvy 2003; Klaus et Stephen 2003).

Aujourd'hui, dans un monde hyper connecté et développé, et devant des modèles de sociétés mondialisées et libres, on peut dire qu'il est devenu rare de trouver une population isolée parfaitement. Si on considère qu'au moins un membre de ces isolats peut franchir ces barrières et découvrir l'autre monde, la probabilité qu'il apporte de nouvelles idées et habitudes devient plus forte. Chaque population et sous population a sa propre culture, et même si les conditions géographique changent et devient moins dure, les habitudes restent peu changées voire stables.

Plusieurs études ont confirmés que l'endogamie géographique renforce l'immobilité sociale, et pour ce type de mariage les individus ont une forte tendance à choisir leurs conjoints selon le même origine et le même lieu de naissance (Hami, Soulaymani, et Mokhtari 2007; Sbii 2008). Ce type de mariage conduit à la formation d'isolats et à la fermeture des milieux (Rabino-Massa, Prost, et Boetsch 2005). Ce comportement influence directement la structure génétique et l'évolution du patrimoine héréditaire des populations. Ce qui donne naissance à une population génétiquement pauvre et semblable, et par conséquence, le taux de la consanguinité devient de plus en plus élevé (Jakobi et Jacquard 1971; Rabino-Massa, Prost, et Boetsch 2005; Rajab et Patton 2000; Sutter 1968b).

4.2.2 La consanguinité :

La consanguinité provient du terme latin « cumus sanguins », elle désigne le partage du sang ou autrement dit l'union entre individus de la même famille. La consanguinité est une forme d'endogamie familiale, elle est définie comme étant l'existence d'un lien de parenté entre deux individus issus d'une lignée directe (grand-père, père, fils, petit fils) ou d'une lignée collatérale : frère, cousin, oncle, neveu (M'rad et Chalbi 2004). Il faut bien distinguer la parenté et la consanguinité. Lorsqu'il y'a un ou plusieurs ancêtre communs on parle d'individus apparentés, et on parle d'individu consanguin lorsque l'individu est issu du croisement de deux individus apparentés. Les différents types d'unions consanguines sont maintenus ou éliminés sous la pression des facteurs majeurs (culture, l'histoire et la religion...) qui caractérisent les sociétés du monde.

En générale, dans les populations, les unions se font en général soit entre individus semblables (Blackwell 1998; Kalmijn 1998), soit d'une manière aléatoire (Roberts 1976), une forme

d'hasard qui fait en réalité intervenir des variables sélectives d'ordre psychologique (Girard 1964). Le mariage consanguin est une forme d'unions assez pratiquée dans les sociétés arabes et dont l'endogamie joue un rôle majeur (Teebi 2010). Dans certaines sociétés l'endogamie avec tous ces types devient intense et se dirige vers une endogamie familiale (Dronamraju 1964), afin de préserver les biens, et de renforcer les relations familiales (Bou-Assy, Dumont, et Saillant 2003). Tous ces facteurs emprisonnent et appauvrissent le pool génétique des populations. Dans les sociétés arabes, toutes les catégories de cousins s'épousent entre elles (Conte 1987), ce type de mariage est d'origine pré-islamique couramment pratiqué dans les zones rurales afin d'éviter les conflits et préserver l'héritage familial (Chelhod 1965). Une étude faite sur deux villages au Liban, a montré que ce type de mariage est plus contracté car il garantit la sécurité affective et matérielle des conjoints (Bou-Assy, Dumont, et Saillant 2003).

Par conséquent ce comportement contribue à l'appauvrissement du patrimoine génétique (Chaventré 1983; Talbi et al. 2007a) et à l'augmentation de degrés d'homogénéité au sein des populations (Sutter et Tabah 1952), contribuant ainsi à la différenciation de celle-ci.

Les différents types d'unions consanguines sont maintenus ou éliminés sous la pression des facteurs majeurs (culture, l'histoire et la religion...) qui caractérisent les sociétés du monde. Chez la société arabe, les chefs des familles (grands père et père), obligent ou encouragent les unions au sein de la même famille (notamment entre les cousins), dans l'objectif de préserver les biens et contourner les conflits familiaux d'héritage (agnat). Les mariages incestueux entre frères et sœurs, oncles et nièces, et aussi père et filles, sont interdits dans ces sociétés par la loi et la religion. L'apparition de l'islam avait régulé le système d'alliances endogames, en interdisant les formes d'incestes les plus extrêmes.

Le développement d'infrastructure, des moyens de transport, et de moyens de télécommunication influencent fortement le degré de la consanguinité, en atténuant les frontières, élargissant ainsi le champ de choix du conjoint.

4.2.2.1 L'état de la consanguinité dans le monde arabe :

Chez la société arabe, les chefs des familles (grands père et père), obligent ou encouragent les unions au sein de la même famille (notamment entre les cousins), dans l'objectif de préserver les biens et contourner les conflits familiaux d'héritage (agnat). Les mariages incestueux entre frères et sœurs, oncles et nièces, et aussi père et filles, sont interdits dans ces sociétés par la loi et la religion. Plusieurs études ont été menées sur la consanguinité dans différents pays de mondes. Les pays arabes sont connus par un niveau remarquablement élevé par rapport à l'Europe et aux Etats unis. En premier, les niveaux de consanguinité les plus élevés sont enregistré au niveau des pays de Golf, 64,3% au Kuwait (Radovanovic, Shah, et Behbehani 1999), et 50,5% en Arabie Saoudite (Al-Gazali et al. 1997). Par ailleurs les pourcentages respectivement de 22,8% (Mohamed 1995), 42% (Barbour et Salameh 2009) et 39,8% (Othman et Saadat 2009), ont été relevés chez les pays du levant (Egypte, Liban et Syrie). Des chiffres similaires ont été dénotés lors des études réalisées sur les pays Nord africains avec 47,2% en Mauritanie (Hammami et al. 2005) et 32,71% en Tunisie (M'rad et Chalbi 2004).

4.2.2.2 L'état de la consanguinité dans le Maroc :

Des études générales sur la consanguinité au sein de la population Marocaine effectuées sur des périodes différents, ont rapporté des pourcentages de consanguinité oscillant entre 19% et 23% (A. Baali 1994; Lamdouar Bouazzaoui et al. 1994; Talbi et al. 2007b). D'autres études sur différentes régions du pays ont données des taux moyennement inquiétants de la consanguinité. Un pourcentage de 39% a été avancé par une étude faite sur la population de Tanger-Tetouan (Hardouz et al. 2017), supérieur à celui enregistré chez la population de Fritissa du Moyen Atlas (30.32%) (Latifi et al. 2004b).

L'étude faite sur la population de Doukkala a souligné un pourcentage qui atteint 26% (Talbi et al. 2008), un chiffre qui avoisine celui dénoté lors d'une étude entamé par Attazagharti en 2002 dans la région du Gharb du Maroc (24,8%). Néanmoins le pourcentage de consanguinité enregistré dans le nord du Maroc est plus élevé par rapport à celui dénoté sur la population de gharb 20,06% (Attazagharti et al. 2006; Hami et al. 2005).

4.2.3 L'effet de la consanguinité sur la santé publique :

On ne pas dire que chaque couple consanguin présente obligatoirement un risque de transmettre une maladie génétique à leurs enfants. Les maladies génétiques liées à un gène défectueux, ne s'exprime que si ce gène est présent en double, ça veut dire qu'il existe chez les deux parents, et qu'une copie vient du père et l'autre de la mère.

Pour que ce gène soit présent chez les deux parents, il faut qu'il soit chez la majorité des membres de la famille des deux parents. On ne peut trouver ces cas, que dans les familles dont les mariages entre cousins sont très répandu. Leurs descendance sont un risque très élevé de recevoir ce gène défectueux en deux copies et d'exprimer une certaine maladie, ou parfois recevoir un gène létal qui empêche leurs naissances.

Plusieurs études ont déclaré qu'il devrait déclencher un signal d'alarme, car il s'agit bien de la santé publique. Les couples issus de mariages consanguins ont souvent des problèmes de fécondité et de fertilité. Des chiffres importants ont été dénotés dans plusieurs recherches, confirment que les couples consanguins ont une fécondité significativement élevé comparé à ceux non consanguins. Des études ont supposés que la consanguinité peut conduire à une compatibilité fœto-maternelle (Khlat et al. 1986), et réduit les problèmes de rhésus qui sont à l'origine des fausses couches et la mortalité périnatale (LUNA et al. 2001).

Ces mariages sont également considérés comme de grands responsables à des taux importants de mortalité infantile et périnatale (A. Baali 1994; Bittles et al. 1991; Talbi et al. 2008), suite à l'augmentation de l'homozygotie pour les gènes récessifs létaux. Cela est très fréquent chez les couples consanguins du premier degré que chez ceux du second degré (Hussain 1998). Ce comportement a un impact sur l'avortement spontané (Bener 2001; Mokhtar et Abdel-Fattah 2001; MORTAD 2013). Lorsque ce comportement continue à se répéter durant les générations, et la population devient fortement consanguine (Khlat et al. 1986), le taux de l'homozygotie devient plus important, par conséquence, l'apparition de divers problèmes qui perturbent le développement du fœtus et augmentent le risque d'avortement.

Pourtant, d'autres études considèrent que la consanguinité n'est pas un facteur de risque et n'affecte pas forcément la période de grossesse(H. Hamamy, Al-Bayat, et Al-Qubaisy 1986; Khlat 1988; Khoury et Massad 2000; Tadmouri et al. 2009)et que les gènes létaux peuvent se disparaître progressivement suite à une forme d'adaptation à cette consanguinité qui se produit au cours des générations(Ritter et al. 2001).

Une étude faite par Landry Thérèse (1997) sur la trisomie 21, a montré qu'il n'y'a pas de différence significative entre les groupes consanguins et non consanguins(Landry 1997), mais cette malformation congénitale, s'aggrave dans les lignées hyper consanguines ont créant des cardiopathies congénitales accompagnés d'une hypertension artérielle pulmonaire grave (Khouri et al. 2004). La consanguinité semble avoir également un effet sur l'état psychique et mental de la descendance, en augmentant la fréquence de la schizophrénie et les troubles bipolaires chez les enfants des couples consanguines(Abaskuliev et Skoblo 1975; Dahdouh-Guermouche et al. 2013; Dobrusin et al. 2009; Rudan et al. 2003).

4.2.3.1 La consanguinité et ses conséquences au sein des anciennes familles royales :

La consanguinité est un comportement très ancien, elle était présente fortement dans les sociétés puissantes et les familles nobles. Les photos de familles nobles les plus célèbres peuvent donner une idée claire sur l'existence de ces types de mariages tout en observant les mêmes portraits qui se répètent d'une génération à l'autre. Exemple de la famille Habsbourg, elle était l'une des familles les plus prestigieuses dans l'Europe. Afin de maintenir leur dynastie, les Habsbourg avaient comme politique matrimonial de se marier entre eux et avec les membres proches de leurs familles. Le degré de la consanguinité a augmenté au fil des générations, cela a conduit à un grand nombre de maladies et de décès prématurés dans la famille.

Le dernier roi de cette famille, le roi Charles II, était une victime des dérèglements génétique, il était faible physiquement et mentalement dès sa naissance. Il avait beaucoup de problèmes de santé en plus de sa stérilité, qui a conduit à l'extinction de la dynastie, suite à sa mort à l'âge de 39 ans.

La famille royale pharaon égyptienne, avait l'habitude à contracter des mariages au sein de la même famille. Le cas très connu de Toutankhamon qui est le fruit d'union consanguine entre frère et sœur. Cet inceste royal est expliqué par la mythologie et la religion, dont les dieux égyptiens doivent se marier entre frères et sœurs, afin de préserver la pureté de leur lignée. Et sans surprise ces dieux ont beaucoup souffert de cette consanguinité. Toutankhamon avait un pied bot, drépanocytose, scoliose, mâchoire déformé, palais fondu et d'autres maladies d'origine génétique et héréditaire.

Victoria, la reine du Royaume-Uni de grande Bretagne et d'Irlande, surnommée « grand-mère de l'Europe », car elle a organisé la majorité des mariages entre membres de diverses grandes familles royales. La reine était porteuse du gène provoquant l'hémophilie, qu'elle a transmis au tous les hommes de la famille royale européenne.

Chapitre 5 : La génétique des populations humaines au service des sciences forensique :

5.1 Introduction :

La science forensique désigne l'ensemble de principes scientifiques et de méthodes techniques utilisées à l'investigation judiciaire et criminelle. Les analyses génétiques ne sont pas seulement utilisées pour établir un diagnostic médical, elles sont également utilisées dans le cadre forensique et criminelle.

Plusieurs découvertes scientifiques ainsi que l'évolution des moyens informatiques et micro-électroniques ont contribué à l'apparition des sciences forensiques. La découverte des groupes sanguins ABO et rhésus chez l'homme ont beaucoup aidé à la résolution des crimes et la réalisation des analyses (Kantha 1995), ainsi que les méthodes sérologiques et d'électrophorèse de protéines (Harris et Hopkinson 1976). Entre 1970 et 1985 les empreintes génétiques ont commencé à apparaître et ils ont participé d'une manière précise dans l'identification des personnes. La nouvelle méthode d'analyse ne porte pas seulement sur les gènes, ou les traits de caractère, mais surtout sur les séquences nucléotidiques. Afin de d'identifier et rechercher la paternité, le chercheur Alec Jeffreys a pu découvrir en 1985 les séquences répétées (Jeffreys, Wilson, et Thein 1985) et a commencé à évoluer les analyses et les recherches sur ces petites parties d'ADN. A cette époque l'ADN est connu mais les analyses étaient encore complexes.

Alec Jeffreys a pu identifier les individus à partir d'une trace (sang, sperme ou cheveux), ainsi que la singularité du profil génétique propre à chacun d'eux, en utilisant une technique qui permettant de comparer le nombre de séquences répétitives entre deux échantillons pour pouvoir réaliser les tests d'identification. La méthode utilisée est le "Southern blotting" qui permet de découper les parties d'ADN qui contiennent les séquences répétitives et de les séparer en fonction de leur taille.

Le domaine de la génétique a beaucoup développé dans peu de temps, les méthodes d'analyses ont devenu plus rapides ainsi que le matériel de travail entre 1985 et 1995. La découverte de la technique de la PCR (Mullis et al. 1986) a facilité l'exploration d'autres marqueurs génétiques plus variables et fiables, comme les minisatellites ou VNTR (Variable Number of Tandem Repeat) et les microsatellites (Short Tandem Repeat), qui ont été largement utilisés pour établir les profils génétiques. L'évolution des méthodes d'analyse de l'ADN mitochondrial a également aidé à exploiter les ADN anciens et dégradés dans le domaine forensique.

5.2 : Domaines d'applications des empreintes génétiques en sciences forensiques:

5.2.1 : La filiation paternelle :

Les empreintes génétiques sont utilisées pour la recherche et la vérification de la paternité dans le secteur civil et pénal (affaires de viol et d'inceste). Sur les deux allèles de l'enfant, on doit retrouver un allèle hérité par la mère biologique et le deuxième allèle hérité par le père biologique conformément aux lois génétiques fondamentales.

Les analyses sont réalisées sur des prélèvements salivaires des parents et de l'enfant. Dans le cadre d'une filiation l'ADN autosomal est suffisant pour conclure une exclusion, l'examen confirme que le père présumé ne peut pas être le père biologique de l'enfant en raison de l'absence de l'identité des empreintes génétiques, chez le père présumé. En cas de non exclusion ou autrement dit inclusion, il faut estimer une probabilité d'identité de 99,999% (sauf pour les vrais jumeaux) pour conclure que le père présumé est le père biologique de l'enfant (Cifuentes et al. 2006; Gunn et al. 1997).

Un profil génétique est basé sur un test des microsatellites. Chaque microsatellite varie en longueur (polymorphisme de longueur) et en nombre, et pour effectuer le test de paternité nous testons une panoplie des microsatellites, afin d'avoir la plus grande certitude et fiabilité. A l'aide de la PCR (Polymerase Chain Reaction) et grâce à un programme informatique appelé "Genetic Analyser" les microsatellites sont analysées et le résultat de cette analyse donne un profil génétique. Dans le cadre pénal, ces recherches de paternité peuvent être déclinées, par exemple à l'identification du père dans les affaires de viol ou d'inceste, à l'identification de la mère dans les découvertes de fœtus ou d'enfant abandonné, à la vérification de la filiation lors de demande d'immigration pour rapprochement familial, ou d'un litige relatif à l'héritage.

5.2.2 : Identification des corps :

Les empreintes génétiques sont aussi utilisées pour l'identification des cadavres trouvés dans des différentes conditions comme les catastrophes de masse, guerres, actes terroristes, crash d'avions, catastrophes naturelles ...(Budimlija et al. 2003; Ladika 2001; Ludes et al. 1994; Olaisen, Stenersen, et Mevåg 1997) qui ne permettent pas leurs reconnaître, à cause de l'absence des papiers d'identité ou bien l'absence de leurs proches qui puissent apporter des informations à cet égard.

Ces cadavres peuvent être découvert dans plusieurs états tels que, frais et entier ou frais et dépecé, pourri et macéré. Afin d'identifier ces corps des analyses sur ADN sont effectuées à l'aide des microsatellites, l'ADN mitochondrial, chromosomes sexuels et dans le cas d'un ADN fortement dégradé l'analyse par les polymorphismes mono-nucléotidiques demeure très efficace.

5.3 : Limites d'utilisation des empreintes génétiques dans le domaine forensique:

Dans le domaine forensique et suite aux conditions de temps et du milieu, l'ADN subit des modifications physico-chimiques qui diminuent sa qualité et quantité. Ces changements sont considérés comme les principales limites pouvant rendre difficile la réalisation des analyses génétiques et l'obtention des résultats. Par ailleurs, d'autres difficultés peuvent être rencontrées, celles liées à la technique et celles liées aux caractéristiques de l'individu.

5.3.1 : ADN ancien et dégradé:

L'ADN ancien et dégradées rend les analyses et les études génétiques plus difficiles. L'amplification génique est l'étape la plus sensible, elle nécessite une bonne à assez bonne qualité et quantité d'ADN, pour avoir un rendement stable et près pour l'analyse avec les différents marqueurs génétiques. Ce phénomène est la conséquence des cassures de la molécule d'ADN qui surviennent de façon préférentielle au niveau des régions les plus longues et qui empêchent leur amplification. Dans le cas de molécules très dégradées, c'est-à-dire fragmentées en séquence inférieure à 300 pb, le signal sera totalement absent pour les locus de grande taille. Le profil génétique obtenu sera partiel et présentera de ce fait un pouvoir discriminant réduit (Keyser et Ludes 2007).

L'ADN subit des dégradations enzymatiques qui correspondent essentiellement aux phénomènes d'hydrolyse et d'oxydation. Les dégradations de l'ADN s'expliquent par la réaction d'autolyse des corps après la mort, qui conduit à la libération des endo- et exonucléases. Ces enzymes coupent les molécules d'ADN et réduisent leur taille, cela rend les analyses génétiques plus compliquées et donne des profils génétiques moins clairs.

5.3.2 : Contaminations et inhibiteurs des empreintes génétiques :

Les échantillons biologiques sont prélevés de différentes sources (taches de sang, taches de sperme, cheveux et poils, os, prélèvement buccal...), et sous différentes formes (écouvillons, compresses, carte FTA...). Les conditions de temps et du milieu peuvent endommager les échantillons, et rendent les analyses plus complexes à cause de la présence d'inhibiteurs comme l'hémoglobine, la mélanine ou l'urée, les acides humiques ou fulviques, les colorants des vêtements. Le mode d'action de ces inhibiteurs est variable. En fonction de la nature de ces inhibiteurs, ils agissent au niveau de l'étape d'extraction de l'ADN en bousillant ou diminuant la quantité et la qualité de l'ADN extrait, d'autres entraînent une dégradation de l'ADN lors de l'étape de l'amplification (Keyser et Ludes 2007).

5.3.3 : Présence des mélanges d'ADN :

Les mélanges d'ADN constituent un défi majeur en sciences forensique. Il faut distinguer les génotypes de chaque individu impliqué, et déterminer les différents allèles mélangés situés dans chaque locus, en plus de la contamination qui complique l'analyse (Haned 2010). Plusieurs conditions rendent les échantillons difficiles à analyser comme les traces collectées sur la scène d'un crime ou viol qui peuvent être constituées d'un mélange de l'ADN de deux ou plusieurs personnes. Il devient donc difficile de déterminer à quelle personne appartient les allèles.

5.3.4 : Apparition des stutters dans le profil génétique:

Le phénomène des stutters survient lors de l'amplification par PCR des microsatellites. Ce sont des produits secondaires inévitables qu'on détecte sur les profils d'ADN sous forme de pics de taille réduite correspondant à un allèle ayant un élément répétitif de moins que l'allèle nominal. On peut détecter des stutters de grande taille qui dépassent celle de l'allèle nominal en

cas des microsatellites ayant des répétitions qui ne dépasse pas 4 pb. Comme on peut trouver des pics des stutters, on détecte aussi les stutters des stutters, et dans ce cas-là, la lecture du profil devient très compliqué voire impossible.

Lors de la lecture d'un profil ADN, pour un marqueur donné, on détecte par exemple deux pics qui représentent les allèles 16 et 18, mais également de petits pics correspondant aux allèles 15 et 17 qu'on les appelle "stutters". Ces surviennent lors du processus de copiage. C'est le glissement de l'ADN polymérase qui ajoute un élément répétitive à la copie de l'allèle nominal, et donne comme résultat un profil illisible. Le mélange d'ADN et les inhibiteurs présents dans l'échantillon sont considérés comme des causes majeurs de glissement de l'ADN polymérase (Coquoz et al. 2013).

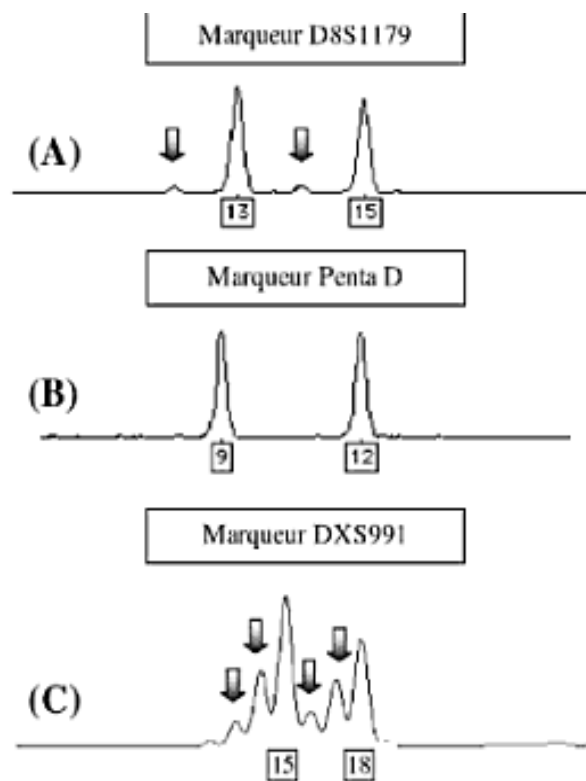


Figure 3 : Illustration du phénomène des stutters (Raphaël et FRANCO 2006).

5.3.5 : Les allèles nuls :

Les mutations des microsatellites sont généralement faibles (Weber et Wong 1993). Elles sont considérées comme une majeure cause d'apparition des allèles nuls. Ces mutations dépendent la taille des microsatellites, du motif, du nombre de répétitions, et de l'emplacement dans le génome. Les mutations peuvent être engendrées suite à un glissement de l'ADN polymérase lors de la réplication, ou bien au cours d'un crossing over.

Les mutations surviennent au niveau des microsatellites dans les sites de fixation des primers, et inhibent par conséquence l'amplification des allèles. Pour un profil génétique, en premier temps on ne peut pas détecter les allèles nuls, car un allèle qu'il soit hétérozygote ou homozygote, il ne peut être présenté qu'à l'état homozygote pour l'autre allèle. Des mutations peuvent également avoir lieu dans le site de fixation du primer du chromosome Y du gène amélogénine, ainsi le seul allèle amplifié est celui du chromosome X, permettant de conclure de manière erronée à une origine féminine de l'échantillon.

Il existe des moyens et astuces pour estimer les fréquences des allèles nuls et expliquer la cause. On peut utiliser la méthode de Brookfield, le logiciel Miceo-checker ou bien le test binomial, afin d'évaluer la fréquence attendue et observé des individus faussement homozygotes sous l'hypothèse de croisement au hasard (De Meeûs 2012).

POPULATION ET METHODES

Chapitre 6 : Echantillonnage et travail de palliasse :

6.1 Population ciblée :

Dans le cadre d'une étude anthropogénétique de la population du nord du Maroc, une enquête a été effectuée auprès du centre de transfusion sanguine de Tanger avec l'autorisation de la délégation du ministère de la sante de Tanger. L'objectif de cet échantillonnage était d'avoir une grande base de données et une bio-banque d'ADN dans l'intention d'examiner le comportement matrimonial de cette population sous l'angle de la génétique mathématique.

L'étude a porté sur un échantillon de 1586 couples au consentement éclairé. Ces individus appartiennent ancestralement et linguistiquement à la population du nord du Maroc. En effet ces volontaires parlent Rifain ou Jebli (les deux seuls dialectes de la région), et sont originaires de la région sur 3 générations ancestrales. L'échantillon de population retenu pour les analyses génétiques est constitué de sujets contemporains vivants. Nous emploierons indifféremment les termes « Jebli » ou « arabophone » et « Rifain » ou « berbère » mais sous-entendrons toujours la parenté linguistique entre les individus et les groupes.

Cette région du a subi à l'époque coloniale une double colonisation espagnole et française, elle a souffert également de l'isolement et de la marginalisation. Le sous-développement et les difficultés économiques de la région ont favorisé la migration de la population Rifaine vers l'Europe et vers les grandes villes comme Tanger et Tetouan. La nouvelle situation a crée une génération qui parle les deux dialectes Jebli et Rifai, alors que le dialecte purement Rifain est bien parlé par les grands parents qui ont des mobilisations limites, comparés à la dernière génération.



Figure 4 : Carte du nord du Maroc (google maps).

6.2 Approche utilisée:

L'approche socio-anthropologique a été utilisée durant l'échantillonnage afin d'appliquer des méthodes particulières de collecte des données. Pourtant, des enquêtes approfondies ont été effectuées auprès d'individus et de groupes familiaux originaires de la région du Nord du Maroc de manière à avoir une importante base de données, utilisant un questionnaire préalablement rétabli pour répondre aux questions suivantes :

- l'histoire des mobilisations des groupes ou d'individus appartenant à la même région.
- Les changements de comportements intervenus entre les différentes générations (l'endogamie géographique, la consanguinité et l'isonymie), sur les régions géographiques présentant la zone du Nord.
- constitution de généalogies on se basant sur les variables anthropologie (lien de parenté des couples, des parents et des grands-parents paternels et maternels, appartenant à 3 générations) et les variables socio démographiques (âge, sexe, lieu de naissance, noms de familles...).

6.3 Méthodes de collecte et d'analyse des données :

La collecte des données a été réalisée selon les étapes suivantes:

Etape 1 :

Pré-établissement de la fiche signalétique : Le questionnaire utilisé contient des informations sur l'état civil, l'âge, l'origine, la langue ou le dialecte, le lieu de naissance, le nom de famille et le lien de parenté (cousins germains, double cousins germains, cousins inégaux, lien indéfini,...). Ces informations concernent le volontaire, son conjoint, ses parents et ses grands-parents paternels et maternels.

Etape 2 :

Choix du volontaire : Le volontaire doit être originaire de la région avec ses parents, ses grands-parents paternels et maternels et son conjoint. Si un de ses parents, grands-parents, ou son conjoint n'est pas originaire de la région du nord du Maroc l'interview s'arrête.

Etape 3 :

Consentement du volontaire : Chaque participant donne son consentement pour l'utilisation de son prélèvement salivaire et ces informations personnelles pour usage anonyme dans le cadre de la recherche scientifique avec sa signature sur la fiche signalétique à la fin de l'interview.

6.4 Analyse de la bio-banque (ADN) :

6.4.1 Extraction de l'ADN:

L'extraction de l'ADN est une technique permettant d'isoler l'ADN génomique à partir du matériel biologique utilisé. Il existe différents protocoles pour extraire l'ADN mais le principe est quasiment le même. Durant cette étude, nous avons utilisé deux techniques :

- 1) L'extraction par automate Maxwell 16. L'extraction a été effectuée sur des prélèvements salivaires par le Kit DNA IQ™ Reference Sample Kit for Maxwell® 16.
- 2) L'extraction organique au phénol-chloroforme alcool Isoamélique, quand on avait besoin d'un rendement élevé. L'inconvénient de cette dernière est non seulement la toxicité du phénol-chloroforme mais peut l'extraction peut laisser des traces d'inhibiteurs d'amplification.

6.4.2 : Extraction par le DNA IQ™ Reference Sample Kit for Maxwell® 16

Le système DNA IQ™ Reference Sample Kit for Maxwell® 16 permet l'isolement de l'ADN à partir d'une grande variété de types d'échantillons, y compris le sang et les taches de sang, le sperme et les taches de sperme, gomme à mâcher, les cheveux, les os, l'urine, les mégots de cigarettes, des prélèvements buccaux et perforateurs de cartes de sang.

DNA IQ™ Reference Sample Kit for Maxwell® 16 utilise une résine paramagnétique pour isoler l'ADN, la première étape est la solubilisation de l'échantillon plusieurs fois, cette étape sert à lyser les cellules. La deuxième étape utilise la résine paramagnétique pour se lier à l'ADN, tout en laissant les autres composantes de l'échantillon biologique dans la solution aqueuse. Ce système utilise des billes magnétiques revêtues de silice, la quantité de perles utilisée dans la procédure définit la capacité de liaison, qui est d'environ 100 ng d'ADN. Le kit contient la résine exclusive et les tampons spécialisés, y compris la lyse, le lavage, le tampon d'élution qui libère l'ADN de la résine. Si l'échantillon d'ADN n'a pas été suffisamment chauffé, l'efficacité d'élution sera plus faible que prévu (« DNA IQ™ Reference Sample Kit for Maxwell® 16 Protocol » 2012).

6.4.3 : Extraction par phénol-chloroforme isoamylique (PCI) :

Dans un tube à eppendorf 2 µl, l'échantillon est soumis à une lyse cellulaire complète par incubation pendant 3 heures à 56°C dans une solution de lyse. Après l'étape de l'incubation, on ajoute à chaque échantillon 500 µl de PCI avec un rapport de 25-24-1, puis on centrifuge pendant 3 minutes à 13000 rpm (rotation par minute). On obtient ainsi deux phase : une phase supérieure aqueuse, qui renferme l'ADN et une phase inférieure organique contenant le phénol et les extraits cellulaires. On récupère le surnageant dans un autre tube. Cette étape est répétée 2 à 3 fois selon l'état de l'échantillon.

Pour l'étape de précipitation, on ajoute deux volumes (1ml) d'éthanol absolu (100%) à deux volumes de la préparation auquel on ajoute 1µl polyacryl carrier permettant de condenser les filaments d'ADN, suivie d'une centrifugation pendant 3 minutes à 13000 rpm. Le culot est lavé dans l'éthanol à 80%, par la suite on mélange doucement à la main et on recentrifuge de la

même manière. Une fois séché dans une étuve à 37°C, l'ADN est élué dans 40µl jusqu'à 50µl de TE permettant une solubilisation de l'ADN extrait.

6.4.3.1 Estimation de la concentration de l'ADN :

La quantité, ainsi que la qualité de l'ADN extrait peuvent être déterminées par électrophorèse d'un aliquot d'ADN extrait sur un gel d'agarose à 1% coloré au Bromure d'Ethidium (BET). L'ADN extrait (5µl) est mélangé avec 5 µl du tampon de charge, le Bleu de Bromophénol (BBP) et le mélange est déposé sur les puits du gel d'électrophorèse pendant 15-20 min. Le BET s'intercale entre les bases qui sont révélées par fluorescence aux UV. Une bande de poids moléculaire indique que l'ADN génomique est non dégradé et de haut poids moléculaire. Par contre un « smear » est indicateur de l'état dégradé de l'ADN extrait. La concentration est estimée par comparaison de la bande obtenue avec celui de différentes concentrations d'un ADN standard de concentration connue ADN « K652 » à 10 ng/µl déposé sur le même gel.

6.5 Amplification génique par PCR multiplex:

6.5.1 Rappel du principe général de la PCR:

La réaction de polymérisation en chaîne (PCR) est une technique de biologie moléculaire. Elle permet de synthétiser in vitro, en quelques heures plus d'un million de copies d'une séquence d'ADN donnée dans une seule réaction.

Les avantages de cette technique sont entre autres le coût réduit, la rapidité et la possibilité d'analyser des prélèvements à très faible concentration. Elle consiste à hybrider une séquence d'ADN préalablement dénaturée à deux amorces oligonucléotidiques complémentaires de l'extrémité 3' des deux brins d'ADN de la région à amplifier. Une étape de polymérisation est alors réalisée à partir de l'extrémité 3' de ces amorces, en présence de désoxyribonucléotides triphosphates (dNTP) et de Taq polymérase. Chaque brin néosynthétisé sert de matrice pour initier l'étape de polymérisation suivante ce qui aboutit à une amplification exponentielle de la séquence d'ADN cible. Donc, cette technique est basée sur la répétition d'un processus en trois étapes.

- La dénaturation: consiste à chauffer à 94°C pour séparer l'ADN à double brin en brisant les liaisons hydrogènes.
- L'hybridation: la température d'hybridation est spécifique d'une amorce. Elle se calcule à partir de sa T_m (Température de fusion), température à laquelle les duplex sont à moitié dissociés : $T_m = 4(G+C) + 2(A+T)$. Elle permet de fixer les amorces à chaque extrémité complémentaire de l'ADN à simple brin.
- La polymérisation: Après la fixation des amorces, l'ajout de la Taq polymérase et de nucléotides permet la synthèse des nouveaux brins d'ADN. Cette opération se déroule à 72°C. Une étape de post-élongation peut être effectuée après la fin des cycles pour terminer la synthèse de certains brins éventuellement inachevés.

Pour distinguer les différents fragments des amorces, des sondes spécifiques de chaque produit sont couplées à des fluorochromes dont les longueurs d'ondes sont différentes.

6.5.2 Les nouveaux apports de la PCR multiplex

Grâce à l'utilisation de molécules fluorescentes, une méthode rapide, fiable et hautement précise a pu être développée pour déterminer le profil génétique STR d'un individu : la PCR multiplex. Basée sur le principe de base de la Polymerase Chain Reaction (PCR) ou Réaction en chaîne par polymérase, elle permet l'amplification ADN simultanée (dans un seul tube d'analyse) de plusieurs STRs, en les marquant par différentes fluorescences. Ce sont ces colorations qui vont être détectées par le LASER de l'Analyseur Génétique lors de la séparation électrophorétique des « produits » de PCR.

Des kits commerciaux sont aujourd'hui disponibles pour réaliser les amplifications multiplex des STRs les plus largement utilisés dans des applications médico-légales. Deux sociétés américaines en assurent le développement et la commercialisation : Applied Biosystems (kits : Profiler Plus, Cofiler, Identifier, SGM...) et Promega Corporation (kits GenePrint et PowerPlex). Ces kits se distinguent par la variabilité des STRs inclus, ainsi que par l'utilisation de différentes fluorescences couplées à des amorces oligonucléotidiques spécifiques.

Avec cet outil, on détermine également le sexe de l'individu par l'amplification d'une partie du 1er intron du gène de l'amélogénine. Bien que ce gène soit situé sur les deux chromosomes sexuels X et Y avec une homologie de séquence de 90 %, il est possible de distinguer les 2 séquences selon leurs tailles. En effet, le chromosome X présente, à ce locus, une délétion de 6 pb, ce qui conduit à un polymorphisme de longueur des séquences amplifiées, avec un fragment de 106 pb pour le chromosome X et 112 pb pour le chromosome Y (Sullivan et al. 1993).

6.5.3 Réalisation de la PCR multiplex avec le kit AmpFISTRIdentifier® :

La PCR multiplex a été réalisée à l'aide du thermocycleur GeneAmp PCR System 9700 (Applied Biosystems) selon les conditions d'utilisation (Applied Biosystems 2003). Pour chaque échantillon testé, 1ng d'ADN a été amplifié dans un volume réactionnel final de 25µl. En parallèle, deux « témoins » ont été utilisés, l'un dit « positif » pour valider le bon déroulement de la réaction (ADN contrôle fourni avec le kit) et l'autre dit « négatif » pour s'assurer de la non contamination du milieu réactionnel (eau milliQ).

Les marqueurs inclus dans le Kit AmpFISTRIdentifier® sont D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA 1, TPOX, D18S51, D5S818, FGA et l'Amelogenin (déterminant du sexe).

Tableau 2: Caractéristiques des 16 loci STRs spécifiques au kit AmpFLSTR®Identifiler® (« AmpFLSTR Identifiler PCR Amplification Kit - Thermo Fisher Scientific » 2012).

Locus STRs	Localisation chromosomique	fluorescence	ADN contrôle
D8S1179	8	6-FAM	13
D21S11	21q11.2-q21	6-FAM	30
D7S820	7q11.21-22	6-FAM	10,11
CSF1PO	5q33.3-34	6-FAM	10,12
D3S1358	3p	VIC	14,15
TH01	11p15.5	VIC	8, 9,3
D13S317	13q22-31	VIC	11
D16S539	16q24-qter	VIC	11,12
D2S1338	2q35-37.1	VIC	19,23
D19S433	19q12-13.1	NED	14,15
vWA 1	12p12-pter	NED	17,18
TPOX	2p23-2per	NED	8
D18S51	18q21.3	NED	15,19
Amelogenin	X : p22.1-22.3 Y : p11.2	PET	X
D5S818	5q21-31	PET	11
FGA	4q28	PET	23,24

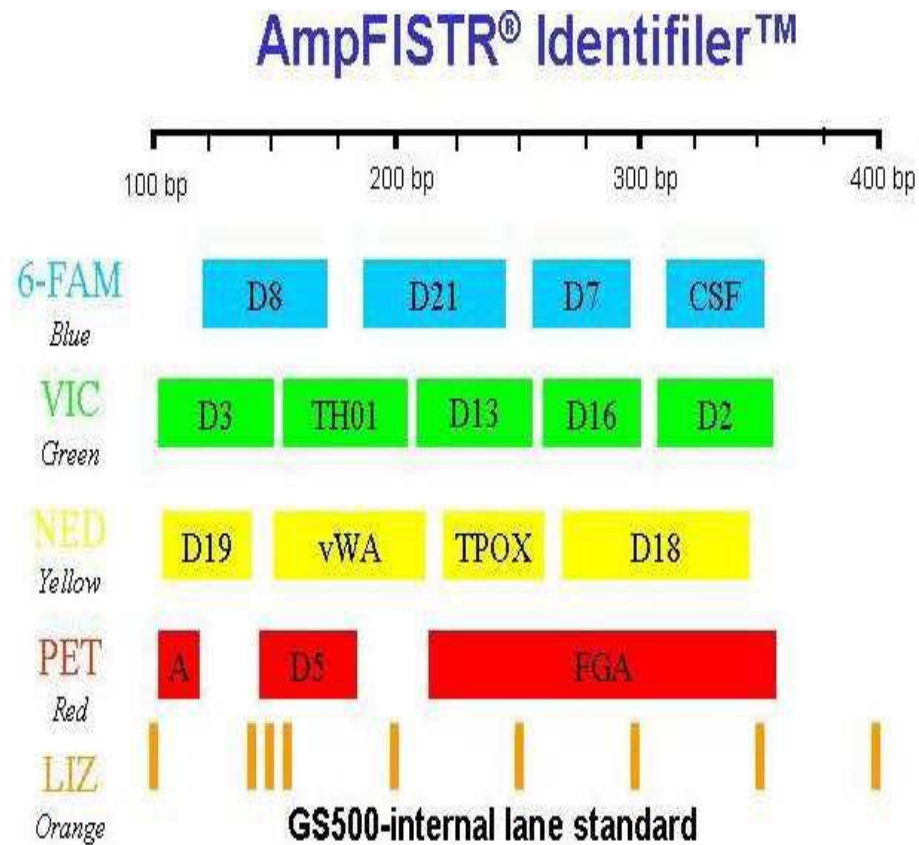


Figure 5 : Marqueurs de fluorescence caractérisant le kit AmpFISTR Identifiler (Applied Biosystems) et taille des locis amplifiés (Source : <http://www.cstl.nist.gov>).

6.5.4 Protocole de l'amplification:

Tableau 3 : Préparation du mixe pour l'amplification.

PCR master Mixt	vol x 1	vol x
PCR reactionMixt	10.5 µl	x n
Primer Set	5.5µl	x n
ADN Polymerase	0.5 µl	x n

Dans les tubes à PCR (0.2 µl) on distribue le mélange réactionnel et les ADN comme suit :

Tableaux 4 (A, B et C) : La préparation de l'amplifiat pour l'amplification.

Tableau 4 : Préparation de l'échantillon (x)

Master Mix	15µl
ADN	10 µl
Volume final	25 µl

Tableau 5 : Préparation du Control +

Master Mix	15 µl
DNA control	10 µl
Volume final	25 µl

Tableau 6 : Préparation du Control

Master Mix	15 µl
EauMilliQ	10 µl
Volume final	25 µl

Les tubes sont placés dans un thermocycleur « Gene Amp® PCR System 9700 » d'Applied Biosystems selon les conditions recommandées suivantes :

Tableau 7 : Conditions d'amplification selon le mode d'utilisation du kit AmpFISTR Identifier.

Etape initial	28 cycles		Extension finale	Etape finale
	Dénaturation	Anneal		
incubation	Cycle		incubation	incubation
95°C, 11 min	94°C, 1 min	59°C, 1 min	60°C, 3 min	4-25°C

6.6 Electrophorèse capillaire en gel :

6.6.1 Principe générale :

L'électrophorèse capillaire en gel permet de détecter et quantifier les différents produits de PCR mais aussi de les séparer en fonction de leur taille et de leur fluorescence.

Cette méthode est directement comparable aux méthodes d'électrophorèse conventionnelle. Dans une électrophorèse classique les fragments d'ADN sont déposés sur un gel d'agarose (ou de polyacrylamide) baignant dans un liquide conducteur (TBE ...). En appliquant un champ électrique, les molécules d'ADN se chargent négativement et se déplacent vers l'anode (pôle positif), à travers les mailles du gel, à une vitesse inversement proportionnelle à leur masse moléculaire. Ainsi, les fragments les plus petits sont les plus rapides et migrent donc plus loin que les molécules de plus grande taille. La détection de ces fragments (sous forme de bandes) se fait généralement par ajout d'un colorant (bromure d'éthidium) qui s'intercale entre les bases et que l'on révèle par fluorescence aux UV. Dans une électrophorèse capillaire en gel, la

séparation résulte de la migration des fragments d'ADN dans un champ électrique au sein d'un capillaire de quelques microns de diamètre et rempli de gel de polyacrylamide.

Les molécules d'ADN sont séparées en fonction de leur taille : les plus petites traversent plus facilement le maillage du polymère et migrent donc plus rapidement au travers de ce réseau.

La détection et la quantification de la fluorescence des fragments (sous forme de pics colorés) sont effectuées par un détecteur LASER placé en fin de parcours migratoire. Ainsi, les fragments les plus petits sont chronologiquement détectés en premier et si deux (ou plusieurs) fragments ont la même taille, ils sont distingués par la couleur de leur fluorescence. Ce procédé d'utilisation de colorations de différentes longueurs d'onde inclus dans la PCR multiplex permet ainsi de distinguer des fragments chevauchants (même taille).

6.6.2 Principe de l'ABI Prism 3130xl (Applied Biosystems)

Dans notre laboratoire, les électrophorèses capillaires sont effectuées dans un Analyseur Génétique (ou séquenceur ADN semi-automatique) à détection LASER de la fluorescence (modèle ABI Prism 3130xl, Applied Biosystems). Les séparations sont réalisées dans un capillaire de 36 cm de longueur (de la zone d'injection jusqu'au détecteur laser), de 50 µm de diamètre interne et rempli de gel de polyacrylamide à 4% ou POP4 (*Performance Optimized Polymer 4*, Applied Biosystems⁶). Les échantillons sont électrocinétiquement injectés dans le capillaire en 5 secondes. Avant la séparation électrophorétique des fragments d'ADN, un standard de taille, de fluorescence orange, est ajouté à chaque échantillon (GeneScan 500 LIZ, Applied Biosystems). Comme dans une électrophorèse classique, ce marqueur de taille « interne », préalablement calibré et dont la taille de chacun des fragments-standards est connue, doit migrer en même temps que l'échantillon afin de corréliser l'ensemble des paramètres pouvant influencer la migration (vitesse, temps de détection par le LASER, pureté du gel, température...).

Dans chaque plaque d'échantillons soumis à l'électrophorèse capillaire, un autre marqueur de taille (« externe ») est ajouté : le ladder STR. Il s'agit d'une « échelle allélique » constituée de brins d'ADN synthétique dont la composition et la taille (le nombre de répétitions) sont connus. Le ladder contient, en fait, tous les allèles STR pouvant être mis en évidence avec une PCR multiplex donnée et il y a une échelle allélique pour chaque fluorochrome utilisé. Comme pour un échantillon, le standard de taille interne est ajouté au ladder, les fragments d'ADN (allèles STR) sont séparés lors de l'électrophorèse et la fluorescence est détectée par le LASER. La

figure suivante présente le ladder des 4 couleurs utilisées dans la PCR multiplex du kit Identifiler (Applied Biosystems).

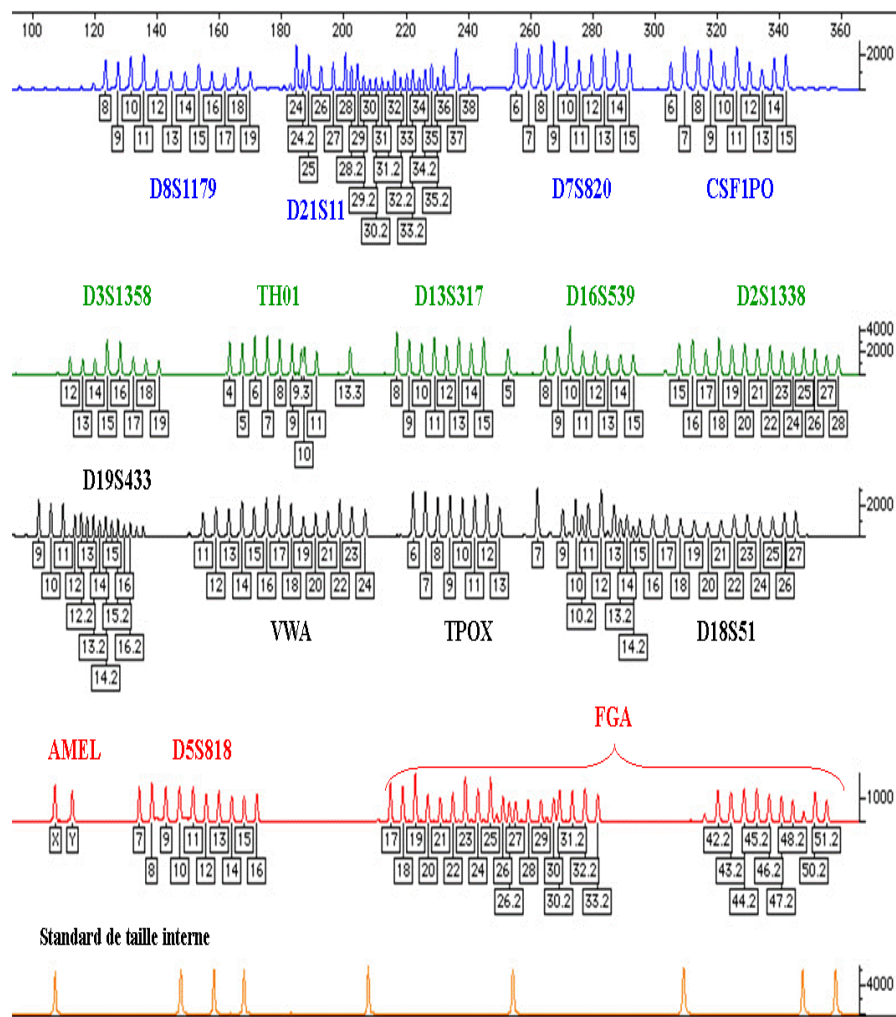


Figure 6 : Echelles alléliques (ladder) utilisées dans la PCR multiplex Identifiler (Applied Biosystems).

Les échelles alléliques définissent, pour chaque locus STR, tous les allèles pouvant être mis en évidence dans la technologie du kit Identifiler (Applied Biosystems). Chaque pic coloré est un allèle et correspond à une taille spécifique de fragment d'ADN et donc à un nombre précis de répétitions. Ainsi, par exemple pour le microsatellite D7S820 situé sur le chromosome 7, on peut trouver de 6 à 15 répétitions du motif tétranucléotidique GATA qui composent n fois (ici, de 6 à 15) cette séquence.

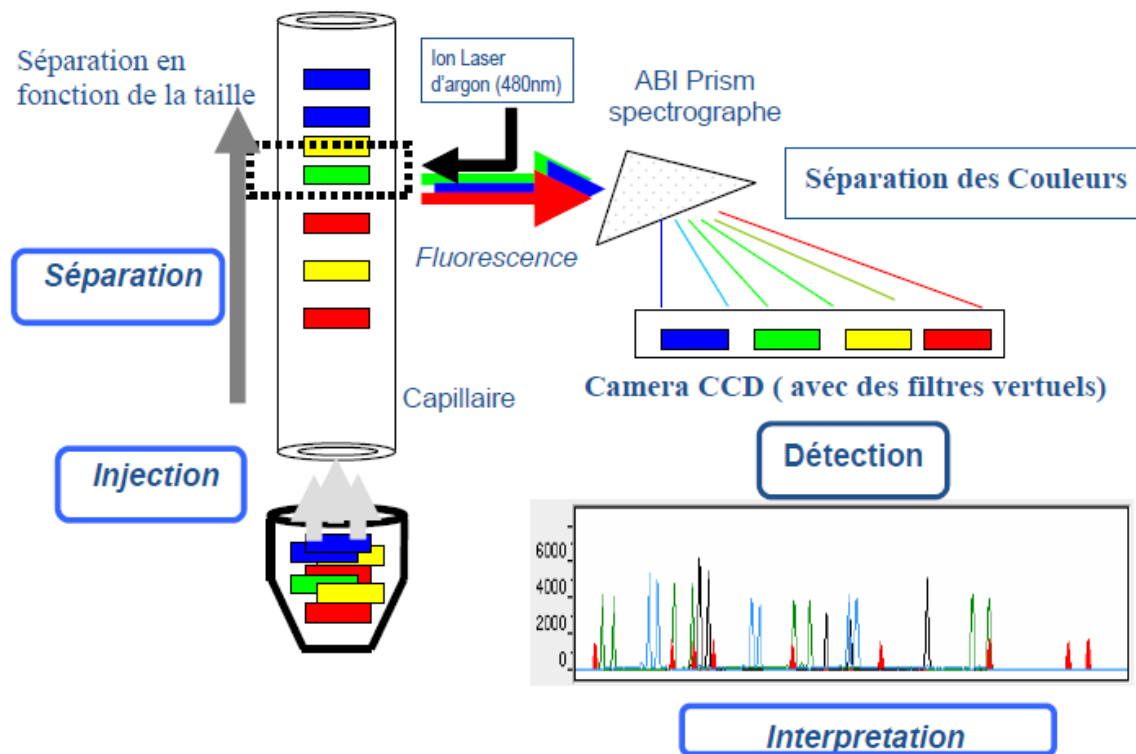


Figure 7 : Illustration schématique de la séparation et la détection des allèles des STRs avec un system ABI prismGenetic Analyser.

6.7 Lecture des profils STRs

La dernière étape pour obtenir le profil STR d'un individu consiste à traiter informatiquement les informations collectées par le LASER lors de l'électrophorèse. La détection des produits de PCR d'un échantillon par le LASER est transmise à un ordinateur (couplé au séquenceur automatique) et les STR sont représentés sous forme de pics colorés (allèles STR). A noter que selon le caractère homozygote (même allèle sur la paire de chromosomes) ou hétérozygote (allèles différents) de l'individu pour un locus donné, un seul (homozygotie) ou deux (hétérozygotie) pics seront présents. Le traitement des données se fait en deux temps :

a- Assignation d'une taille (en paires de bases, pb) à chaque pic :

Dans la première partie, le logiciel GeneScan Analysis (version 3.7, Applied Biosystems) trie les différents fragments selon leur fluorescence et leur longueur. Cette longueur est proportionnelle au temps de migration devant le LASER et se mesure en SCAN. GeneScan détermine alors le « profil de séparation » du standard de taille interne (de couleur orange) en corrélant les longueurs (en SCAN) et les tailles (en pb) de chaque pic. Des profils de séparation

sont ensuite tracés pour chaque échantillon (ainsi que pour le ladder) et, par comparaison avec le standard de taille, le logiciel estime la taille (en pb) de chaque fragment STR. Le séquenceur automatique a un haut pouvoir de résolution puisqu'il permet de distinguer des fragments d'ADN variant de seulement 2 pb.

b- Détermination du nom de l'allèle STR

Dans la deuxième partie, le logiciel Genotyper (version 3.7, Applied Biosystems) commence par calibrer le standard de taille externe (ladder). A partir de la taille (en pb) de chaque allèle, le logiciel en déduit le nombre de motifs répétés et attribue cette valeur chiffrée (équivalente au nom de l'allèle) à chacun des pics du ladder. Les profils de séparation de chaque échantillon sont ensuite comparés aux échelles alléliques de référence et les noms des allèles STR sont déterminés pour tous les loci. On obtient ainsi le « profil électrophorétique » de chaque individu, c'est-à-dire son « profil STR » (Figure et tableau).

Le profil STR d'un individu décrit les allèles (nombre de répétitions du motif nucléotidique) de 15 loci autosomaux. Chaque allèle est représenté sous forme d'un pic coloré correspondant à une taille de fragment d'ADN et donc à un nombre précis de répétitions. Quatre fluorochromes sont utilisés dans la PCR multiplex Identifier : 6FAM (bleu), VIC (vert), NED (jaune) et PET (rouge).

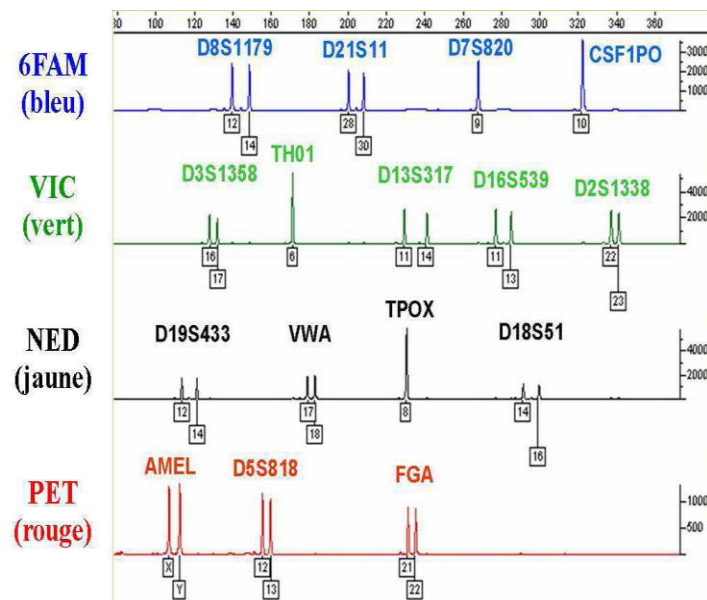


Figure 8 Exemple du profil STR d'un individu obtenu avec la PCR multiplex Identifier (Applied Biosystems).

Le sexe de l'individu est donné par le locus de l'amélogénine (AMEL) : les pics «X» et «Y» montrent ici qu'il s'agit d'un homme.

Exemples de lecture du profil génétique:

* Cet homme est hétérozygote pour le locus D8S1179, c'est-à-dire qu'il a 2 allèles différents pour ce locus situé sur la paire de chromosomes n°8. Un des allèles est défini par 12 répétitions du motif TATC (allèle « 12 ») et l'autre allèle par 14 répétitions de ce même motif (allèle « 14 »).

* A l'inverse, l'individu est homozygote pour le locus TPOX. Les 2 allèles situés sur la paire de chromosomes n°2 sont les mêmes avec 8 répétitions du motif AATG.

Chapitre 7 : Méthodes d'analyses statistiques adoptées:

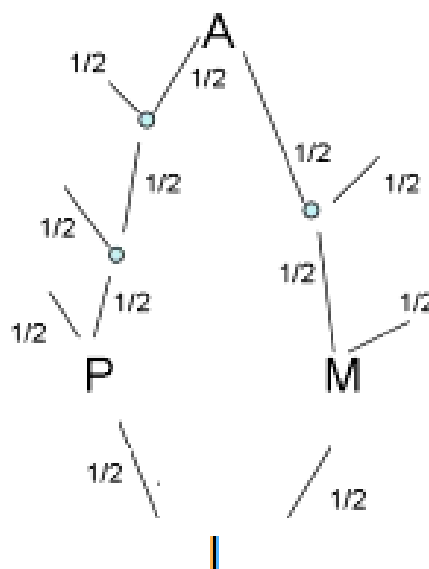
Ce chapitre traite les divers outils et méthodes statistiques employés pour décrire la structure génétique de notre population et pour étudier de la variabilité intrapopulationnelle et interpopulationnelle via un ensemble de paramètres (fréquences alléliques, fréquences haplotypiques, taux d'hétérozygotie, équilibre de Hardy-Weinberg...) et à l'aide des logiciels informatiques qui facilite les calculs. Cette population est ensuite comparée et ordonnée selon des procédures de classification automatique ou de regroupement hiérarchique afin de retracer la variabilité ou l'affinité génétiques par rapport aux autres populations.

7.1 Méthodes de mesure de la consanguinité :

7.1.1 Coefficient de consanguinité :

On considère un individu (I) comme consanguin, si pour un locus donné, il existe deux gènes homologues descendant d'un ancêtre commun A (Malécot 1948), le premier provient de la mère et le deuxième provient du père. Avant de calculer le coefficient de consanguinité, il faut d'abord déterminer tous les individus appartenant à l'arbre généalogique en partant d'un des deux parents de l'individu et en remontant jusqu'à l'ancêtre supposé commun sans rupture de la chaîne de parenté.

Ce coefficient est très important de point de vue théorique, car il nous renseigne sur l'état d'un caractère donné au sein d'une population ayant un certain degré d'endogamie.



Le coefficient de consanguinité se calcule selon la formule suivante :

$$FI = \sum (1/2)^{p+m+1} (1+F_A)$$

Soit :

$P(1) = (\frac{1}{2})^n$ est la probabilité que deux gènes de l'individu (I) prises au hasard soient hérités du père (P) et de la mère (M), (Jacquard 1968; Jacquard et Reynès 1968). Elle dépend de nombre total de (n) et de coefficient de consanguinité F_A .

Et :

$P(2) = (1+F_A)/2$ est la probabilité que les deux gènes hérités soient les memes copies des gènes de l'encetre (A).

$1/2$ est la probabilité de transmission à chaque génération.

L'individu (I) doit hérité deux exemplaires d'un meme gène de l'encetre commun (A) transité par la chaine de parenté. Plus le nombre d'individus constituant la chaine est long, plus le risque de disparition du gène à travers les générations augmente. Par ailleurs, si on considère que l'encetre commun lui-même est consanguin, la probabilité de la transition de la copie du meme gène dans la chaine de parenté augmente.

7.1.2 Coefficient de Consanguinité moyen :

Le coefficient de Bernstein est la probabilité " α " pour que deux gènes homologues d'un locus quelconque, pris au hasard dans une population, soient identiques (Chapman et Jacquard 1971) :

$$\alpha = \sum f_i F_i$$

f_i : la fréquence des individus ayant le même Coefficient de Consanguinité F_i .

F_i : le Coefficient de Consanguinité de l'individu i .

7.1.3 Coefficient de Consanguinité apparente (C_a) :

Le coefficient de consanguinité apparente C_a est utilisé pour l'analyse des populations (Chalbi et Zakaria 1998; Jakobi et Jacquard 1971) :

$$C_a = 1/8 f_{DCG} + 1/16 f_{CG} + 1/32 f_{IC} + 1/64 f_{CIG}$$

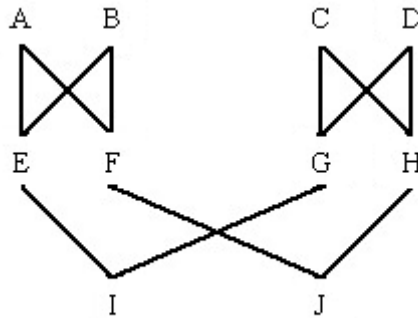
f_{DCG} , f_{CG} , f_{IC} , f_{CIG} sont respectivement les fréquences des unions entre: doubles cousins germains, cousins germains, cousins inégaux et cousins issus de germains. Le coefficient de consanguinité se calcule selon deux méthodes: la méthode dite "des chemins", considérée la plus utilisée, et la méthode dite "tabulaire". Ces méthodes donnent é les mêmes résultats et elles se distinguent par leur facilité d'application pratique.

7.1.4 Calcul de coefficient de consanguinité des différents liens de parenté :

Afin de calculer le coefficient de consanguinité des différents liens de parenté, on va utiliser la méthode des chemins. Elle consiste à déterminer tous les chemins partant du père et arrivant à la mère en passant par un ou plusieurs ancêtres communs.

Si, dans une généalogie, on ne peut savoir si un ou des ancêtres communs sont également consanguins, on considère par convention, qu'ils ne seront pas consanguins. C'est le cas pour A et B, donc, $F_A = 0$ et $F_B = 0$

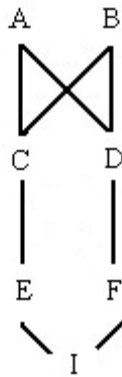
7.1.4.1 Coefficient de consanguinité de doubles cousins germains (DCG) :



$$F(\text{DCG}) = 1/2^{(5+1)} (1+F_A) + 1/2^{(5+1)} (1+F_B) + 1/2^{(5+1)} (1+F_C) + 1/2^{(5+1)} (1+F_D)$$

$$= 1/8$$

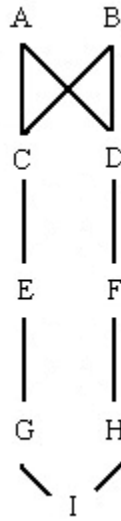
7.1.4.2 Coefficient de consanguinité de cousins germains (CG) :



$$F(\text{CG}) = 1/2^{(4+1)} (1+F_A) + 1/2^{(4+1)} (1+F_B)$$

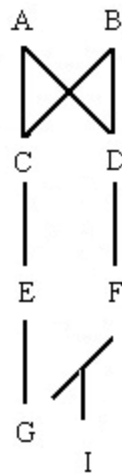
$$= 1/16$$

7.1.4.3 Coefficient de consanguinité de cousins issu germains (CIG) :



$$\begin{aligned} \mathbf{F (CIG)} &= 1/2^{(6+1)} (1+F_A) + 1/2^{(6+1)} (1+F_B) \\ &= 1/64 \end{aligned}$$

7.1.4.4 Coefficient de consanguinité de cousins inégaux (CI) :



$$\begin{aligned} \mathbf{F (CI)} &= 1/2^{(5+1)} (1+F_A) + 1/2^{(5+1)} (1+F_B) \\ &= 1/32 \end{aligned}$$

7.1.5 Mesure de la consanguinité par la méthode d'isonymie

7.1.5.1 Définition de l'isonymie :

Un croisement est qualifié d'isonyme lorsque les deux conjoints portent le même nom de famille. Afin d'étudier la diversité génétique au sein d'une population, il faut mesurer la probabilité d'identité des gènes par descendance, et suivre leur transmission à travers les générations. La méthode isonymique se base sur ce principe et considère le nom de famille comme un gène, et que deux doivent posséder le même patronyme dérivant d'un même ancêtre.

La relation entre le coefficient de consanguinité F et la probabilité d'isonymie P a été établie par Crow, J. F. et Mange, A. P. (Crow et Mange 1965) :

$$F = P/4$$

7.1.5.2 L'utilité de la méthode isonymique dans l'estimation de la consanguinité:

L'utilisation des patronymes pour mesurer la consanguinité a été ignorée avant. Il y'avait des études qui ont pu remarquer le lien entre les noms de famille et les mariages consanguins (Arner 1908), et que les patronymes pouvaient permettre de calculer le degré de consanguinité des populations (SHAW 1960). Mais il fallait attendre jusqu'à 1965, grâce aux études effectuées par Crow et Mange. Ils constituent désormais la méthode classique pour évaluer la consanguinité d'une population à travers un modèle mathématique élaboré par les deux auteurs et publié pour la première fois au cours de cette même année (1965). Les patronymes ont été enfin couramment utilisés dans l'étude de la structure génétique des populations humaines.

La répartition des fréquences des patronymes permet d'estimer la consanguinité au sein des populations. Pour appliquer cette méthode, la transmission des noms de famille doit être continue et sans modification orthographique ou changement complet de nom. Il existe d'autres facteurs qui causent la déviation totale du trajet de la transmission des patronymes tel que l'adoption. Certains types de mariages peuvent empêcher l'utilisation de la méthode isonymique comme la forme de mariage la plus incestueuse entre frère et sœur, par contre les mariages entre cousins peuvent donner une bonne estimation de degré de la consanguinité, à condition qu'ils s'effectuent au hasard et sans préférence ou prohibition d'un type déterminé (Ellis et Starmer 1978).

L'estimation de la consanguinité par l'isonymie révèle des taux plus élevés que celles calculés via le coefficient de consanguinité apparente (Crow et Mange 1965; Zakaria 1999). Cela est due à la capacité de la méthode isonymique à chercher toute ressemblance des noms et les détecter en analysant l'histoire de chaque patronyme dans les anciens archives familiaux. Cette méthode analyse les différents arbres généalogiques, afin de trouver l'origine ainsi que les liens des différentes branches appartenant aux arbres étudiés (Castro de Guerra, Arvelo, et Pinto-Cisternas 1999), lorsque la recherche implique les plus profondes généalogies, et les plus anciennes unions, les variations des patronymes deviennent plus faibles d'un siècle à l'autre ((Degioanni et al. 2000; Prost 2005).

Les noms de famille, du fait qu'ils sont transmis par lignée patrilinéaire, apparaissent comme des marqueurs génétiques liés au chromosome Y (Barrai et al. 2000; Morelli, Paoli, et Francalacci 2002; Sykes et Irven 2000). Ces patronymes peuvent donner des informations sur l'histoire migratoire des familles, et il sont couramment utilisés dans l'étude de la structure génétique des populations humaines (Rodriguez-Larralde et al. 1998), ainsi que la dynamique des populations (Castro de Guerra, Arvelo, et Pinto-Cisternas 1999).

De point de vu génétique, on peut considérer le nom de famille comme un « gène » qui ségrége au cours des générations, ou comme s'il était un allèle et calculer sa fréquence. Certes, il n'affecte pas la santé publique, mais il peut subir des mutations, tel que les modifications ou les erreurs graphiques qui sont transmises à la descendance. Il est soumis à la dérive génétique, et comme conséquence la disparition de certains noms et la forte augmentation d'autres. Il est également soumis à la migration, car le patronyme se déplace avec son porteur.

7.2 Mesure de la diversité génétique des populations humaines :

7.2.1 Test d'équilibre via la loi de Hardy-Weinberg:

La loi de Hardy-Weinberg veut que les fréquences des allèles restent constantes de génération en génération lorsque la transmission des allèles n'est soumise qu'au hasard de la méiose et la fécondation. Une population satisfaisant cette loi est dite en équilibre de Hardy-Weinberg. Dans le cas contraire, elle est en déséquilibre de Hardy-Weinberg.

Les critères permettant à une population de satisfaire aux exigences de la loi de Hardy-Weinberg sont assez draconiens : la population devrait être de taille quasi infinie, les accouplements devraient se faire au hasard, il ne devrait y avoir ni mutation, ni sélection, ni migration (Raphaël et FRANCO 2006).

La loi de Hardy-Weinberg permet, sous certaines conditions, le calcul des fréquences génotypiques à partir des fréquences alléliques :

Soit un locus autosomique ayant 2 formes alléliques A et a, si :

p = fréquence de l'allèle A

q = fréquence de l'allèle a

$p + q = 1$ puisqu'il n'y a que 2 allèles.

Les unions entre les individus se font au hasard et vont correspondre au mélange aléatoire de gamètes porteurs de l'allèle A ou de l'allèle a, conduisant à 3 génotypes possibles:

AA, Aa ou aa dont :

Fréquence dans la population des génotypes AA = p^2

Fréquence dans la population des génotypes aa = q^2

Fréquence des génotypes Aa et aA = $2pq$

7.2.2 Calcul des fréquences alléliques:

Les différences entre les individus sont dues aux variations génétiques et aux conditions d'environnement. Ces variations phénotypiques sont à l'origine d'une variation de la composition génétique, ces changements obligent l'individu à s'adapter et à évoluer selon les différentes conditions dans le temps et dans l'espace (Lefort-Buson, Hebert, et Damerval 1988). Pour déterminer les fréquences alléliques présents dans une population, on doit d'abord définir les fréquences génotypiques. L'estimation des fréquences alléliques se fait sur un groupe d'individus recrutés aléatoirement et avec les mêmes conditions de sélection.

La fréquence pour les marqueurs STRs est estimée par la formule suivante :

$$P_i = \frac{2 \text{Hom}_{ii} + 2 \text{Het}_{jj}}{2N}$$

Sachant que N est le nombre d'individus constituant l'échantillon et qui doit être supérieur à 100, « Hom » est le nombre d'individus homozygotes pour l'allèle « i » et « Het_{ij} » est le nombre d'individus hétérozygotes. L'erreur standard de cette estimation est :

$$Sd = \sqrt{\frac{P_i (1 - p_i)}{2N}}$$

7.2.3 Taux d'hétérozygotie attendu (He) :

Si on considère qu'une population est panmictique sous l'hypothèse d'équilibre de Hardy-Weinberg, on détermine la fréquence théorique des hétérozygotes H_e (expected heterozygosity) pour chaque locus à partir des fréquences alléliques. S'il y a n allèles avec les fréquences $p_1, p_2, p_3, \dots, p_n$, la fréquence théorique des hétérozygotes sera :

$$H_e = \sum_{i=1}^{i=n} p_i^2$$

Pour déterminer la fréquence théorique des hétérozygotes pour plusieurs locus, on passe au calcul de l'hétérozygotie moyenne (H_e), qui représente la moyenne du taux d'individus

hétérozygotes par population. La moyenne arithmétique de toutes les valeurs de H_e est calculée selon la formule suivante :

$$H_e = (\sum h_e)/L \quad \text{avec : } L = \text{nombre de loci.}$$

Le logiciel Cervus (Marshall et al. 1998) calcule le taux d'hétérozygotie selon la proposition de Nei (Nei 1978) qui est défini comme étant la probabilité de tirer, au hasard deux allèles différents à un même locus. L'estimation est calculée selon la formule suivante:

$$H = \frac{2N}{2N-1} \left(1 - \sum_{i=1}^{i=n} p_i^2 \right)$$

Avec N le nombre d'individus analysés.

7.2.4 Taux d'hétérozygotie observé :

L'hétérozygotie H_o (observed heterozygosity) est déterminée à partir de la fréquence mesurée des hétérozygotes (nombre des individus hétérozygotes au locus k divisé par le nombre total des individus de l'échantillon) (Nei 1973) ou P_{ij} est l'estimation de la fréquence du génotype ij au locus k et a_k selon la formule suivante:

$$H_{ok} = \sum_{i,j=1}^{a_k} P_{ij} \quad (i \neq j)$$

Si on considère l locus, le taux d'hétérozygotie observé (H_o) est la moyenne de (H_{ok}) selon la formule:

$$H_o = \frac{1}{l} \sum_{k=1}^l H_{ok}$$

Afin de décrire la diversité génétique entre les populations, il est nécessaire de déterminer la distance génétique qui est définie comme la proportion d'éléments génétiques en commun. Pour mesurer la diversité génétique (Nei et Chesser 1983) au sein d'une population, on la subdivise en trois catégories: les individus (I), les sous-population (S) et la population totale (T). Ainsi, définir l'hétérozygotie de chaque catégorie (Wright 1978).

H_I est l'hétérozygotie des individus observée correspondant à une sous-population (i) pour l'ensemble des sous population (N), elle se calcule selon la formule suivante:

$$H_I = \sum_i^k H_i / N$$

H_S est l'hétérozygotie moyenne d'une sous-populations pour l'ensemble des sous-populations (N), représentée selon la formule suivante:

$$H_S = \sum_i^k H_{S*}/N$$

H_{S*} indique l'hétérozygotie attendue par individu provenant de chaque sous-population considérée en équilibre de Hardy-Weinberg. Soit p_i la fréquence de l'allèle (i) pour la sous-population (s):

$$H_{S*} = 1 - \sum_i^k p_i^2$$

H_T est l'hétérozygotie attendue par individu appartenant à la population totale considérée en équilibre de Hardy-Weinberg, on notant que p_i est la fréquence de l'allèle (i) pour l'ensemble des sous-populations (N):

$$H_T = 1 - \sum_i^k p_i^2$$

La détermination de l'hétérozygotie des différents niveaux de la population totale permet de mesurer l'écart par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg via trois importants indices statistiques F de Wright : F_{IS} , F_{ST} et F_{IT} .

7.2.5 Indice de fixation (F_{IS}) :

L'indice F_{IS} ou appelé aussi le Coefficient de consanguinité mesure l'écart entre la population d'individus trouvés à l'état hétérozygote H_o et le taux d'hétérozygote attendu H_E se calcule selon la formule suivante:

$$F_{IS} = 1 - \frac{H_o}{H_E}$$

Cet indice appelé coefficient de consanguinité, il permet de connaître le déficit en hétérozygotes par population, en mesurant la consanguinité entre les individus d'une même sous-population (Nei 1986). On considère que l'indice F_{IS} est positif quand la population présente une hétérozygotie anormale, et dans le cas où les individus partagent les mêmes fréquences alléliques le déficit prend la valeur zéro. La valeur tend vers la négativité quand l'hétérozygotie et remarquablement élevée chez la population. Pour les différents niveaux de la population totale, le F_{IS} est exprimé comme suit:

$$F_{IS} = \frac{H_S - H_I}{H_S}$$

7.2.6 Paramètres de différenciation F_{ST} et F_{IT} :

L'indice F_{ST} ou l'indice de fixation dépend des fréquences alléliques et renseigne sur la diminution de l'hétérozygotie au niveau des sous-populations, il mesure l'effet Wahlund ou structuration des populations (Wahlund 1928) le F_{ST} est considéré positif quand l'hétérozygotie au niveau de la population totale est plus élevée que celle noté au niveau des

sous-populations. Cet indice prend la valeur zéro lorsque toutes les sous-populations sont à l'équilibre de Hardy-Weinberg. L'indice de fixation est exprimé selon la formule suivante:

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

L'indice F_{IT} permet de mesurer le déficit global d'hétérozygotie au niveau de la population totale résultant des deux paramètres étudiés précédent :

$$F_{IT} = \frac{H_T - H_I}{H_T}$$

Les trois indices de fixation de Wright sont liés par la relation suivante:

$$(1 - F_{IT}) = (1 - F_{IS}) (1 - F_{ST})$$

7.3 Paramètres médicaux légaux:

L'estimation de l'informativité des marqueurs STRs en expertise médico-légale est appréhendée par le calcul de certains paramètres notamment, le pouvoir de discrimination (PD), la probabilité d'exclusion (PE), la probabilité de coïncidence (MP), et le contenu informatif du polymorphisme (CIP).

7.3.1 Le contenu informatif du polymorphisme PIC ou CIP:

Cet indice permet de mesurer le degré de variabilité d'un marqueur génétique, et se calcule selon la formule de Botstein (Botstein et al. 1980) :

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - \left(\sum_{i=1}^n p_i^2 \right)^2 - \sum_{i=1}^n p_i^4$$

Avec p_i la fréquence de l'allèle « i » et « n » le nombre d'allèle.

7.3.2 La probabilité de coïncidence (MP) ou Matching probability:

La probabilité de coïncidence que de deux individus pris au hasard de la même population ait le même génotype au niveau d'un marqueur donné. Elle est calculée selon la formule de Jones (Jones 1972).

$$MP = \sum_{k=1}^n p_k^2$$

Avec p_k la fréquence p_k de chaque génotype « k » et « n » le nombre de génotype.

La probabilité de coïncidence de N marqueurs est le produit des probabilités de coïncidence de chaque marqueur :

$$MP_c = \prod_{i=1}^n PM_i$$

7.3.3 Le pouvoir de discrimination PD

Le pouvoir de discrimination est défini comme la capacité d'un marqueur à séparer et différencier deux individus non apparentés (Jones 1972). Plus le pouvoir de discrimination est élevé, plus la capacité de détecter le polymorphisme génétique est plus grande. Il est calculé selon la formule suivante :

$$PD = 1 - MP$$

Le calcul du pouvoir de discrimination pour n marqueurs se fait selon la formule suivante :

$$PD_n = 1 - MP_n$$

7.3.4 La probabilité d'exclusion (PE)

C'est la probabilité d'exclure faussement un individu d'une paternité, c'est-à-dire le père présumé est exclu d'être le père biologique de l'enfant, en se basant sur la comparaison des profils génétiques. La PE est exprimé par la formule suivante :

$$CE = pq(1 - pq)$$

Avec « p » est la probabilité pour que l'individu transmette l'allèle a et « q » est la probabilité qu'un individu transmette l'allèle b.

Pour un système multiallèlique, cette probabilité est calculée selon la formule d'Ohn et ses collaborateurs (1982) :

$$CE = \sum_{i=1}^n (1 - p_i)^2 (1 - p_i + p_i^2) + \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n p_i p_j (p_i + p_j)(1 - p_i - p_j)^2$$

Avec « n » le nombre d'allèles et « p_i » les fréquences géniques respectives. Ainsi pour n marqueurs, la probabilité d'exclusion cumulée est exprimée par la formule suivante :

$$CE = 1 - (1 - P_1)(1 - P_2)(1 - P_3) \dots (1 - P_n)$$

Avec p₁, p₂, ..., p_n sont les probabilités d'exclusion individuelles pour chaque marqueur utilisé.

RESULTATS ET DISCUSSION

Chapitre 8 : Résultats et discussion

8.1 Description sociodémographique de la population du nord du Maroc :

8.2 L'étude du comportement matrimonial

8.2.1 L'étude de l'endogamie géographique:

L'immobilité sociale est l'une des causes principales de l'endogamie, qui est définie comme étant la tendance de se marier entre semblables. Il existe différents types d'endogamies : l'endogamie familiale ou la consanguinité, l'endogamie géographique, professionnelle, ou religieuse.

Dans notre étude nous avons choisi, d'étudier l'endogamie géographique, selon le milieu de naissance.

8.2.1.1 Mesure de l'endogamie dans la population générale :

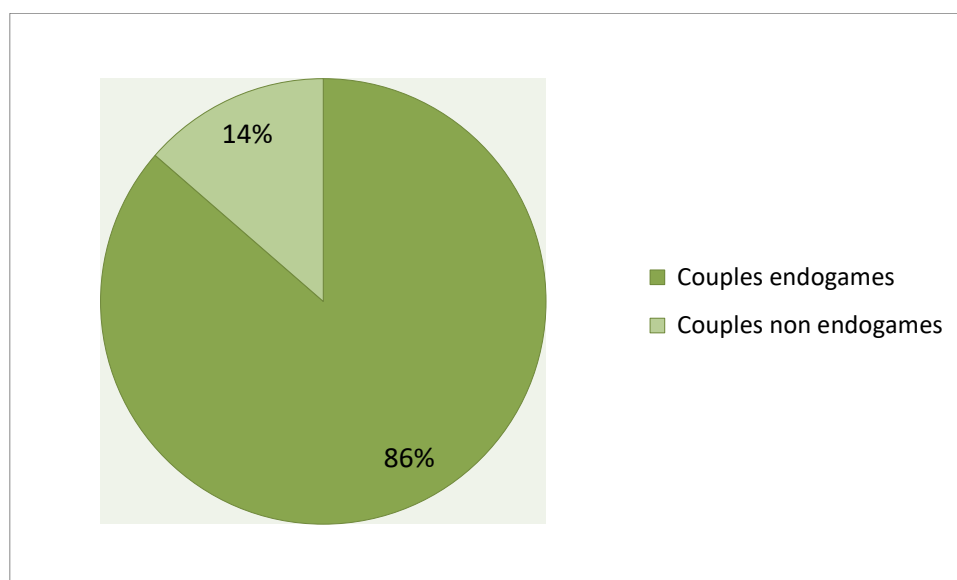


Figure 9 : Mesure du taux de l'endogamie géographique dans la population générale

La figure (9) montre que 86% des couples ont tendance à se procurer un conjoint semblable, originaire de la même commune de naissance. Certes, la majorité des jeunes quittent leurs parents vers une autre ville pour de multiples raisons, particulièrement le travail. Mais cela ne les empêche pas de revenir vers leur origine, pour chercher leur âme sœur. Selon ces jeunes, les futures épouses partagent les mêmes conditions socio-culturelles, ce qui leur donne le sentiment de sécurité, d'appartenance et de confiance.

8.2.1.2 L'endogamie géographique selon le milieu de naissance:

Sur un effectif de 617 couples, 501 couples appartiennent à des milieux de naissance urbains, et 116 couples appartenant à des milieux de naissance de nature rurales. Deux milieux témoignent d'un fort taux d'endogamie, avec une légère différence (95,69% et 83,43 %). (Voir tableau 8)

Tableau 8 : Mesure de l'endogamie selon le milieu de naissance(rural /urbain)

	Couples endogames		Couples exogames		Total
	Effectif	%	Effectif	%	
Urbain	418	83,43	83	16,57	501
Rural	111	95,69	5	4,31	116
					617

8.2.1.3 Mesure de l'endogamie selon les générations :

L'endogamie chez la première et la deuxième génération est généralement forte 85,34% et 90,21% respectivement. Ces taux régressent jusqu'à 74,34% en allant vers la dernière génération. A travers cette comparaison intergénérationnelle, nous pouvons conclure que la dernière génération commence à se libérer de la pression du milieu culturel. Voir tableau (9).

Tableau 9 : Mesure des mariages endogames et exogames selon les générations

	Effectif	Intervalle	Mariages endogames %	Mariages exogame %
G1	116	1919-1944	85,34	14,66
G2	388	1944-1969	90,21	9,79
G3	113	1969-1994	74,34	25,66
Total	617			

8.2.2 L'étude de la consanguinité

8.2.2.1 Répartition des mariages consanguins dans la population générale :

Le tableau suivant (10) représente la répartition des différents types de mariages consanguins contractés dans la population générale. Les pourcentages des liens cousin avec tous ces types, les parentés non définit et les non consanguins, ont été calculé afin de déterminer le coefficient de consanguinité de la population générale.

Tableau 10 : La répartition des unions consanguines selon les liens de parenté chez la population du Nord Du Maroc.

Liens de parenté	Coefficient de consanguinité		Effectif	%
Double cousins germains	1/8	0,125	1	0,06
Cousins issus de germains	1/64	0,01562	5	0,32
Cousins inégaux	1/32	0,03125	8	0,5
Cousin germain	1/16	0,0625	144	9,08
Parenté indéfinie	0,0597	0,0597	235	14,82
Pas de parenté	0	0	1193	75,22
Coefficient de consanguinité	0,0148253			

Les résultats du tableau (10) montrent que dans la population du Nord du Maroc, le pourcentage des couples consanguins atteint 24,78. Ce pourcentage est proche à celui enregistré dans la région de Doukkala 26,3% (Talbi et al. 2008), cependant il est faible comparé au pourcentage dénoté chez la population de Fritissa du Moyen Atlas (30.32%) (Latifi et al. 2004). Néanmoins il est élevé par rapport à celui enregistré chez la population de Gharb 20,06% (Attazagharti, N et al 2006; Hami et al. 2005).

Les unions entre les cousins germains sont les plus contractés avec un pourcentage de 9,08 %. La fréquence des autres unions reste par contre très faible. 14,82% des unions consanguines relevées, sont contractés entre des conjoints dont le lien de parenté est indéfini. Cette répartition des unions consanguines dans la population du nord du Maroc se traduit sur le plan génétique par un coefficient de consanguinité qui atteint **0,0148253**.

Dans le tableau suivant (11) le type d'union cousin germain est réparti en quatre liens différents. L'analyse des traits du choix du conjoint consanguin souligne une nette préférence pour les cousins germains, néanmoins, on assiste à une affinité préférentielle même à l'intérieur de cette catégorie des unions consanguines.

Tableau 11 : Répartition des cousins germains selon les types d'unions pour la population générale :

Description	Effectif	%
Fille de la sœur du père	13	9,28
Fille du frère de la mère	14	10
Fille de la sœur de la mère	24	17,13
Fille du frère du père	90	62,5

Cette préférence est susceptible de situer la population du nord du Maroc dans son contexte anthropologique et sociétale.

En effet s'agissant d'une société patriarcale, une nette préférence a été soulignée pour les unions avec fille du frère du père (62,5 %).

8.2.2.2 Répartition des mariages consanguins selon le milieu de naissance :

Les différents types d'unions consanguines, non consanguines et indéfinis sont répartis selon le milieu de naissance urbain ou rural (tableau 12).

Tableau 12 : Répartition des paramètres de la consanguinité selon le milieu rural et urbain.

	Effectif	Urbain %	Effectif	Rural %
Consanguinité %	22,83		30,33	
Coefficient de consanguinité	0.1386607357		0.0180392573	
Effectif	1253		333	
indéfinis	166	13,25	70	21,02
CG	111	8,86	29	8,71
CIG	5	0,40	2	0,60
CI	3	0,24	0	0,00
DCG	1	0,08	0	0,00
Non consanguins	967	77,17	232	69,67

Sur les 1586 couples étudiés, 1253 couples résident dans le milieu urbain. Toutefois, le pourcentage de consanguinité dans le milieu rural s'avère plus élevé (30,33%). Ce constat est le même pour le coefficient de consanguinité qui atteint 0.0180392573 dans le milieu rural contre 0.1386607357 dans le milieu urbain. En comparant les types des liens entre les deux milieux, la catégorie de la parenté indéfinie se voit plus élevée dans le milieu rural (21.02%) contre 13,25 dans le milieu urbain. Cependant le lien cousin germain est présent de manière égale dans les deux milieux.

8.2.2.3 Répartition des mariages consanguins selon les générations:

a) La répartition des mariages consanguins et non consanguins dans la population selon les générations :

Dans le tableau suivant, les mariages consanguins et non consanguins sont répartis selon l'âge de naissance des couples étudiés.

Tableau 13 : Répartition des mariages consanguins et non consanguins d'unions selon les générations.

	Effectif	Intervalle	NC %	C %	coefficient
G1	230	1894-1919	79,13	20,87	0,0130435
G2	811	1919-1944	76,2	23,8	0.0137522
G3	411	1944-1969	71,53	28,47	0.0172445
G4	134	1969-1994	73,88	26,12	0.0163245
Total	1586				

Les résultats du tableau (13) soulignent une augmentation du pourcentage et du coefficient consanguinité vers les dernières générations. Cependant le tableau 14 montre une diminution du pourcentage des liens de parenté indéfinis de 75% chez la première génération à 48,57% chez la dernière, cela peut nous mener à poser la question sur la vraie nature des liens oubliés ou indéfinis.

b) La répartition des différents types d'unions consanguines entre les générations :

Le tableau suivant (14) montre une domination du lien cousin germain chez toutes les générations. On comparant le pourcentage des CG avec le pourcentage des liens indéfinis on peut observer que plus les liens CG augmentent les liens indéfinis diminuent, alors ce constat nous confirme notre question sur la nature des liens indéfinis.

Tableau 14 : Répartition des différents types d'unions consanguines selon les générations.

	Effectif	Intervalle	CG %	CIG %	CI %	DCG %	ND
G 1	48	1894-1919	25	0	0	0	75
G2	193	1919-1944	28,48	1,56	2,6	0	67,36
G 3	117	1944-1969	50,43	1,72	2,56	0,85	44,44
G4	35	1969-1994	51,43	0	0	0	48,57
Total	393						

Les résultats du tableau (15) témoignent d'une nette préférence du mariage avec la cousine parallèle chez les quatre générations, notamment la fille du frère du père qui semble être la plus préférée chez la première génération (91,67%). Cependant la fréquence de ce mariage (FFP) ou « bent alam » diminue vers la dernière génération (27,78%).

Tableau 15 : Répartition des différents liens cousins germains selon les générations.

	Effectif	Cousins croisés		Cousins parallèles	
		CG/FFM %	CG/FSP %	CG/FSM %	CG/FFP %
G1	12	8,33	0	0	91,67
G2	55	10,91	5,45	9,09	74,55
G3	59	8,47	15,25	18,64	57,63
G4	18	11,11	16,67	44,44	27,78
Total	144				

8.2.3 L'étude de l'isonymie :

8.2.3.1 L'étude de l'isonymie dans la population générale :

La répartition des fréquences des patronymes permet d'estimer la consanguinité au sein des populations. Pour appliquer cette méthode, la transmission des noms de famille doit être continue et sans modification orthographique ou changement complet de nom.

Lors de l'enquête faite sur la population étudiée, nous avons pu avoir le nom de famille de 1458 couples. 11% avaient des noms de familles identiques. Cela veut dire que 161 couples sont des isonymes. Voir tableau (16).

Tableau 16 : Répartition des différents liens de consanguinité chez groupes isonymes et non isonymes :

Liens de parenté	Couples isonymes	Couples non isonymes
Cousins germains	83	65
Cousins issus de germains	1	6
Cousins inégaux	0	7
Double cousins germains	1	0
Parenté indéfinie	75	143
Pas de parenté	1	1204
Total	161	1425
% consanguins	99.38	15.50

Les résultats témoignent d'un pourcentage de consanguinité très élevé, (99.38 %) chez le groupe isonymes. Ce constat prouve le lien entre les noms de famille et les mariages

consanguins (Arner 1908), et que les patronymes pouvaient permettre d'estimer et calculer le degré de consanguinité des populations (SHAW 1960).

Tableau 17 : Répartition des différents liens cousins germains chez les groupes isonymes et non isonymes :

Description	Couples isonymes		Couples non isonymes	
	Effectif	%	Effectif	%
Fille de la sœur du père	1	1,20	15	23,07
Fille du frère de la mère	6	7,23	13	20
Fille de la sœur de la mère	2	2,41	21	32,31
Fille du frère du père	74	89,16	16	24,61
Total	83		65	

Le tableau (17) montre que le mariage avec la fille du frère du père (FFP) est le plus contracté chez le groupe des couples isonymes avec un pourcentage de 89,16 %. Chez le groupe des couples non isonymes on remarque que tous les liens cousins germains sont présent sans aucune préférence à un lien donné.

8.2.3.2 L'étude de l'isonymie selon le milieu de naissance :

Nous avons réparti notre population sur deux groupes, rural et urbain, afin d'évaluer l'effet de la nature de milieu sur l'isonymie. Le tableau suivant (18) montre que le pourcentage des couples isonymes dans le milieu urbain plus proche de celui dénoté dans le milieu rural avec une faible différence 10,02% et 13,80% respectivement.

Tableau 18 : L'étude de l'isonymie selon le milieu rural et urbain.

	Milieu Urbain		Milieu Rural	
	Effectif	%	Effectif	%
Isonymes	114	10,02	47	13,80
Non isonymes	1023	89,97	274	86,20
Total	1137		321	

8.2.3.3 L'étude de l'isonymie selon les générations :

Le tableau suivant (19) montre que le taux de l'isonymie diminue à travers les générations mais d'une manière très faible voir stable. Cela nous mène à poser la question sur l'isonymie en tant que comportement en considérant la consanguinité (99,38 %) chez les groupes des couples isonymes .

Tableau 19 : L'étude de l'isonymie selon les générations.

	Effectif	Intervalle	Couples isonymes %	Différents noms
G1	233	1894-1919	12,02	87,98
G2	829	1919-1944	11,34	88,66
G3	396	1944-1969	10,61	89,39
Total	1458			

8.2.4 Estimation de la consanguinité à travers l'isonymie :

8.2.4.1 Estimation de la consanguinité à travers l'isonymie :

La valeur du coefficient de consanguinité calculé à travers l'isonymie est 2 fois plus élevée (0,0276031) par rapport à celui du coefficient calculé via les liens de parenté (0,0148253).

Cela est peut-être dû au grand pourcentage des liens de parenté indéfinis (50% des couples isonymes), Cela veut dire que 75 couples isonymes sur 161 présentent des liens de parenté indéfinis ce qui augmente le coefficient de consanguinité, et augmente le pourcentage des isonymes consanguins (99,38%), par conséquence cela peut diminuer ou augmenter la capacité informative de la méthode isonymique.

Tableau 20 : Mesure des différents types d'unions consanguines par l'isonymie dans la population générale.

Liens de parenté	Coefficient de consanguinité		Effectif	%
Double cousins germains	1/8	0,125	1	0,06
Cousins issus de germains	1/64	0,01562	5	0,32
Cousins inégaux	1/32	0,03125	8	0,5
Cousin germain	1/16	0,0625	144	9,08
Parenté indéfinie	0,0148	0,0148	235	14,82
Pas de parenté	0	0	1193	75,22
Consanguinité apparente (Ca)	0,0148253			
Consanguinité par isonymie (F)	0.0276031			

8.2.4.2 Mesure de la consanguinité par l'isonymie selon le milieu de naissance :

Le Tableau suivant (21) montre que le coefficient de consanguinité calculé à travers l'isonymie dans le milieu rural et le milieu urbain est différent, on peut dire que la méthode isonymique est plus informative dans le milieu rural trois fois le coefficient de consanguinité calculé à travers les liens de parentés (0.03303) comparé au milieu urbain. En comparant les pourcentages de consanguinité on observe que le pourcentage des liens indéfinis est plus élevé dans ce milieu (21.02%), cela nous confirme l'effet de ces liens indéfinis sur l'estimation de la consanguinité dans ces deux milieux.

Tableau 21 : Mesure des différents types d'unions consanguines par l'isonymie dans le milieu urbain et rural.

	Effectif	Urbain %	Effectif	Rural %
Autres	166	13,25	70	21,02
CG	111	8,86	29	8,71
CIG	5	0,40	2	0,60
CI	3	0,24	0	0,00
DCG	1	0,08	0	0,00
P.P	967	77,17	232	69,67
Effectif	1253		333	
Ca %		22,83		30,33
Ca		0,1386607357		0.0180392573
F		0.02334		0.03303

8.2.4.3 Mesure de la consanguinité par l'isonymie selon les générations :

Les résultats du tableau (22) montrent que le coefficient de consanguinité par l'isonymie est plus grand que le coefficient de consanguinité calculé à travers les liens de parenté chez la première génération (3 ×), et 2 × chez la deuxième génération, par contre chez la troisième génération la méthode isonymique semble être moins informative.

Tableau 22 : Mesure des différents types d'unions consanguines par l'isonymie selon les générations.

	Effectif	CG %	CIG %	CI %	DCG %	ND	Ca	F
G 1	48	25	0	0	0	75	0,0130435	0.030043
G2	193	28,48	1,56	2,6	0	67,36	0.0137522	0.028346
G 3	117	50,43	1,72	2,56	0,85	44,44	0.0172445	0.028345
Total	358							

L'étude de la transmission de la consanguinité dans les trois niveaux de famille (Couples étudiés, Parents, grands-parents) :

Dans l'objectif d'étudier l'hérédité du comportement matrimonial lui-même. L'échantillon étudié a été subdivisé en trois générations linéaires comme résumé dans la figure suivante.

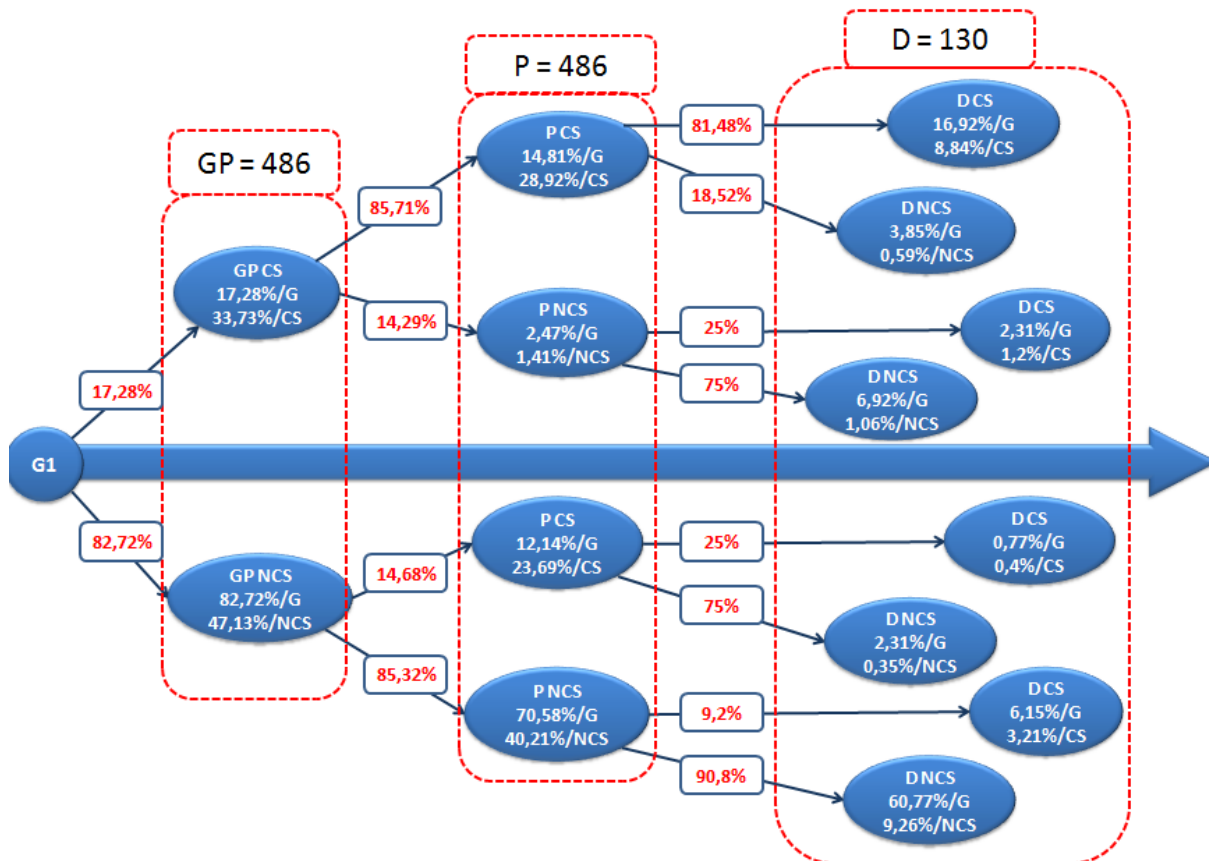


Figure 10 : L'hérédité de la consanguinité en tant que comportement chez la population du nord du Maroc

La population étudiée se divise en 2 groupes, groupes consanguins et groupes non consanguins. Afin de Suivre la transmission ou la non transmission de ce caractère, on a séparé les deux groupes, et on a calculé le pourcentage des couples consanguins et non consanguins dans chaque génération.

S'agissant de la première génération, les couples consanguins ne représentent que 17.28%, cependant, la majorité des couples de la deuxième et troisième génération sont des consanguins, 85.71% et 81.84% respectivement. Concernant le groupe non consanguin, les couples non consanguins dominent fortement dans les trois générations, 82.72%, 85.32% et 90.8% respectivement.

8.3 L'étude de la structure génétique de la population du nord du Maroc :

8.3.1 L'étude de la distribution des fréquences alléliques :

8.3.1.1 Distribution des fréquences alléliques dans la population du nord du Maroc :

Tableau 23: Répartition des Fréquences alléliques des 15 STRs dans la population du nord du Maroc.

	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
5	-	-	-	-	-	-	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-
6	-	-	-	-	-	-	-	0.195652	-	-	-	-	-	0.001976	-
6,3	-	-	-	-	-	-	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	-	0.013834	-	-	0.166008	0.003953	-	-	-	-	0.005929	-
7,3	-	-	-	-	-	-	-	0.005929	-	-	-	-	-	-	-
8	0.047431	-	0.009881	-	0.094862	0.003953	-	0.201581	0.077075	0.035573	-	-	-	0.399209	0.003953
8,2	-	-	-	-	0.003953	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8,3	-	-	-	-	-	-	-	0.007905	-	-	-	-	-	-	-
9	0.055336	-	0.013834	-	0.108696	0.017787	-	0.278656	0.025692	-	-	-	-	0.179842	-
9,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.001976
9,3	-	-	-	-	-	-	-	0.106719	-	-	-	-	-	-	-
10	0.045455	-	0.057312	-	0.318182	0.282609	-	0.031621	0.039526	0.100791	-	0.021739	-	0.090909	0.013834
10,2	-	-	-	-	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	0.258893	-	0.114625	-	0.260870	0.337945	0.003953	0.001976	0.351779	0.272727	-	0.007905	-	0.296443	0.029644
11,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.007905	-	-	-
12	0.359684	-	0.100791	-	0.167984	0.296443	0.001976	-	0.312253	0.225296	-	0.108696	-	0.023715	0.152174
12,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.007905	-	-	0.001976
13	0.201581	-	0.237154	-	0.027668	0.039526	0.001976	-	-	0.187747	0.001976	0.260870	0.007905	-	0.136364
13,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.013834	-	-	-
14	0.023715	-	0.229249	-	0.001976	0.003953	0.059289	-	0.071146	0.027668	-	0.286561	0.130435	-	0.140316
14,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.021739	-	-	-
15	0.005929	-	0.193676	-	-	-	0.302372	-	0.003953	0.001976	0.003953	0.169960	0.205534	-	0.102767
15,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.037549	-	-	-
16	-	0.001976	0.031621	-	-	-	0.276680	-	-	-	0.047431	0.025692	0.245059	-	0.146245
16,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.011858	-	-	0.033597
17	0.001976	0.001976	0.011858	0.001976	-	0.001976	0.207510	-	-	-	0.272727	0.009881	0.235178	0.001976	0.083004
17,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.001976	-	-	-
18	-	0.005929	-	-	-	-	0.122530	-	-	0.001976	0.114625	0.001976	0.003953	-	0.061265
18,2	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.049407	-	-
19	-	0.027668	-	-	-	-	0.017787	-	-	-	0.112648	0.001976	0.011858	-	0.015810
20	-	0.094862	-	0.001976	-	-	0.001976	-	-	-	0.124506	-	-	-	0.021739
20,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.003953
21	-	0.282609	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	0.051383	-	-	-	0.005929
21,2	-	-	-	0.005929	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	-	0.205534	-	-	0.001976	-	-	-	-	-	0.049407	-	-	-	0.005929

22,2	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
23	-	0.164032	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	0.063241	-	-	-	0.001976
24	-	0.148221	-	-	-	-	-	-	-	-	0.094862	-	-	-	0.001976
25	-	0.039526	-	0.003953	-	-	-	-	-	-	0.049407	0.001976	-	-	-
25,2	-	-	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
26	-	0.019763	-	-	-	-	-	-	-	-	0.013834	-	-	-	0.035573
27	-	0.001976	-	0.019763	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
28	-	-	-	0.118577	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29	-	0.001976	-	0.229249	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29,2	-	-	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30	-	-	-	0.237154	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30,2	-	-	-	0.007905	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31	-	-	-	0.049407	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31,2	-	-	-	0.104743	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32	-	-	-	0.007905	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32,2	-	-	-	0.140316	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33	-	-	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33,2	-	-	-	0.043478	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34	-	-	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34,2	-	-	-	0.003953	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35	-	-	-	0.009881	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35,2	-	-	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ho	0.74308	0.85375	0.86957	0.84980	0.72727	0.65613	0.71937	0.73123	0.73913	0.77075	0.88933	0.65613	0.74308	0.69960	0.82213
He	0.75648	0.81885	0.82732	0.84310	0.78224	0.71736	0.77160	0.80497	0.75384	0.80762	0.86301	0.80708	0.81208	0.71295	0.89343
P	0.02223	0.12466	0.41516	0.15079	0.00041	0.38191	0.61608	0.00000	0.03256	0.16851	0.29109	0.00000	0.08966	0.08957	0.00000

H0 : Hétérozygotie observée; *He* : Hétérozygotie attendue ; *P* : Test exact de l'équilibre Hardy-Weinberg ; *c* : Correction de Bonferroni

Locus D5S818 :

Ce locus présente **9 allèles**. Les allèles 11 et 12 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.258 et 0.359, par contre l'allèle 17 est le moins fréquent avec une valeur de 0.001.

Locus FGA :

Nous avons observé **15 allèles** au niveau de ce locus, l'allèle 21 est le plus fréquent, avec une fréquence de 0.282. Les allèles 16, 17, 18.2, 22.2, 27 et 29 sont les moins fréquents avec une valeur de 0.001.

Locus D8S1179 :

Ce locus contient **10 allèles**, la fréquence maximale est notée chez l'allèle 13, et l'allèle 14 (soit des fréquences de 0.229 et 0.237 respectivement). L'allèle 8 est le moins fréquent (0.009).

Locus D21S11 :

Ce locus est le plus polymorphe avec **23 allèles** au. Les allèles 29 et 30 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.229 et 0.237, alors que les allèles 17, 20, 21, 23, 25.2, 27, 29.2, 33, 34, et 35.2 sont faiblement représentés avec une fréquence de 0.001.

Locus D7S820 :

Ce locus montre **10 allèles**. Les allèles 10 et 11 sont les plus fréquents avec des fréquences de 0.318 et 0.260 respectivement, alors que la plus faible fréquence est de 0.001, notée chez l'allèle 14.

Locus CSF1PO :

9 allèles ont été détectés au niveau de ce locus. Les allèles 10, 11 et 12 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.282, 0.337 et 0.296. Les allèles 10.5 et 17 présentent la plus faible fréquence de (0.001).

Locus D3S1358 :

Ce locus est représenté par **10 allèles**. L'allèle 15 se présente comme le plus (0.302), Les allèles 12, 13 et 19 ont les fréquences les plus faibles (0.001).

Locus TH01 :

Ce locus présente **11 allèles**. La fréquence la plus élevée est détectée au niveau de l'allèle 8 et l'allèle 9 avec des fréquences respectives de 0.278 et 0.201. Les allèles 5, 6.3 et 11 ont les fréquences les plus faibles (0.001).

Locus D13S317 :

Au niveau de ce locus, nous avons recensé **8 allèles**. La fréquence la plus importante est détectée au niveau des allèles 11 et 12 (0.351 et 0.312 respectivement). Les allèles 7 et 15 sont les plus rares avec une fréquence de 0.003.

Locus D16S539 :

Ce locus est parmi les STRs les moins polymorphes, il ne présente que **8 formes alléliques**. Les fréquences les plus élevées sont celles par les allèles 11 et 12 avec des valeurs respectives de 0.272 et 0.225. Les allèles 15 et 18 présentent une fréquence faible de 0.001.

Locus D2S1338 :

Ce locus présent **13 formes alléliques** dont la fréquence la plus importante est rencontrée au niveau de l'allèle 17 (0.272), tandis que l'allèle 13 est le moins fréquent avec une valeur de (0.001).

Locus D19S433 :

Au niveau de ce locus, **18 allèles** sont rencontrés. Les allèles 13 et 14 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.286 et 0.260. Les allèles 17.2, 18, 19 et 25 sont les plus faiblement fréquents (0.001).

Locus vWA :

Ce locus révèle **8 allèles**, Les allèles 15, 16 et 17 présentent les fréquences les plus élevées (soit respectivement 0.205, 0.245 et 0.235), par contre l'allèle 18 présente une fréquence faible de 0.003.

Locus TPOX :

Ce locus présente **8 allèles**. Les allèles 8 et 11 présentent les fréquences les plus élevées (soit 0.399 et 0.296). Les allèles 6 et 17 ont une fréquence faible de 0.001.

Locus D18S51 :

Ce locus est parmi les locus les plus polymorphes avec **21 allèles**. L'allèle 12 est le plus fréquent avec une valeur de 0.152. Les allèles 9.2, 12.2, 23 et 24 présentent la plus faible fréquence (0.001).

8.3.1.2 Distribution des fréquences alléliques dans la population de Tanger :

Tableau 24 : Distribution des fréquences alléliques des 15 STRs dans la population de Tanger

	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	-	-	-	-	-	-	-	0.211806	-	-	-	-	-	0.003472	-
6,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	-	0.006944	0.006944	-	0.197917	0.003472	-	-	-	-	0.006944	-
7,3	-	-	-	-	-	-	-	0.003472	-	-	-	-	-	-	-
8	0.041667	-	0.010417	-	0.104167	0.013889	-	0.177083	0.083333	0.038194	-	-	-	0.395833	0.006944
8,2	-	-	-	-	0.006944	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8,3	-	-	-	-	-	-	-	0.006944	-	-	-	-	-	-	-
9	0.062500	-	0.017361	-	0.100694	0.017361	-	0.284722	0.031250	0.149306	-	-	-	0.170139	-
9,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9,3	-	-	-	-	-	-	-	0.093750	-	-	-	-	-	-	-
10	0.048611	-	0.052083	-	0.319444	0.284722	-	0.024306	0.038194	0.100694	-	0.020833	-	0.090278	0.006944
10,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

11	0.263889	-	0.125000	-	0.277778	0.329861	0.006944	-	0.357639	0.312500	-	0.013889	-	0.302083	0.027778
11,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.006944	-	-	-
12	0.329861	-	0.118056	-	0.152778	0.309028	-	-	0.274306	0.180556	-	0.107639	-	0.027778	0.170139
12,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.006944	-	-	0.003472
13	0.218750	-	0.211806	-	0.024306	0.031250	-	-	0.121528	0.180556	-	0.260417	0.010417	-	0.125000
13,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.020833	-	-	-
14	0.027778	-	0.218750	-	0.003472	0.003472	0.055556	-	0.083333	0.031250	-	0.260417	0.125000	-	0.163194
14,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.024306	-	-	-
15	0.003472	-	0.194444	-	-	-	0.302083	-	0.006944	0.003472	0.003472	0.159722	0.211806	-	0.083333
15,2	-	-	-	-	-	-	0.003472	-	-	-	-	0.048611	-	-	-
16	-	0.003472	0.045139	-	-	-	0.298611	-	-	-	0.059028	0.024306	0.225694	-	0.156250
16,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.013889	-	-	0.027778
17	0.003472	0.003472	0.006944	0.003472	-	0.003472	0.187500	-	-	-	0.267361	0.017361	0.239583	0.003472	0.097222
17,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.003472	-	-	-
18	-	0.003472	-	-	-	-	0.121528	-	-	0.003472	0.121528	0.003472	0.118056	-	0.059028
18,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.003472	-	-
19	-	0.031250	-	-	-	-	0.020833	-	-	-	0.107639	0.003472	0.048611	-	0.010417
20	-	0.104167	-	-	-	-	0.003472	-	-	-	0.100694	-	0.017361	-	0.024306
20,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21	-	0.260417	-	0.003472	-	-	-	-	-	-	0.059028	-	-	-	0.003472
21,2	-	-	-	0.006944	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	-	0.215278	-	-	0.003472	-	-	-	-	-	0.041667	-	-	-	0.003472
22,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
23	-	0.166667	-	-	-	-	-	-	-	-	0.065972	-	-	-	-
24	-	0.149306	-	-	-	-	-	-	-	-	0.100694	-	-	-	0.003472
25	-	0.041667	-	0.003472	-	-	-	-	-	-	0.052083	0.003472	-	-	-
25,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
26	-	0.020833	-	-	-	-	-	-	-	-	0.020833	-	-	-	0.027778
27	-	-	-	0.020833	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
28	-	-	-	0.100694	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29	-	-	-	0.225694	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29,2	-	-	-	0.003472	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30	-	-	-	0.256944	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30,2	-	-	-	0.006944	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31	-	-	-	0.055556	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31,2	-	-	-	0.104167	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32	-	-	-	0.006944	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32,2	-	-	-	0.142361	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33	-	-	-	0.003472	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33,2	-	-	-	0.034722	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34	-	-	-	0.003472	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34,2	-	-	-	0.003472	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35	-	-	-	0.010417	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35,2	-	-	-	0.003472	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ho	0.74306	0.87500	0.89583	0.85417	0.70139	0.63889	0.74306	0.71528	0.79167	0.77778	0.89583	0.64583	0.72222	0.68750	0.80556

He	0.76757	0.82460	0.83762	0.83962	0.77846	0.71557	0.76873	0.79687	0.76837	0.80505	0.86868	0.82489	0.81729	0.71661	0.88441
P	0.06169	0.33559	0.76187	0.00000	0.02999	0.19791	0.80798	0.05811	0.21791	0.12994	0.70876	0.00000	0.00573	0.56668	0.00000

H0 : Hétérozygotie observée; He : Hétérozygotie attendue ; P : Test exact de l'équilibre Hardy-Weinberg ; c: Correction de Bonferroni

Locus D5S818 :

Ce locus présente **9 allèles**. Les allèles 11 et 12 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.263 et 0.329, par contre l'allèle 17 est le moins fréquent avec une valeur de 0.003.

Locus FGA :

Nous avons observé **11 allèles** au niveau de ce locus, les allèles 21 et 22 sont les plus fréquents, avec des fréquences respectives de 0.260 et 0.215. Les allèles 20, 23 et 24 sont faiblement représentés avec des fréquences respectives de 0.104, 0.166 et 0.149. Les allèles 16, 17 et 18 sont les plus faiblement fréquents (0.003).

Locus D8S1179 :

Ce locus contient **10 allèles**, la fréquence maximale est notée chez l'allèle 13, et l'allèle 14 (soit des fréquences de 0.211 et 0.218 respectivement). L'allèle 17 est le moins fréquent (0.006).

Locus D21S11 :

Ce locus est le plus polymorphe avec **20 allèles** au. Les allèles 29 et 30 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.225 et 0.256, alors que les allèles 17, 21, 25, 29.2, 33, 33.2, 34, 34.2, et 35.2 sont faiblement représentés avec une fréquence de 0.003.

Locus D7S820 :

Ce locus montre **10 allèles**. Les allèles 10 et 11 sont les plus fréquents avec des fréquences de 0.319 et 0.277 respectivement, alors que la plus faible fréquence est de 0.003, notée chez l'allèle 14 et 21.

Locus CSF1PO :

9 allèles ont été détectés au niveau de ce locus. Les allèles 10, 11 et 12 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.284, 0.329 et 0.309. Les allèles 14 et 17 présentent la plus faible fréquence de (0.003).

Locus D3S1358 :

Ce locus est représenté par **9 allèles**. Les allèles 15 et 16 se présentent comme les plus fréquents (soit 0.302 et 0.298), Les allèles 12, 13 et 19 ont les fréquences les plus faibles (0.001).

Locus TH01 :

Ce locus présente **8 allèles**. La fréquence la plus élevée est détectée au niveau de l'allèle 9 avec une fréquence de 0.284. L'allèle 7.3 a la fréquence la plus faible (0.003).

Locus D13S317 :

Au niveau de ce locus, nous avons recensé **9 allèles**. La fréquence la plus importante est détectée au niveau des allèles 11 et 12 (0.274 et 0.357 respectivement). L'allèle 7 est le plus rares avec une fréquence de 0.003.

Locus D16S539 :

Ce locus est parmi les STRs les moins polymorphes, il ne présente que **9 formes alléliques**. Les fréquences les plus élevées sont celles par les allèles 11 avec une valeur de 0.312. Les allèles 15 et 18 présentent une fréquence faible de 0.003.

Locus D2S1338 :

Ce locus présent **12 formes alléliques** dont la fréquence la plus importante est rencontrée au niveau de l'allèle 17 (0.267), tandis que l'allèle 15 est le moins fréquent avec une valeur de (0.003).

Locus D19S433 :

Au niveau de ce locus, **18 allèles** sont rencontrés. Les allèles 13 et 14 sont les plus fréquents avec une fréquence de 0.260. L'allèle 17.2, 18, 19 et 25 sont les plus faiblement fréquent (0.003).

Locus vWA :

Ce locus révèle **9 allèles**, Les allèles 15, 16 et 17 présentent les fréquences les plus élevées (soit respectivement 0.211, 0.225 et 0.239), par contre l'allèle 18.2 présente une fréquence faible de 0.003.

Locus TPOX :

Ce locus présente **8 allèles**. Les allèles 8 et 11 présentent les fréquences les plus élevées (soit 0.395 et 0.302). Les allèles 6 et 17 ont une fréquence faible de 0.003.

Locus D18S51 :

Ce locus présente **allèles**. L'allèle 12 est le plus fréquent avec une valeur de 0.170. Les allèles 21, 22, 23 et 24 présentent la plus faible fréquence (0.003).

8.3.1.3 Distribution des fréquences alléliques dans la population de Tetouan :

Tableau 25 : Répartition des fréquences alléliques des 15 STRs dans la population de Tetouan

	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
5	-	-	-	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-
6	-	-	-	-	-	-	-	0.191176	-	-	-	-	-		-
6,3	-	-	-	-	-	-	-	0.014706	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	-	0.044118	-	-	0.132353		-	-	-	-		-
7,3	-	-	-	-	-	-	-	0.029412	-	-	-	-	-	-	-
8	0.014706	-	0.014706	-	0.088235	0.014706	-	0.264706	0.132353	0.044118	-	-	-	0.338235	
8,2	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8,3	-	-	-	-	-	-	-	0.029412	-	-	-	-	-	-	-
9	0.044118	-		-	0.073529	0.014706	-	0.102941	0.029412	0.161765	-	-	-	0.250000	-
9,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
9,3	-	-	-	-	-	-	-	0.176471	-	-	-	-	-	-	-
10	0.014706	-	0.044118	-	0.220588	0.308824	-	0.044118	0.029412	0.073529	-	0.014706	-	0.102941	0.014706
10,2	-	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	0.352941	-	0.058824	-	0.264706	0.352941		0.014706	0.352941	0.161765	-		-	0.294118	
11,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		-	-	-
12	0.352941	-	0.073529	-	0.279412	0.308824	0.014706	-	0.338235	0.338235	-	0.058824	-	0.014706	0.132353
12,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		-	-	
13	0.191176	-	0.308824	-	0.029412			-	0.073529	0.191176	0.014706	0.279412		-	0.132353
13,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		-	-	-
14	0.014706	-	0.235294	-			0.044118	-	0.044118	0.029412	-	0.338235	0.191176	-	0.117647
14,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.014706	-	-	-
15	0.014706	-	0.235294	-	-	-	0.264706	-			0.014706	0.250000	0.205882	-	0.132353
15,2	-	-	-	-	-	-	0.014706	-	-	-	-	0.029412	-	-	-
16	-		0.014706	-	-	-	0.264706	-	-	-	0.014706	0.014706	0.161765	-	0.102941
16,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		-	-	0.102941
17	-		0.014706		-		0.220588	-	-	-	0.250000		0.250000		0.029412
17,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		-	-	-
18	-	0.005929	-	-	-	-	0.176471	-	-		0.073529		0.147059	-	0.073529
18,2	-	0.001976	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.014706	-	-
19	-		-	-	-	-		-	-	-	0.088235		0.014706	-	0.029412
20	-	0.058824	-	0.014706	-	-		-	-	-	0.161765	-	0.014706	-	0.014706
20,2		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
21		0.279412	-		-	-	-	-	-	-	0.044118	-	-	-	
21,2		-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	-	0.294118	-	-	0.001976	-	-	-	-	-	0.073529	-	-	-	-
22,2	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
23	-	0.161765	-		-	-	-	-	-	-	0.132353	-	-	-	0.014706

24	-	0.132353	-	-	-	-	-	-	-	-	0.102941	-	-	-	-
25	-	0.014706	-	0.014706	-	-	-	-	-	-	0.029412	-	-	-	-
25,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
26	-	0.014706	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.102941
27	-	0.014706	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
28	-	-	-	0.117647	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29	-	-	-	0.323529	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30	-	-	-	0.235294	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31	-	-	-	0.029412	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31,2	-	-	-	0.088235	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32,2	-	-	-	0.132353	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33,2	-	-	-	0.029412	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35	-	-	-	0.014706	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ho	0.73529	0.79412	0.91176	0.82353	0.67647	0.64706	0.58824	0.85294	0.76471	0.67647	0.91176	0.52941	0.79412	0.70588	0.91176
He	0.72212	0.79895	0.79412	0.81036	0.79895	0.69447	0.78929	0.84241	0.74539	0.80026	0.87401	0.75110	0.82221	0.73661	0.90737
P	0.46157	0.49648	0.00158	0.37948	0.21539	0.83067	0.00765	0.41629	0.52480	0.34537	0.66056	0.01214	0.69711	0.92124	0.00000

H0 : Hétérozygotie observée; He : Hétérozygotie attendue ; P : Test exact de l'équilibre Hardy-Weinberg ; c : Correction de Bonferroni

Locus D5S818 :

Ce locus présente **8 allèles**. Les allèles 11 et 12 sont les plus fréquents avec une fréquence de 0.352, par contre les allèles 10, 14,15 et 18 sont les moins fréquents avec une valeur de 0.001.

Locus FGA :

Nous avons observé **10 allèles** au niveau de ce locus, les allèles 21 et 22 sont les plus fréquents, avec des fréquences respectives de 0.279 et 0.294. Les allèles 25, 26, et 27 sont les moins fréquents avec une valeur de 0.014.

Locus D8S1179 :

Ce locus contient **9 allèles**, la fréquence maximale est notée chez l'allèle 13 avec une fréquence de 0.308. Les allèles 8, 16 et 17 sont les moins fréquents (0.014).

Locus D21S11 :

Ce locus présente **10 allèles** au. Les allèles 29 et 30 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.235 et 0.323, alors que les allèles 20, 25, 27 et 35 sont faiblement représentés avec une fréquence de 0.014.

Locus D7S820 :

Ce locus montre **8 allèles**. Les allèles 10, 11 et 12 sont les plus fréquents avec des fréquences de 0.220, 0.264 et 0.279 respectivement, alors que la plus faible fréquence est de 0.001, notée chez l'allèle 22.

Locus CSF1PO :

5 allèles ont été détectés au niveau de ce locus. L'allèle 11 le plus fréquent avec une fréquence de 0.352. Les allèles 8 et 9 présentent la plus faible fréquence de (0.014).

Locus D3S1358 :

Ce locus est représenté par **7 allèles**. L'allèle 17 se présente comme le plus (0.220), Les allèles 12 et 15.2 ont les fréquences les plus faibles (0.014).

Locus TH01 :

Ce locus présente **10 allèles**. La fréquence la plus élevée est détectée au niveau de l'allèle 8 avec une fréquence de 0.264. Les allèles 6.3 et 11 ont les fréquences les plus faibles (0.014).

Locus D13S317 :

Au niveau de ce locus, nous avons recensé **7 allèles**. La fréquence la plus importante est détectée au niveau des allèles 11 et 12 (0.338 et 0.352 respectivement). Les allèles 9 et 10 sont les plus rares avec une fréquence de 0.029.

Locus D16S539 :

Ce locus est parmi les STRs les moins polymorphes, il ne présente que **7 formes alléliques**. La fréquence la plus élevée est celle par l'allèle 12 avec une valeur de 0.338. L'allèle 14 présente une fréquence faible de 0.029.

Locus D2S1338 :

Ce locus présente **12 formes alléliques** dont la fréquence la plus importante est rencontrée au niveau de l'allèle 17 (0.250), tandis que les allèles 13, 15 et 16 sont les moins fréquents avec une valeur de (0.014).

Locus D19S433 :

Au niveau de ce locus, **8 allèles** sont rencontrés. L'allèle 14 est le plus fréquent avec une fréquence de 0.338. L'allèle 10, 14.2 et 16 sont les plus faiblement fréquent (0.014).

Locus vWA :

Ce locus révèle **8 allèles**, Les allèles 15 et 17 présentent les fréquences les plus élevées (soit respectivement 0.205 et 0.250), par contre les allèles 18.2, 19 et 20 présentent une fréquence faible de 0.014.

Locus TPOX :

Ce locus présente **5 allèles**. L'allèle 8 présente la fréquence la plus élevée 0.338. L'allèle 12 a une fréquence faible de 0.014.

Locus D18S51 :

Ce locus est parmi les locus les plus polymorphes avec **13 allèles**. Les allèles 12, 13 et 15 sont les plus fréquents avec une valeur de 0.132. Les allèles 10, 20 et 23 et 24 présentent la plus faible fréquence (0.014).

8.3.1.4 Distribution des fréquences alléliques dans la population de Larache :

Tableau 26 : Répartition des fréquences alléliques des 15 STRs dans la population de Larache

	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
5	-	-	-	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-
6	-	-	-	-	-	-	-	0.175676	-	-	-	-	-		-
6,3	-	-	-	-	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	-		-	-	0.148649		-	-	-	-	0.013514	-
7,3	-	-	-	-		-	-			-	-	-	-	-	-
8	0.081081	-	0.013514	-	0.067568	0.013514	-	0.202703	0.027027	0.013514	-	-	-	0.459459	
8,2		-		-			-				-	-	-		-
8,3		-		-			-				-	-	-		-
9	0.067568	-	0.013514	-	0.135135	0.013514	-	0.351351	0.013514	0.189189	-	-	-	0.108108	-
9,2		-		-			-				-	-	-		
9,3		-		-			-	0.067568			-	-	-		
10	0.027027	-	0.067568	-	0.445946	0.243243	-	0.054054	0.040541	0.121622	-	0.054054	-	0.081081	0.013514
10,2		-		-			-				-		-		
11	0.229730	-	0.135135	-	0.216216	0.364865			0.256757	0.229730	-		-	0.324324	0.013514
11,2		-		-			-	-			-	0.027027	-		
12	0.351351	-	0.121622	-	0.121622	0.256757		-	0.418919	0.283784	-	0.148649	-	0.013514	0.148649
12,2		-		-				-			-	0.013514	-	-	
13	0.202703	-	0.243243	-	0.013514	0.094595		-	0.175676	0.135135		0.297297	0.013514	-	0.148649
13,2		-		-	-	-		-					-	-	
14	0.027027	-	0.189189	-		0.013514	0.094595	-	0.067568	0.027027		0.256757	0.108108	-	0.121622
14,2		-		-	-	-		-	-	-		0.040541		-	

15	0.013514	-	0.162162	-	-	-	0.324324	-				0.121622	0.189189	-	0.135135
15,2	-	-		-	-	-		-	-	-				-	
16	-		0.027027	-	-	-	0.202703	-	-	-	0.054054	0.040541	0.256757	-	0.121622
16,2	-	-		-	-	-		-	-	-				-	
17	-		0.027027		-		0.216216	-	-	-	0.297297		0.270270		0.081081
17,2	-	-	-	-	-	-		-	-	-				-	
18	-		-	-	-	-	0.135135	-	-		0.081081		0.054054	-	0.081081
18,2	-		-	-	-	-		-	-	-		-		-	
19	-	0.027027	-	-	-	-	0.027027	-	-	-	0.162162		0.108108	-	0.027027
20	-	0.094595	-		-	-		-	-	-	0.148649	-		-	0.027027
20,2			-		-	-	-	-	-	-		-	-	-	0.027027
21		0.310811	-		-	-	-	-	-	-	0.027027	-	-	-	0.027027
21,2			-		-	-	-	-	-	-		-	-	-	
22	-	0.135135	-			-	-	-	-	-	0.054054	-	-	-	0.013514
22,2	-		-		-	-	-	-	-	-		-	-	-	
23	-	0.148649	-		-	-	-	-	-	-	0.040541	-	-	-	
24	-	0.202703	-		-	-	-	-	-	-	0.081081	-	-	-	
25	-	0.067568	-		-	-	-	-	-	-	0.040541		-	-	
25,2	-		-	0.013514	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
26	-		-		-	-	-	-	-	-	0.013514	-	-	-	0.013514
27	-		-	0.027027	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
28	-	-	-	0.148649	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29	-	0.013514	-	0.148649	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29,2	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30	-	-	-	0.270270	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30,2	-	-	-	0.013514	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31	-	-	-	0.054054	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31,2	-	-	-	0.121622	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32	-	-	-	0.027027	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32,2	-	-	-	0.081081	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33,2	-	-	-	0.081081	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34,2	-	-	-	0.013514	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35,2	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ho	0.70270	0.89189	0.75676	0.86486	0.72973	0.70270	0.72973	0.70270	0.64865	0.75676	0.86486	0.70270	0.72973	0.75676	0.81081
He	0.78045	0.81859	0.85080	0.86153	0.72640	0.74232	0.78971	0.78563	0.73047	0.80785	0.85154	0.81266	0.80970	0.67419	0.90337
P	0.23780	0.18337	0.30294	0.90475	0.53726	0.45406	0.28950	0.27348	0.39671	0.31732	0.97459	0.00410	0.48479	0.33483	0.03661

H0 : Hétérozygotie observée; He : Hétérozygotie attendue ; P : Test exact de l'équilibre Hardy-Weinberg ; c : Correction de Bonferroni

Locus D5S818 :

Ce locus présente **8 allèles**. L'allèle 12 est le plus fréquent avec une fréquence de 0.351, par contre l'allèle 15 est le moins fréquent avec une valeur de 0.013.

Locus FGA :

Nous avons observé **8 allèles** au niveau de ce locus, l'allèle 21 est le plus fréquent, avec une fréquence de 0.310. L'allèle 29 est le moins représenté avec une fréquence de 0.013.

Locus D8S1179 :

Ce locus contient **10 allèles**, la fréquence maximale est notée chez l'allèle 13 avec une fréquence de 0.224. Les allèles 8 et 9 sont les moins fréquents (0.013).

Locus D21S11 :

Ce locus présente **12 allèles** au. L'allèle 30 est le plus fréquent avec une fréquence de 0.270, alors que les allèles 25.2, 30.2 et 34.2 sont faiblement représentés avec une fréquence de 0.013.

Locus D7S820 :

Ce locus montre **6 allèles**. L'allèle 10 est le plus fréquent avec une fréquence de 0.445, alors que la plus faible fréquence est de 0.013, notée chez l'allèle 13.

Locus CSF1PO :

7 allèles ont été détectés au niveau de ce locus. L'allèle 11 est le plus fréquent avec une fréquence de 0.364. Les allèles 8 et 9 présentent la plus faible fréquence de (0.013).

Locus D3S1358 :

Ce locus est représenté par **6 allèles**. L'allèle 15 se présente comme le plus (0.324), L'allèle 19 a la fréquence la plus faible (0.027).

Locus TH01 :

Ce locus présente **6 allèles**. La fréquence la plus élevée est détectée au niveau de l'allèle 9 avec une fréquence de 0.351. L'allèle 10 a la fréquence la plus faible (0.054).

Locus D13S317 :

Au niveau de ce locus, nous avons recensé **7 allèles**. La fréquence la plus importante est détectée au niveau de l'allèle 12 (0.418). L'allèle 9 est le plus rare avec une fréquence de 0.013.

Locus D16S539 :

Ce locus est parmi les STRs les moins polymorphes, il ne présente que **7 formes alléliques**. Les fréquences les plus élevées sont celles par les allèles 11 et 12 avec des valeurs respectives de 0.229 et 0.283. L'allèle 8 présente une fréquence faible de 0.013.

Locus D2S1338 :

Ce locus présent **11 formes alléliques** dont la fréquence la plus importante est rencontrée au niveau de l'allèle 17 (0.297), tandis que l'allèle 26 est le moins fréquent avec une valeur de (0.013).

Locus D19S433 :

Au niveau de ce locus, **9 allèles** sont rencontrés. Les allèles 13 et 14 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.297 et 0.256. L'allèle 12.2 est le plus faiblement fréquent (0.013).

Locus vWA :

Ce locus révèle **7 allèles**, Les allèles 16 et 17 présentent les fréquences les plus élevées (soit respectivement 0.256 et 0.270), par contre l'allèle 13 présente une fréquence faible de 0.013.

Locus TPOX :

Ce locus présente **6 allèles**. Les allèles 8 et 11 présentent les fréquences les plus élevées (soit 0.324 et 0.359). Les allèles 7 et 12 ont une fréquence faible de 0.013.

Locus D18S51 :

Ce locus est parmi les locus les plus polymorphes avec **15 allèles**. Les allèles 12 et 13 sont les plus fréquents avec une valeur de 0.148. Les allèles 10, 11, 22 et 24 présentent la plus faible fréquence (0.013).

8.3.1.5 Distribution des fréquences alléliques dans la population d'El Hoceima :

Tableau 27 : Répartition des fréquences alléliques des 15 STRs dans la population d'El Hoceima

	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
5	-	-	-	-	-	-	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	-
6	-	-	-	-	-	-	-	0.157895	-	-	-	-	-	-	-
6,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	-	0.026316	-	-	0.092105	0.013158	-	-	-	-	-	-
7,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	0.065789	-	-	-	0.092105	0.013158	-	0.236842	0.052632	0.039474	-	-	-	0.434211	-
8,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9	0.026316	-	0.013158	-	0.131579	0.026316	-	0.315789	0.013158	0.078947	-	-	-	0.210526	-
9,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.013158
9,3	-	-	-	-	-	-	-	0.131579	-	-	-	-	-	-	-

10	0.078947	-	0.078947	-	0.302632	0.289474	-	0.052632	0.052632	0.105263	-	-	-	0.078947	0.039474
10,2		-		-		0.013158	-				-		-		
11	0.197368	-	0.118421	-	0.223684	0.328947			0.447368	0.250000	-		-	0.250000	0.078947
11,2		-		-			-	-			-		-		
12	0.460526	-	0.039474	-	0.171053	0.263158		-	0.315789	0.263158	-	0.118421	-	0.026316	0.105263
12,2		-		-				-			-	0.013158	-	-	
13	0.157895	-	0.250000	-	0.052632	0.065789	0.013158	-	0.052632	0.250000		0.210526		-	0.197368
13,2		-		-	-	-		-				0.013158	-	-	
14	0.013158	-	0.289474	-			0.039474	-	0.052632	0.013158		0.355263	0.118421	-	0.092105
14,2		-		-	-	-		-	-	-		0.013158		-	
15		-	0.197368	-	-	-	0.315789	-				0.184211	0.197368	-	0.118421
15,2	-	-		-	-	-		-	-	-		0.039474		-	
16	-			-	-	-	0.276316	-	-	-	0.026316	0.026316	0.368421	-	0.157895
16,2	-	-		-	-	-		-	-	-		0.026316		-	0.026316
17	-		0.013158		-		0.263158	-	-	-	0.302632		0.184211		0.065789
17,2	-	-	-	-	-	-		-	-	-				-	
18	-	0.013158	-	-	-	-	0.078947	-	-		0.157895		0.092105	-	0.039474
18,2	-		-	-	-	-	-	-	-	-		-		-	
19	-	0.039474	-	-	-	-	0.013158	-	-	-	0.092105		0.039474	-	0.013158
20	-	0.092105	-		-	-		-	-	-	0.171053	-		-	0.013158
20,2			-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
21		0.355263	-		-	-	-	-	-	-	0.052632	-	-	-	
21,2			-	0.013158	-	-	-	-	-	-		-	-	-	-
22	-	0.144737	-		-	-	-	-	-	-	0.039474	-	-	-	0.013158
22,2	-	0.013158	-		-	-	-	-	-	-		-	-	-	-
23	-	0.171053	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	0.013158	-	-	-	
24	-	0.105263	-		-	-	-	-	-	-	0.078947	-	-	-	
25	-	0.026316	-		-	-	-	-	-	-	0.065789		-	-	-
25,2	-		-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
26	-	0.039474	-		-	-	-	-	-	-		-	-	-	0.026316
27	-		-	0.026316	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
28	-	-	-	0.144737	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29	-		-	0.236842	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29,2	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30	-	-	-	0.144737	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30,2	-	-	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31	-	-	-	0.039474	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31,2	-	-	-	0.105263	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32,2	-	-	-	0.197368	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33,2	-	-	-	0.052632	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

34,2	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35	-	-	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35,2	-	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ho	0.81579	0.78947	0.84211	0.84211	0.84211	0.68421	0.73684	0.71053	0.57895	0.81579	0.86842	0.76316	0.78947	0.65789	0.78947
He	0.72211	0.81053	0.80316	0.85754	0.81053	0.74316	0.75649	0.80105	0.69789	0.79719	0.84105	0.78842	0.77754	0.70702	0.89860
P	0.56856	0.18486	0.05653	0.45823	0.07569	0.12265	0.80562	0.20277	0.05848	0.06262	0.69264	0.12474	0.47559	0.03054	0.01258

H0 : Hétérozygotie observée; He : Hétérozygotie attendue ; P : Test exact de l'équilibre Hardy-Weinberg ; c : Correction de Bonferroni

Locus D5S818 :

Ce locus présente **7 allèles**. L'allèle 12 est le plus fréquent avec une fréquence de 0.460, par contre l'allèle 14 est le moins fréquent avec une valeur de 0.013.

Locus FGA :

Nous avons observé **10 allèles** au niveau de ce locus, l'allèle 21 est le plus fréquent, avec une fréquence de 0.355. Les allèles 18 et 22.2 sont les moins fréquents avec une valeur de 0.013.

Locus D8S1179 :

Ce locus contient **8 allèles**, la fréquence maximale est notée chez l'allèle 13, et l'allèle 14 (soit des fréquences de 0.250 et 0.289 respectivement). Les allèles 9 et 17 sont les moins fréquents (0.013).

Locus D21S11 :

Ce locus présente **12 allèles** au. Les allèles 29 est le plus fréquent avec une fréquence de 0.236, alors que les allèles 21.2, 23, 30.2 et 35 sont faiblement représentés avec une fréquence de 0.013.

Locus D7S820 :

Ce locus montre **7 allèles**. Les allèles 10 et 11 sont les plus fréquents avec des fréquences de 0.223 et 0.302 respectivement, alors que la plus faible fréquence est de 0.026, notée chez l'allèle 7.

Locus CSF1PO :

7 allèles ont été détectés au niveau de ce locus. Les allèles 10, 11 et 12 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.263, 0.289 et 0.328. Les allèles 8 et 10.5 présentent la plus faible fréquence de (0.013).

Locus D3S1358 :

Ce locus est représenté par **7 allèles**. Les allèles 15, 16 et 17 se présentent comme le plus fréquents (0.263, 0.276 et 0.315 respectivement), Les allèles 13 et 19 ont les fréquences les plus faibles (0.013).

Locus TH01 :

Ce locus présente **7 allèles**. La fréquence la plus élevée est détectée au niveau de l'allèle 8 et l'allèle 9 avec des fréquences respectives de 0.236 et 0.315. L'allèle 5 a la fréquence la plus faible (0.013).

Locus D13S317 :

Au niveau de ce locus, nous avons recensé **8 allèles**. La fréquence la plus importante est détectée au niveau des allèles 11 et 12 (0.315 et 0.447 respectivement). Les allèles 7 et 9 sont les plus rares avec une fréquence de 0.013.

Locus D16S539 :

Ce locus est parmi les STRs les moins polymorphes, il ne présente que **7 formes alléliques**. La fréquence la plus élevée est celle par l'allèle 12 avec une valeur de 0.263. L'allèle 14 présente une fréquence faible de 0.013.

Locus D2S1338 :

Ce locus présente **10 formes alléliques** dont la fréquence la plus importante est rencontrée au niveau de l'allèle 17 (0.302), tandis que l'allèle 23 est le moins fréquent avec une valeur de (0.013).

Locus D19S433 :

Au niveau de ce locus, **10 allèles** sont rencontrés. Les allèles 13 et 14 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.210 et 0.355. L'allèle 12.2, 13.2 et 14.2 sont les plus faiblement fréquents (0.013).

Locus vWA :

Ce locus révèle **6 allèles**, L'allèle 16 présente une fréquence la plus élevée 0.368, par contre l'allèle 19 présente une fréquence faible de 0.039.

Locus TPOX :

Ce locus est le moins polymorphe, il présente **5 allèles**. L'allèle 8 présente la fréquence la plus élevée 0.434. L'allèle 12 a une fréquence faible de 0.026.

Locus D18S51 :

Ce locus est parmi les locus les plus polymorphes avec **15 allèles**. L'allèle 13 est le plus fréquent avec une valeur de 0.197. Les allèles 9.2, 19, 20 et 22 présentent la plus faible fréquence (0.013).

8.3.1.6 Distribution des fréquences alléliques dans la population berbère :

Tableau 28 : Fréquences alléliques des 15 STRs dans la population berbère

	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
5	-	-	-	-	-	-	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	-
6	-	-	-	-	-	-	-	0.157895	-	-	-	-	-	-	-
6,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	-	0.026316	-	-	0.092105	0.013158	-	-	-	-	-	-
7,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	0.065789	-	-	-	0.092105	0.013158	-	0.236842	0.052632	0.039474	-	-	-	0.434211	-
8,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9	0.026316	-	0.013158	-	0.131579	0.026316	-	0.315789	0.013158	0.078947	-	-	-	0.210526	-
9,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.013158
9,3	-	-	-	-	-	-	-	0.131579	-	-	-	-	-	-	-
10	0.078947	-	0.078947	-	0.302632	0.289474	-	0.052632	0.052632	0.105263	-	-	-	0.078947	0.039474
10,2	-	-	-	-	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	0.197368	-	0.118421	-	0.223684	0.328947	-	-	0.447368	0.250000	-	-	-	0.250000	0.078947
11,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12	0.460526	-	0.039474	-	0.171053	0.263158	-	-	0.315789	0.263158	-	0.118421	-	0.026316	0.105263
12,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.013158	-	-	-
13	0.157895	-	0.250000	-	0.052632	0.065789	0.013158	-	0.052632	0.250000	-	0.210526	-	-	0.197368
13,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.013158	-	-	-
14	0.013158	-	0.289474	-	-	-	0.039474	-	0.052632	0.013158	-	0.355263	0.118421	-	0.092105
14,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.013158	-	-	-
15	-	-	0.197368	-	-	-	0.315789	-	-	-	-	0.184211	0.197368	-	0.118421
15,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.039474	-	-	-
16	-	-	-	-	-	-	0.276316	-	-	-	0.026316	0.026316	0.368421	-	0.157895
16,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.026316	-	-	0.026316
17	-	-	0.013158	-	-	-	0.263158	-	-	-	0.302632	-	0.184211	-	0.065789
17,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
18	-	0.013158	-	-	-	-	0.078947	-	-	-	0.157895	-	0.092105	-	0.039474
18,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
19	-	0.039474	-	-	-	-	0.013158	-	-	-	0.092105	-	0.039474	-	0.013158
20	-	0.092105	-	-	-	-	-	-	-	-	0.171053	-	-	-	0.013158
20,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21	-	0.355263	-	-	-	-	-	-	-	-	0.052632	-	-	-	-
21,2	-	-	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	-	0.144737	-	-	-	-	-	-	-	-	0.039474	-	-	-	0.013158
22,2	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
23	-	0.171053	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	0.013158	-	-	-	-
24	-	0.105263	-	-	-	-	-	-	-	-	0.078947	-	-	-	-
25	-	0.026316	-	-	-	-	-	-	-	-	0.065789	-	-	-	-
25,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

26	-	0.039474	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.026316
27	-	-	-	0.026316	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
28	-	-	-	0.144737	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29	-	-	-	0.236842	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30	-	-	-	0.144737	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30,2	-	-	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31	-	-	-	0.039474	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31,2	-	-	-	0.105263	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32,2	-	-	-	0.197368	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33,2	-	-	-	0.052632	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35	-	-	-	0.013158	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ho	0.81579	0.78947	0.84211	0.84211	0.84211	0.68421	0.73684	0.71053	0.57895	0.81579	0.86842	0.76316	0.78947	0.65789	0.78947
He	0.72211	0.81053	0.80316	0.85754	0.81053	0.74316	0.75649	0.80105	0.69789	0.79719	0.84105	0.78842	0.77754	0.70702	0.89860
P	0.55415	0.18596	0.05190	0.47007	0.06792	0.11899	0.77983	0.17460	0.04800	0.05542	0.63557	0.15241	0.46674	0.02755	0.00569

H0 : Hétérozygotie observée; He : Hétérozygotie attendue ; P : Test exact de l'équilibre Hardy-Weinberg ; c: Correction de Bonferroni

Locus D5S818 :

Ce locus présente **7 allèles**. L'allèle 12 est le plus fréquent avec une fréquence de 0.460, par contre l'allèle 14 est le moins fréquent avec une valeur de 0.013.

Locus FGA :

Nous avons observé **10 allèles** au niveau de ce locus, l'allèle 21 est le plus fréquent, avec une fréquence de 0.355. Les allèles 18 et 22.2 sont les moins fréquents avec une valeur de 0.013.

Locus D8S1179 :

Ce locus contient **8 allèles**, la fréquence maximale est notée chez l'allèle 13, et l'allèle 14 (soit des fréquences de 0.250 et 0.289 respectivement). Les allèles 9 et 17 sont les moins fréquents (0.013).

Locus D21S11 :

Ce locus présente **12 allèles** au. Les allèles 29 est le plus fréquent avec une fréquence de 0.236, alors que les allèles 21.2, 23, 30.2, 32.2 et 35 sont faiblement représentés avec une fréquence de 0.013.

Locus D7S820 :

Ce locus montre **7 allèles**. Les allèles 10 et 11 sont les plus fréquents avec des fréquences de 0.223 et 0.302 respectivement, alors que la plus faible fréquence est de 0.026, notée chez l'allèle 7.

Locus CSF1PO :

7 allèles ont été détectés au niveau de ce locus. Les allèles 10, 11 et 12 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.263, 0.289 et 0.328. Les allèles 8 et 10.5 présentent la plus faible fréquence de (0.013).

Locus D3S1358 :

Ce locus est représenté par **7 allèles**. L'allèle 15 se présente comme le plus fréquent (0.315), Les allèles 13 et 19 ont les fréquences les plus faibles (0.013).

Locus TH01 :

Ce locus présente **7 allèles**. La fréquence la plus élevée est détectée au niveau de l'allèle 8 et l'allèle 9 avec des fréquences respectives de 0.236 et 0.315. L'allèle 5 a la fréquence la plus faible (0.013).

Locus D13S317 :

Au niveau de ce locus, nous avons recensé **8 allèles**. La fréquence la plus importante est détectée au niveau des allèles 11 et 12 (0.315 et 0.447 respectivement). Les allèles 7 et 9 sont les plus rares avec une fréquence de 0.013.

Locus D16S539 :

Ce locus est parmi les STRs les moins polymorphes, il ne présente que **7 formes alléliques**. La fréquence la plus élevée est celle par l'allèle 12 avec une valeur de 0.263. L'allèle 14 présente une fréquence faible de 0.013.

Locus D2S1338 :

Ce locus présent **10 formes alléliques** dont la fréquence la plus importante est rencontrée au niveau de l'allèle 17 (0.302), tandis que l'allèle 23 est le moins fréquent avec une valeur de (0.013).

Locus D19S433 :

Au niveau de ce locus, **10 allèles** sont rencontrés. Les allèles 13 et 14 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.210 et 0.355. L'allèle 12.2, 13.2 et 14.2 sont les plus faiblement fréquent (0.013).

Locus vWA :

Ce locus révèle **6 allèles**, L'allèle 16 présente une fréquence la plus élevée 0.368, par contre l'allèle 19 présente une fréquence faible de 0.039.

Locus TPOX :

Ce locus est le moins polymorphe, il présente **5 allèles**. L'allèle 8 présente la fréquence la plus élevée 0.434. L'allèle 12 a une fréquence faible de 0.026.

Locus D18S51 :

Ce locus est parmi les locus les plus polymorphes avec **15 allèles**. L'allèle 13 est le plus fréquent avec une valeur de 0.197. Les allèles 9.2, 19, 20 et 22 présentent la plus faible fréquence (0.013).

8.3.1.7 Distribution des fréquences alléliques dans la population Arabe :

Tableau 29 : Répartition des fréquences alléliques des 15 STRs dans la population arabe

	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	-	-	-	-	-	-	-	0.202326	-	-	-	-	-	0.002326	-
6,3	-	-	-	-	-	-	-	0.002326	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	-	0.011628	0.004651	-	0.179070	0.002326	-	-	-	-	0.006977	-
7,3	-	-	-	-	-	-	-	0.006977	-	-	-	-	-	-	-
8	0.044186	-	0.011628	-	0.095349	0.013953	-	0.195349	0.081395	0.034884	-	-	-	0.397674	0.004651
8,2	-	-	-	-	0.004651	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8,3	-	-	-	-	-	-	-	0.009302	-	-	-	-	-	-	-
9	0.060465	-	0.013953	-	0.102326	0.016279	-	0.267442	0.027907	0.158140	-	-	-	0.172093	-
9,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9,3	-	-	-	-	-	-	-	0.102326	-	-	-	-	-	-	-
10	0.039535	-	0.053488	-	0.325581	0.281395	-	0.032558	0.037209	0.100000	-	0.025581	-	0.090698	0.009302
10,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	0.272093	-	0.116279	-	0.265116	0.339535	0.004651	0.002326	0.339535	0.274419	-	0.009302	-	0.304651	0.020930
11,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.009302	-	-	-
12	0.337209	-	0.111628	-	0.167442	0.300000	0.002326	-	0.309302	0.223256	-	0.106977	-	0.023256	0.160465
12,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.006977	-	-	0.002326
13	0.211628	-	0.232558	-	0.023256	0.037209	-	-	0.123256	0.174419	0.002326	0.269767	0.009302	-	0.130233
13,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.013953	-	-	-
14	0.025581	-	0.216279	-	0.002326	0.004651	0.060465	-	0.074419	0.030233	-	0.272093	0.132558	-	0.148837
14,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.025581	-	-	-
15	0.006977	-	0.195349	-	-	-	0.300000	-	0.004651	0.002326	0.004651	0.167442	0.206977	-	0.100000
15,2	-	-	-	-	-	-	0.004651	-	-	-	-	0.037209	-	-	-
16	-	0.002326	0.037209	-	-	-	0.276744	-	-	-	0.051163	0.025581	0.220930	-	0.141860
16,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.009302	-	-	0.034884
17	0.002326	0.002326	0.011628	0.002326	-	0.002326	0.197674	-	-	-	0.269767	0.011628	0.246512	0.002326	0.083721

17,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.002326	-	-	-
18	-	0.004651	-	-	-	-	0.132558	-	-	0.002326	0.106977	0.002326	0.111628	-	0.065116
18,2	-	0.002326	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.004651	-	-
19	-	0.025581	-	-	-	-	0.018605	-	-	-	0.113953	0.002326	0.053488	-	0.016279
20	-	0.095349	-	0.002326	-	-	0.002326	-	-	-	0.118605	-	0.013953	-	0.023256
20,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.004651
21	-	0.272093	-	0.002326	-	-	-	-	-	-	0.051163	-	-	-	0.006977
21,2	-	-	-	0.004651	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	-	0.213953	-	-	0.002326	-	-	-	-	-	0.048837	-	-	-	0.004651
22,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
23	-	0.162791	-	-	-	-	-	-	-	-	0.072093	-	-	-	0.002326
24	-	0.155814	-	-	-	-	-	-	-	-	0.097674	-	-	-	0.002326
25	-	0.041860	-	0.004651	-	-	-	-	-	-	0.046512	0.002326	-	-	-
25,2	-	-	-	0.002326	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
26	-	0.016279	-	-	-	-	-	-	-	-	0.016279	-	-	-	0.037209
27	-	0.002326	-	0.018605	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
28	-	-	-	0.111628	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29	-	0.002326	-	0.227907	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29,2	-	-	-	0.002326	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30	-	-	-	0.255814	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30,2	-	-	-	0.006977	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31	-	-	-	0.051163	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31,2	-	-	-	0.104651	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32	-	-	-	0.009302	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32,2	-	-	-	0.130233	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33	-	-	-	0.002326	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33,2	-	-	-	0.041860	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34	-	-	-	0.002326	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34,2	-	-	-	0.004651	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35	-	-	-	0.009302	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35,2	-	-	-	0.002326	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ho	0.73488	0.86512	0.87442	0.85116	0.70233	0.65116	0.71628	0.73488	0.76279	0.75814	0.89302	0.63721	0.73488	0.70233	0.82326
He	0.76136	0.81950	0.83222	0.83915	0.77721	0.71530	0.77451	0.80751	0.76127	0.80916	0.86593	0.81159	0.81628	0.71226	0.89178
P	0.03612	0.10924	0.67791	0.27604	0.01297	0.35667	0.47971	0.00002	0.20570	0.15781	0.38414	0.00000	0.05476	0.24916	0.00000

H0 : Hétérozygotie observée; He : Hétérozygotie attendue ; P : Test exact de l'équilibre Hardy-Weinberg ; c : Correction de Bonferroni

Locus D5S818 :

Ce locus présente **9 allèles**. Les allèles 11, 12 et 13 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.211, 0.272 et 0.337, par contre l'allèle 17 est le moins fréquent avec une valeur de 0.002.

Locus FGA :

Nous avons observé **14 allèles** au niveau de ce locus, les allèles 21 et 22 sont les plus fréquents, avec des fréquences respectives de 0.213 et 0.272. Les allèles 16, 17, 18.2, 27 et 29 sont les plus faiblement représentés avec une fréquence de 0.002.

Locus D8S1179 :

Ce locus contient **10 allèles**, la fréquence maximale est notée chez l'allèle 13, et l'allèle 14 (soit des fréquences de 0.216 et 0.232 respectivement). Les allèles 8 et 17 sont les moins fréquents (0.011).

Locus D21S11 :

Ce locus est le plus polymorphe avec **21 allèles** au. Les allèles 29 et 30 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.227 et 0.255, alors que les allèles 20, 21, 25.2, 27, 29.2, 33, 34, et 35.2 sont faiblement représentés avec une fréquence de 0.002.

Locus D7S820 :

Ce locus montre **10 allèles**. Les allèles 10 et 11 sont les plus fréquents avec des fréquences de 0.325 et 0.265 respectivement, alors que la plus faible fréquence est de 0.002, notée chez l'allèle 14.

Locus CSF1PO :

9 allèles ont été détectés au niveau de ce locus. Les allèles 10, 11 et 12 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.281, 0.300 et 0.339. L'allèle 17 présente une faible fréquence de (0.001).

Locus D3S1358 :

Ce locus est représenté par **10 allèles**. L'allèle 15 se présente comme le plus (0.300), Les allèles 12 et 20 ont les fréquences les plus faibles (0.002).

Locus TH01 :

Ce locus présente **10 allèles**. La fréquence la plus élevée est détectée au niveau de l'allèle 6 et l'allèle 9 avec des fréquences respectives de 0.202 et 0.267. Les allèles 6.3 et 11 ont les fréquences les plus faibles (0.002).

Locus D13S317 :

Au niveau de ce locus, nous avons recensé **9 allèles**. La fréquence la plus importante est détectée au niveau des allèles 11 et 12 (0.309 et 0.339 respectivement). L'allèle 7 est le plus rare avec une fréquence de 0.002.

Locus D16S539 :

Ce locus est parmi les STRs les moins polymorphes, il ne présente que **9 formes alléliques**. Les fréquences les plus élevées sont celles par les allèles 11 et 12 avec des valeurs respectives de 0.223 et 0.274. Les allèles 15 et 18 présentent une fréquence faible de 0.002.

Locus D2S1338 :

Ce locus présente **13 formes alléliques** dont la fréquence la plus importante est rencontrée au niveau de l'allèle 17 (0.269), tandis que l'allèle 13 est le moins fréquent avec une valeur de (0.002).

Locus D19S433 :

Au niveau de ce locus, **17 allèles** sont rencontrés. Les allèles 13 et 14 sont les plus fréquents avec des fréquences respectives de 0.269 et 0.272. L'allèle 17.2, 18, 19 et 25 sont les plus faiblement fréquents (0.002).

Locus vWA :

Ce locus révèle **9 allèles**, Les allèles 15, 16 et 17 présentent les fréquences les plus élevées (soit respectivement 0.206, 0.220 et 0.246), par contre l'allèle 18.2 présente une fréquence faible de 0.004.

Locus TPOX :

Ce locus présente **8 allèles**. Les allèles 8 et 11 présentent les fréquences les plus élevées (soit 0.304 et 0.397). Les allèles 6 et 17 ont une fréquence faible de 0.002.

Locus D18S51 :

Ce locus est parmi les locus les plus polymorphes avec **20 allèles**. L'allèle 12 est le plus fréquent avec une valeur de 0.160. Les allèles 12.2, 23 et 24 présentent la plus faible fréquence (0.002).

8.4 Etude analytique et comparative des fréquences alléliques des 15 STRs de la population du nord marocaine par rapport aux populations mondiales:

8.4.1 Comparaison par pair de l'indice Fst de la population globale du nord du Maroc:

La comparaison par pair de populations de l'indice Fst (Tableau 30), montre que la population globale du nord du Maroc diverge en deux systèmes des populations de la Belgique, du Rabat-Salé-Zemmour-Zaër, du Bouhria et de la coré, en trois systèmes de l'Arabie Saoudite, d'Asni et de l'Andalousie, en quatre systèmes de la Macédoine, en cinq systèmes du Bangladesh, du Yémen, des Autochtones de l'Espagne, de la Belarussi d'Iran, du Venezuela et du Porto Rico, en six systèmes de l'Iraq et du Costa Rica, en sept systèmes des coptes d'Adaima, des Moslms

Adaima et du Siwa, en huit systèmes du Cabinda, en neuf systèmes de la Guinée Equatoriale et d'Oman, en dix systèmes des Tutsis du Rouanda et de la coré, en onze systèmes du Mozambique, du Taiwan , du Dubai et du Mexique, en douze systèmes de l'Inde, en treize systèmes de la Chine et du Thailand.

Sur le plan régional, la population étudiée se rapproche en trois systèmes de l'Afrique du nord (D5S818, D16S539, TPOX), en deux systèmes avec l'Afrique Sub-saharienne (D5S818,VWA), en huit systèmes du nord de la méditerranée (D8S1179, D7S820, CSF1PO, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, D18S51), en un système de l'Asie de l'Est (D3S1358) en trois systèmes du moyen orient (CSF1PO, D16S539, D18S51) et en 3 systèmes de l'Amérique latine (D8S1179, D7S820, D18S51).

Par ailleurs, le système qui rapproche le plus la population de la région du nord des populations mondiales, est le D16S539 et le D18S51. Les systèmes au niveau desquelles la population étudiée diverge le plus des populations mondiales sont le TH01 et D21S11.

Tableau 30 : Comparaison par pair de l'indice Fst de population de nord du Maroc

Pop.	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
Nord	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
RSZZ	-0.00036	0.00819	-0.00184	0.03248	-0.00184	-0.00245	-0.00256	0.01393	-0.00107	0.00081	-0.00053	0.00180	0.00156	-0.00345	0.00171
Asni	-0.00619	0.00905	-0.00078	0.03057	-0.00078	-0.00348	-0.00107	0.01700	-0.00132	0.00269	-0.00081	0.01176	-0.00270	-0.00476	-0.00115
Bouhria	0.00128	0.00333	0.00406	0.03103	0.00406	0.00034	0.00964	0.00952	0.00757	0.00280	-0.00107	0.01871	0.00411	0.00943	-0.00370
Siwa	-0.00395	0.00894	0.01577	0.02902	0.01577	0.00649	-0.00412	0.03276	0.01470	0.00286	0.00928	0.02757	0.01616	0.00583	0.00540
Moslim Adaima	0.00599	0.01597	0.00240	0.03685	0.00240	0.00547	0.01211	0.02484	0.00162	-0.00534	0.01581	0.01306	0.00516	-0.00424	0.01746
Copts Adaima	0.00162	0.03045	-0.00359	0.04270	-0.00359	0.02352	0.02011	0.02770	0.05092	-0.00181	0.00226	0.00199	0.00377	0.00724	0.02757
Cabinda	0.00329	0.02471	0.00608	0.03200	0.00608	0.01012	-0.00340	0.05857	0.00328	0.01690	0.02693	0.02166	0.00277	0.00684	0.03604
Mozambique	-0.00139	0.02873	0.01140	0.04642	0.01140	0.01199	0.00687	0.03586	0.00697	0.01426	0.04093	0.01850	0.00964	0.01986	0.02413
Guinée équatoriale	0.00028	0.02547	0.02570	0.03558	0.02570	0.00512	-0.00175	0.04775	0.01078	-0.00172	0.02080	0.01625	-0.00093	0.00920	0.03392
Tutsi Rouanda	-0.00185	0.03420	0.01561	0.03918	0.01561	0.05421	0.05930	0.01679	-0.00106	0.00463	0.02285	0.00748	0.00281	0.02856	0.03897
Andalousie	0.00616	-0.00012	-0.00043	0.02710	-0.00043	0.00000	0.01193	0.03602	0.00868	0.00310	-0.00404	0.00203	0.00112	0.00155	-0.00093

Autochtones d'Espagne	0.00968	0.05174	0.00271	0.02797	0.00271	-0.00192	0.00185	0.05065	0.00357	0.00903	0.00173	0.00226	0.18990	0.01613	0.00230
Belarusse	0.01112	0.00766	0.00445	0.02624	0.00445	-0.00321	0.00374	0.08040	0.00369	0.00640	0.00340	0.00576	0.01143	0.03921	0.00688
Belgique	-0.00131	0.00518	0.00353	0.02272	0.00353	-0.00508	0.00448	0.06177	0.00136	0.00056	0.00554	0.00456	0.00738	0.00964	-0.00172
Macédonie	0.05559	0.00411	-0.00113	0.03667	-0.00113	-0.00215	-0.00465	0.04569	0.00310	-0.00013	0.00071	0.00445	0.01457	0.00259	-0.00216
Chine	0.02557	0.02485	0.01114	0.03773	0.01114	0.00905	0.00070	0.08174	0.04974	0.02008	0.03798	0.02863	0.02974	0.01227	0.01581
Bangladesh	-0.00192	0.00578	0.00793	0.04171	0.00793	-0.00254	0.00074	0.01779	0.00312	0.00570	0.00777	0.00883	0.01074	0.01302	0.01854
Corée	0.01355	0.01951	0.00747	0.03335	0.00747	0.01577	-0.00300	0.01168	0.02426	-0.00082	0.03189	0.01249	0.01789	-0.00409	0.01668
Inde	0.02066	0.01558	0.03010	0.03748	0.03010	0.00913	-0.00109	0.05254	0.04873	0.02266	0.02515	0.03318	0.02709	0.00377	0.01336
Taiwan	-0.00091	0.01437	0.01003	0.04060	0.01003	0.00735	-0.00181	0.01291	0.03426	0.01707	0.02526	0.02762	0.02117	0.00160	0.01458
Thaïlande	0.03681	0.01512	0.02516	0.03611	0.02516	0.01163	0.00181	0.05303	0.05611	0.00930	0.03853	0.03710	0.03363	0.02623	0.01022
Dubai	0.02485	0.01256	0.01390	0.03150	0.01390	0.00309	0.00185	0.04059	0.07219	0.00503	0.03062	0.02918	0.03641	0.02098	0.00309
Yemen	0.00526	0.02040	0.00236	0.04000	0.00236	0.00327	-0.00137	0.02471	0.00346	0.00270	0.01455	0.01927	0.00554	0.00020	-0.00150
Oman	0.00105	0.02461	0.01078	0.02931	0.01078	-0.00045	0.00225	0.02626	0.01083	0.00965	-0.00142	0.02378	0.02826	0.01279	0.00136
Arabie Saoudite	-0.00039	0.01635	-0.00021	0.03033	-0.00021	0.00907	-0.00612	0.01142	-0.00429	-0.00609	0.00138	0.00439	0.00700	-0.00659	0.00329
Iran	-0.00037	0.01829	0.00200	0.03123	0.00200	0.00077	-0.00028	0.05423	-0.00223	0.00494	-0.00102	0.01549	0.00630	0.01258	0.00059
Iraq	-0.00286	0.00861	0.00227	0.03374	0.00227	-0.00243	0.01312	0.02217	0.02294	0.00660	0.00044	0.00940	0.01757	0.01820	-0.00024
Costa Rica	0.01311	0.03597	0.00062	0.03263	0.00062	0.00209	0.00147	0.06596	0.01946	0.00346	0.01341	0.00397	0.00235	0.00947	0.00063
Mexique	0.07328	0.05012	0.00732	0.04094	0.00732	0.00658	0.03081	0.10546	0.06491	0.02463	0.02646	0.03384	0.02858	0.04425	0.00823
Porto Rico	0.00240	0.01273	0.00475	0.02932	0.00475	0.01131	-0.00164	0.04465	0.01080	-0.00144	0.00692	0.00642	0.00273	0.00212	0.00528
Venezuela	0.01282	0.01365	-0.00033	0.03157	-0.00033	-0.00119	-0.00338	0.05533	0.00985	0.00100	0.00643	0.00575	0.00936	0.01802	0.00396

8.4.2 Comparaison par pair de l'indice Fst des sous-populations du nord du Maroc:

8.4.2.1 Comparaison par pair de l'indice Fst de la population de Tanger:

La comparaison par pair de populations de l'indice Fst (Tableau 31), montre que la population de Tanger ne diverge en aucun système d'El hocema et de Larache, en un système de Tetouan et de la Belgique, en deux systèmes du Rabat-Salé-Zemmour-Zaër, d'Asni et de l'Arabie Saoudite, en trois systèmes, du Bouhria, de l'Andalousie et du Porto Rico, en quatre systèmes de la Macédonie et du Bangladesh, en cinq systèmes, de la Belarussie, du Yemen, d'Iran et du Venezuela, en six systèmes de l'Iraq et du Costa Rica, des Moslimes Adaima, et du Siwa, en sept systèmes des Autochtones de l'Espagne, du Cabinda et d'Oman, en huit systèmes des copts d'Adaima, de la corée du Taiwan, en neuf systèmes du Mozambique et de la Guinée Equatoriale, en dix systèmes des Tutsis du Rouanda et du Dubai, en onze systèmes de la Chine, de l'Inde et du Thailand, et en douze systèmes du Mexique.

Sur le plan régional, la population Tanger se rapproche en quatorze systèmes de la population du nord du Maroc (D5S818, FGA, D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA, TPOX, D18S51), en deux systèmes de l'Afrique du nord (D5S818, TPOX), en deux systèmes avec l'Afrique Sub-saharienne (D5S818, VWA), en deux systèmes du nord de la méditerranée (D7S820, CSF1PO), en un système de l'Asie de l'Est (D3S1358) en trois systèmes du moyen orient (D8S1179, CSF1PO, D16S539) et en 3 systèmes de l'Amérique latine (D7S820, CSF1PO, D18S51).

Par ailleurs, le système qui rapproche le plus la population de Tanger des populations mondiales, est le CSF1PO. Les systèmes au niveau desquelles la population étudiée diverge le plus des populations mondiales sont le TH01 et D21S11.

Tableau 31 : Comparaison par pair de l'indice Fst de la population de Tanger

Population	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
Tanger	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
Tetouan	-0.01144	-0.01130	-0.00596	-0.01063	0.00589	-0.01617	-0.01273	0.01910	-0.01086	0.00766	-0.00563	-0.00838	-0.01295	-0.00872	-0.00314
Hoceima	0.00218	-0.00738	-0.00771	-0.00459	-0.01132	-0.01396	-0.01112	-0.00065	-0.00620	-0.00360	-0.00813	-0.01023	0.00095	-0.01333	-0.00320
Iarache	-0.01378	-0.00741	-0.01311	-0.00553	-0.00268	-0.00669	-0.00942	-0.01145	0.00592	-0.00290	-0.01083	-0.01070	-0.00968	-0.01119	-0.01058
RSZZ	0.00292	0.00371	-0.00333	0.03176	-0.00280	-0.00201	-0.00119	0.01036	0.00087	0.00745	0.00049	0.00166	-0.00063	-0.00492	-0.00045
Asni	-0.00611	0.00398	-0.00179	0.02937	-0.00425	-0.00655	0.00011	0.00956	0.00155	0.01053	-0.00043	0.00752	-0.00615	-0.00587	-0.00326
Bouhria	-0.00112	0.00026	-0.00392	0.03249	-0.00032	-0.00128	0.00757	0.00549	0.01430	-0.00344	-0.00051	0.01696	0.00215	0.00647	-0.00459
Siwa	-0.00352	0.00424	-0.00117	0.02798	0.01438	0.00568	-0.00582	0.02156	0.01521	0.00336	0.00934	0.02548	0.01393	0.00468	0.00793
Moslim Adaima	0.00259	0.01219	-0.00277	0.03882	0.00118	0.00211	0.01399	0.01332	0.00498	-0.00255	0.01304	0.00911	0.00429	-0.00558	0.01583
Copts Adaima	0.00653	0.02331	0.02559	0.04336	-0.00412	0.01760	0.02239	0.01917	0.06186	-0.00149	0.00217	0.00164	0.00263	0.00585	0.02639
Cabinda	0.00152	0.01818	0.01058	0.03299	0.00401	0.00858	-0.00345	0.05591	0.00758	0.00922	0.02390	0.01617	0.00084	0.00538	0.04013
Mozambique	0.00008	0.02190	0.00612	0.05123	0.00911	0.00763	0.00253	0.03334	0.01019	0.01116	0.03675	0.01466	0.00843	0.01776	0.02361
Guinée équatoriale	-0.00010	0.01931	0.01922	0.03855	0.02391	0.00378	-0.00264	0.04402	0.01634	-0.00352	0.01830	0.01149	-0.00228	0.00787	0.03489
Tutsi Rouanda	-0.00057	0.02682	0.01138	0.04281	0.01419	0.05587	0.06940	0.01800	-0.00066	0.00185	0.01919	0.00496	-0.00066	0.02856	0.04355
Andalousie	0.00442	-0.00180	-0.00022	0.02801	-0.00242	-0.00143	0.01311	0.03152	0.00375	0.00531	-0.00386	0.00385	0.00166	-0.00024	-0.00159
Autochtones d'Espagne	0.01086	0.04888	0.00465	0.02689	0.00372	-0.00371	0.00045	0.04616	0.00257	0.01592	0.00298	0.00395	0.18709	0.01450	0.00129
Belarusse	0.00912	0.00309	0.01540	0.02654	0.00153	-0.00321	0.00558	0.07869	-0.00044	0.01091	0.00469	0.00866	0.00932	0.03838	0.00763
Belgique	0.00044	0.00149	0.00862	0.02374	0.00472	-0.00660	0.00541	0.05856	-0.00153	0.00260	0.00598	0.00686	0.00518	0.00789	-0.00087
Macédonie	0.05652	-0.00025	-0.00515	0.03851	-0.00124	-0.00324	-0.00675	0.04363	0.00145	0.00163	-0.00066	0.00510	0.01203	0.00060	-0.00112

Chine	0.01916	0.01928	0.00173	0.03441	0.00903	0.00521	0.00201	0.07659	0.04395	0.01954	0.03488	0.02508	0.02914	0.01054	0.01826
Bangladesh	-0.00237	0.00302	0.00558	0.04371	0.00527	-0.00477	0.00124	0.01048	0.00294	0.01214	0.00652	0.00621	0.00870	0.01130	-0.00052
Corée	0.00875	0.01336	0.00668	0.03349	0.00466	0.01264	-0.00507	0.00824	0.02103	-0.00241	0.02907	0.01086	0.01582	-0.00574	0.01776
Inde	0.01644	0.01090	0.00699	0.03160	0.02583	0.00497	-0.00397	0.04277	0.04348	0.01927	0.02290	0.03072	0.02648	0.00177	0.01907
Taiwan	-0.00218	0.00996	0.02739	0.04099	0.00744	0.00345	-0.00564	0.00952	0.02977	0.01126	0.02224	0.02331	0.02024	0.00054	0.01310
Thaïlande	0.03098	0.01049	0.00043	0.03319	0.02293	0.00795	0.00059	0.04375	0.04978	0.00826	0.03639	0.03369	0.03294	0.02504	0.01740
Dubai	0.01936	0.00726	0.00198	0.02925	0.01031	-0.00008	-0.00178	0.03072	0.06368	0.00223	0.02901	0.02573	0.03478	0.01999	0.01238
Yemen	0.00424	0.01473	-0.00160	0.04397	-0.00047	-0.00005	-0.00139	0.01691	0.00447	0.00302	0.01220	0.01570	0.00453	-0.00176	0.00316
Oman	0.00177	0.01856	-0.00223	0.03007	0.00891	-0.00370	0.00089	0.01685	0.01351	0.00383	-0.00264	0.01900	0.02636	0.01233	-0.00130
Arabie Saoudite	0.00202	0.01070	-0.00740	0.03306	-0.00187	0.00519	-0.00482	0.00549	-0.00108	-0.00745	0.00033	0.00313	0.00581	-0.00797	-0.00010
Iran	-0.00126	0.01300	-0.00438	0.03086	-0.00019	-0.00346	0.00146	0.04937	-0.00255	0.00130	-0.00082	0.01245	0.00577	0.01195	0.00447
Iraq	-0.00474	0.00412	-0.00374	0.03311	0.00068	-0.00477	0.01712	0.01630	0.02415	0.00645	0.00113	0.00797	0.01817	0.01655	-0.00103
Costa Rica	0.01131	0.02921	0.00496	0.03110	-0.00056	-0.00159	0.00127	0.05717	0.01611	0.00810	0.01606	0.00401	0.00355	0.00648	-0.00004
Mexique	0.06868	0.04463	0.02163	0.03752	0.00472	0.00269	0.03038	0.09111	0.05747	0.02631	0.02603	0.03448	0.03259	0.04261	0.00687
Porto Rico	0.00218	0.00768	-0.00021	0.02784	0.00519	0.00615	-0.00446	0.03915	0.01024	-0.00285	0.00524	0.00427	0.00035	-0.00050	0.00596
Venezuela	0.01088	0.00938	0.00153	0.02977	-0.00088	-0.00401	-0.00322	0.04577	0.00595	0.00328	0.00728	0.00600	0.01167	0.01620	0.00291

8.4.2.2 Comparaison par pair de l'indice Fst de la population de Tetouan:

La comparaison par pair de populations de l'indice Fst (Tableau 32), montre que la population de Tetouan diverge en un système d'El hoceima, en deux systèmes du Rabat-Salé-Zemmour-Zaër et de Larache, en trois systèmes de l'Arabie Saoudite et du Bangladesh, et du Porto Rico, en quatre systèmes de la Macédonie, d'Asni, de l'Andalousie, de la Belarussi et de la Belgique, en cinq systèmes, du Yemen, du Venezuela, des Autochtones de l'Espagne, du Costa Rica, des Moslms Adaima, de l'Iraq et de la coré, en six systèmes du Bouhria et des copts d'Adaima, en sept systèmes du Siwa, d'Iran et de l'Inde, en huit systèmes de la Guinée Equatoriale, du Taiwan et d'Oman, en neuf systèmes du Cabinda, de la Chine, du Thailand et du Dubai, en dix systèmes du Mozambique, en onze systèmes des Tutsis du Rouanda, et en douze systèmes du Mexique.

Sur le plan régional, la population Tetouan se rapproche en treize systèmes de la population du nord du Maroc (D5S818, FGA, D8S1179, D21S11, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA, TPOX, D18S51), en six systèmes de l'Afrique du nord (D5S818, D8S1179, CSF1PO, D3S1358, D2S1338, VWA), en deux systèmes avec l'Afrique Sub-saharienne (D5S818, TPOX), en huit systèmes du nord de la méditerranée (D8S1179, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA) en trois systèmes de l'Asie de l'Est

(D7S820, CSF1PO, D3S1358), en trois systèmes du moyen orient (D8S1179, CSF1PO, D3S1358, D18S51) et en 2 systèmes de l'Amérique latine (D8S1179, CSF1PO).

Par ailleurs, le système qui rapproche le plus la population de Tetouan des populations mondiales, est le CSF1PO. Les systèmes au niveau desquelles la population étudiée diverge le plus des populations mondiales sont le TH01.

Tableau 32 : Comparaison par pair de la population de Tetouan de l'indice Fst:

Population	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
Tetouan	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
Hoceima	0.00047	-0.01177	-0.01934	-0.01445	-0.00696	-0.02367	-0.01647	0.01013	-0.01592	-0.00996	-0.01059	-0.01667	0.00783	-0.01565	-0.01265
larache	-0.01751	-0.00545	-0.01283	-0.00291	0.03100	-0.01285	-0.02048	0.01845	0.00277	-0.02003	-0.01643	-0.00723	-0.00974	0.00113	-0.01675
RSZZ	-0.00767	0.00157	-0.00325	0.02416	0.00662	-0.01218	-0.01045	0.03729	-0.01198	-0.01174	-0.00876	-0.00079	-0.00924	-0.00576	0.00424
Asni	-0.01131	0.00189	-0.00506	0.01637	0.01184	-0.01541	-0.01199	0.04000	-0.00979	-0.00732	-0.00711	0.01917	-0.01331	-0.00588	0.00444
Bouhria	0.00375	0.00189	-0.00514	0.01571	0.01954	-0.01382	-0.00196	0.03855	-0.00238	0.01695	0.00039	0.02754	-0.01076	0.02628	-0.00428
Siwa	-0.01134	0.00199	-0.01656	0.02426	0.01926	-0.00031	-0.01348	0.06528	0.01177	0.01019	0.00666	0.03136	0.00584	0.01519	0.00086
Moslim Adaima	-0.01001	0.00938	-0.01265	0.01443	0.03079	-0.00435	-0.00383	0.07764	-0.00562	-0.00597	0.00538	0.01445	-0.00047	-0.00763	0.01455
Copts Adaima	-0.00450	0.01464	0.00611	0.03350	0.00992	0.00796	-0.00139	0.05898	0.04333	-0.00037	-0.00431	0.00037	-0.01179	0.02321	0.02733
Cabinda	0.00790	0.01566	0.01217	0.03196	0.02896	-0.00283	-0.00594	0.05489	0.00510	0.02918	0.01491	0.02286	-0.00058	-0.00689	0.03306
Mozambique	-0.00375	0.02186	0.00537	0.03833	0.04667	0.00139	0.00586	0.04040	0.01034	0.02351	0.02746	0.02900	0.01265	-0.00050	0.02911
Guinée équatoriale	0.00471	0.01763	0.01957	0.03255	0.05000	-0.00650	-0.00798	0.05208	0.01271	0.00083	0.00474	0.02153	-0.00033	-0.00925	0.04150
Tutsi Rouanda	0.00084	0.01714	0.01755	0.03377	0.05678	0.03987	0.06413	0.04988	0.00158	0.01295	0.01001	0.01151	-0.00413	-0.00557	0.03532
Andalousie	-0.01500	0.00085	-0.00760	0.01797	0.01463	-0.01155	-0.00871	0.05863	-0.00699	0.00119	-0.01350	-0.00610	-0.00479	0.01054	-0.00374
Autochtones d'Espagne	-0.00942	0.04454	-0.00344	0.01889	0.00701	-0.01061	-0.01354	0.06653	-0.01087	-0.00448	-0.00943	-0.00485	0.17645	0.03825	0.00104
Belarusse	-0.01194	0.00146	0.00667	0.01776	0.01500	-0.01140	-0.01124	0.09347	-0.01079	0.00244	-0.00718	-0.00278	-0.00302	0.07652	0.00738
Belgique	-0.01215	0.00009	-0.00372	0.01348	0.01987	-0.01307	-0.01233	0.08190	-0.00733	-0.00191	-0.00650	-0.00072	-0.00291	0.02802	-0.00673
Macédonie	0.05894	0.00251	-0.01405	0.02235	0.00957	-0.00933	-0.01585	0.04851	-0.01418	-0.00289	-0.00642	0.00048	0.00078	0.01621	-0.00356
Chine	0.00813	0.01681	-0.00527	0.02857	-0.00885	-0.00008	-0.00032	0.18794	0.02695	0.01447	0.02217	0.02683	0.00953	0.03015	0.01279
Bangladesh	-0.01137	0.00119	-0.00606	0.03299	0.00592	-0.01224	-0.00937	0.04531	-0.01391	-0.00828	-0.01015	0.00460	-0.00225	0.03216	0.00042
Corée	0.00100	0.01586	0.00373	0.02145	-0.00389	0.00984	-0.00702	0.04124	0.00493	-0.00009	0.02065	0.00991	0.00103	-0.01275	0.01830
Inde	0.00558	0.00772	0.00950	0.03088	0.00215	0.00001	-0.00302	0.14092	0.02366	0.02994	0.01285	0.03308	0.00748	0.01614	0.00974
Taiwan	-0.00577	0.01585	0.03335	0.03176	-0.00219	0.00003	-0.00855	0.03247	0.00816	0.03006	0.02093	0.02456	0.00476	-0.01811	0.01199

Thaïlande	0.01799	0.00598	0.00082	0.02408	-0.00601	0.00371	0.00062	0.13190	0.02927	0.00898	0.02098	0.03568	0.01197	0.05361	0.01037
Dubai	0.01423	0.00090	0.00900	0.02040	-0.00610	-0.00399	-0.00222	0.09064	0.04323	0.01457	0.01404	0.02580	0.01235	0.04491	0.00803
Yemen	-0.01084	0.01368	-0.00752	0.02689	0.01539	-0.00886	-0.00965	0.03705	-0.01057	0.00553	0.00971	0.01878	-0.00124	0.00874	-0.00013
Oman	0.00178	0.02200	0.00966	0.01663	0.03842	-0.01323	-0.01029	0.07500	-0.00398	0.02607	-0.00858	0.02643	0.01843	0.01876	-0.00537
Arabie Saoudite	-0.00068	0.00760	-0.01055	0.01845	0.01312	-0.00272	-0.01374	0.02969	-0.01208	-0.00020	-0.01201	0.00291	-0.00060	-0.01246	0.00376
Iran	-0.01430	0.01413	0.00276	0.01546	0.01878	-0.01040	-0.01054	0.07164	-0.01509	0.01332	-0.00022	0.01715	0.00444	0.02681	0.00433
Iraq	-0.01616	0.00256	-0.00309	0.02432	0.01902	-0.01186	0.00118	0.04591	-0.00283	0.00925	-0.01458	0.00017	0.01741	0.04380	-0.00115
Costa Rica	-0.01084	0.02989	-0.00722	0.02198	-0.00897	-0.00806	-0.00742	0.07443	0.01048	0.00177	-0.00826	-0.00297	0.00445	0.01954	0.00237
Mexique	0.03336	0.04462	-0.00431	0.03496	-0.00813	-0.00384	0.04208	0.10527	0.05724	0.03619	0.01584	0.02720	0.04077	0.08372	0.01032
Porto Rico	-0.01216	0.00593	-0.00758	0.01936	0.01748	0.00025	-0.01071	0.05994	0.00539	0.00454	0.00088	0.00520	-0.00775	0.00502	0.00558
Venezuela	-0.01099	0.01055	-0.00322	0.02588	0.00100	-0.01157	-0.00997	0.06239	-0.00219	0.00163	-0.01267	-0.00232	0.01329	0.04072	0.00520

8.4.2.3 Comparaison par pair de la population de Larache de l'indice Fst:

La comparaison par pair de populations de l'indice Fst (Tableau 33), montre que la population Larache diverge en deux systèmes du Rabat-Salé-Zemmour-Zaër et d'Asni, en trois systèmes de l'Arabie Saoudite, du Bouhria, de la Belgique, d'Iran et du Yemen, en quatre systèmes, de l'Andalousie, des Moslimes Adaima, d'Oman et du Porto Rico, en cinq systèmes, du Bangladesh, du Venezuela, des Autochtones de l'Espagne, et des copts d'Adaima, du Costa Rica et de l'Iraq, en six systèmes de la Macédonie, du Mozambique et du Siwa, en sept systèmes de la Corée, du Cabinda et de la Biélorussie, en huit systèmes de la Guinée Equatoriale et des Tutsis du Rwanda, en neuf systèmes, du Taiwan, de la Chine, du Thaïlande, de l'Inde et du Dubai, en onze systèmes du Mexique.

Sur le plan régional, la population de Larache se rapproche en treize systèmes de la population de l'Afrique du nord (D5S818, D8S1179, D13S317, D16S539, TPOX), en quatre systèmes de l'Afrique Sub-saharienne (D5S818, D13S317, D19S433, VWA), en sept systèmes du nord de la Méditerranée (D8S1179, CSF1PO, D3S1358, D16S539, D2S1338, D19S433, D18S51) en trois systèmes de l'Asie de l'Est (CSF1PO, D3S1358, TPOX), en cinq systèmes du Moyen-Orient (D8S1179, D3S1358, D16S539, TPOX, D18S51) et en trois systèmes de l'Amérique latine (D16S539, VWA, D18S51).

Par ailleurs, le système qui rapproche le plus la population de Larache des populations mondiales, est le D16S539. Les systèmes au niveau desquels la population étudiée diverge le plus des populations mondiales sont le FGA et le D21S11.

Tableau 33 : Comparaison par pair de l'indice Fst de la population de Larache

Population	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
larache	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
RSZZ	-0.00525	0.02222	-0.01218	0.02222	0.00078	-0.00966	-0.01318	0.00379	-0.00423	-0.00664	-0.01364	-0.00422	-0.00151	-0.01017	-0.00724
Asni	-0.01347	0.02575	-0.01053	0.02575	0.00681	-0.00316	-0.00717	0.00859	-0.00079	-0.00264	-0.00727	-0.00537	-0.00571	-0.01017	-0.01015
Bouhria	-0.00641	0.02906	-0.01376	0.02906	0.00805	0.00376	0.01227	-0.00295	-0.00812	0.00189	-0.01219	0.00602	0.00514	-0.01419	-0.01394
Siwa	-0.00995	0.01523	-0.00680	0.01523	0.02323	-0.00615	-0.00515	0.02513	-0.00835	-0.01011	-0.00881	0.01943	0.01472	-0.00706	-0.00745
Moslim Adaima	-0.00420	0.04365	-0.01040	0.04365	-0.01458	0.00367	0.00147	0.01311	-0.01162	-0.01241	0.01407	-0.00058	-0.00757	-0.00911	0.00485
Copts Adaima	-0.00092	0.03384	0.00930	0.03384	-0.00655	0.03552	0.00398	0.01865	0.00792	-0.00716	-0.00851	-0.00465	-0.00121	-0.01045	0.01694
Cabinda	-0.00390	0.01078	0.01367	0.01078	0.00182	0.00677	-0.00971	0.06209	-0.00838	0.01422	0.01806	0.00785	-0.00541	0.00674	0.02202
Mozambique	-0.01029	0.03152	0.00634	0.03152	-0.00424	0.00966	0.00811	0.03398	-0.01373	-0.00060	0.03566	0.00117	0.00847	0.02243	0.01375
Guinée équatoriale	-0.00985	0.01685	0.02561	0.01685	0.01902	-0.00331	-0.00751	0.04782	-0.01263	-0.01017	0.01277	0.00128	-0.01016	0.01268	0.02484
Tutsi Rouanda	-0.00982	0.02299	0.01324	0.02299	-0.00749	0.04283	0.03140	0.00320	-0.00197	-0.00743	0.01484	-0.00362	0.00262	0.04649	0.02474
Andalousie	0.00424	0.01723	-0.01192	0.01723	-0.00061	-0.00161	-0.00305	0.02687	0.02460	-0.00254	-0.01191	0.00048	-0.00483	-0.01314	-0.01149
Autochtones d'Espagne	0.01010	0.01977	-0.00855	0.01977	0.00336	-0.00794	-0.00877	0.04504	0.00768	0.00397	-0.01018	0.00056	0.18585	-0.00537	-0.00792
Belarusse	0.00831	0.01531	0.00286	0.01531	0.01649	-0.01212	-0.01252	0.07612	0.02897	0.00355	-0.00829	0.00781	0.01248	0.01220	-0.00346
Belgique	-0.00337	0.01222	-0.00300	0.01222	0.00126	-0.01256	-0.01264	0.05481	0.00364	-0.00492	-0.00691	0.00317	-0.00366	-0.01051	-0.01373
Macédonie	0.03204	0.03114	-0.01296	0.03114	0.00210	-0.01315	-0.00892	0.04330	0.01408	-0.00741	-0.00745	0.00033	0.01126	-0.01547	-0.01364
Chine	0.02001	0.03230	-0.01009	0.03230	0.03763	0.00422	-0.00665	0.05970	0.06588	0.00192	0.03393	0.01871	0.02633	-0.00763	0.00388
Bangladesh	-0.00721	0.02945	-0.00874	0.02945	0.01986	-0.00691	-0.00442	0.01067	0.01403	-0.01091	0.00172	-0.00030	0.00735	-0.00660	-0.00906
Corée	0.00951	0.02698	-0.00436	0.02698	0.02776	0.00671	-0.00391	0.00110	0.03473	-0.00826	0.02467	0.00413	0.01178	-0.00657	0.01046
Inde	0.01315	0.03380	-0.00893	0.03380	0.06883	0.00522	-0.00205	0.03324	0.06318	0.00605	0.01880	0.02488	0.02117	-0.01394	0.00425
Taiwan	-0.00437	0.02876	0.01991	0.02876	0.03077	0.00165	-0.00098	0.00602	0.04765	0.01179	0.02515	0.01539	0.01724	0.00775	0.00327
Thaïlande	0.03055	0.03391	-0.01003	0.03391	0.05979	0.00545	0.00089	0.03124	0.07860	-0.00468	0.03309	0.02764	0.03154	0.00207	0.00241
Dubai	0.01793	0.02597	-0.00935	0.02597	0.04332	-0.00425	0.00653	0.02519	0.09365	-0.00664	0.02024	0.02009	0.03462	0.00079	-0.00050
Yemen	0.00255	0.03219	-0.00947	0.03219	0.00633	0.00511	-0.00614	0.02369	0.00404	-0.00765	0.00480	0.00817	0.00212	-0.01403	-0.00868
Oman	-0.00581	0.02326	-0.00979	0.02326	0.00060	0.00323	0.00192	0.01604	-0.00312	0.00909	-0.01079	0.00796	0.02514	0.00690	-0.01360
Arabie Saoudite	-0.00601	0.02153	-0.01111	0.02153	-0.00360	0.01279	-0.01818	0.00623	-0.00875	-0.01233	-0.00809	-0.00354	0.00327	-0.00983	-0.00797
Iran	-0.00309	0.03081	-0.00896	0.03081	-0.00455	0.00213	-0.00760	0.05304	0.00179	0.00150	-0.01147	0.00344	0.00034	0.00053	-0.00773
Iraq	-0.00737	0.02411	-0.01404	0.02411	-0.00181	-0.00830	0.00524	0.01555	0.02118	-0.00379	-0.00757	0.00503	0.01390	-0.00500	-0.01070
Costa Rica	0.00892	0.02643	-0.00590	0.02643	0.01559	0.00053	-0.01343	0.06946	0.01473	-0.01172	0.00007	0.00054	-0.00918	-0.00951	-0.00998
Mexique	0.07730	0.03189	0.01000	0.03189	0.03056	0.00477	0.02450	0.12285	0.05998	0.00866	0.01017	0.03397	0.00355	0.01220	-0.00155
Porto Rico	-0.00086	0.02276	-0.00681	0.02276	0.00048	0.01281	-0.00429	0.03949	-0.00446	-0.00689	-0.00699	-0.00531	-0.00330	-0.01080	-0.00575
Venezuela	0.01085	0.01982	-0.00976	0.01982	0.00405	-0.00359	-0.01232	0.05679	0.01789	-0.01027	-0.00276	0.00354	-0.00343	-0.00489	-0.00651

8.4.2.4 Comparaison par pair de l'indice de la population d'El Hoceima:

La comparaison par pair de populations de l'indice Fst (Tableau 34), montre que la population d'El Hoceima diverge en un système de la population de Larache. Cependant, elle diffère en deux systèmes de la population du Rabat-Salé-Zemmour-Zaër, en trois systèmes de la Belgique et d'Iran, en quatre systèmes d'Asni, de l'Andalousie, du Macédoine, du Bangladesh, de l'Arabie Saoudite, de l'Iraq et du Venezuela, en cinq systèmes du Bouhria, des Autochtones de l'Espagne, de la Belarussi et du Porto Rico, en six systèmes du Siwa de l'Egypte, du Cabinda, du Yemen et du Costa Rica, en sept systèmes des Moslms Adaima et d'Oman, en huit systèmes de la Guinée Equatorial et des Tutsi du Rouanda, en neuf systèmes des Copts d'Adaima, du Mozambique, de la coré et du Taiwan, en dix systèmes de la Chine et du Dubai, en onze systèmes du Thaïlande et du Mexique, de l'Inde.

Sur le plan régional, la population d'El Hoceima se rapproche en 14 systèmes de la population de Larache (D5S818, FGA, D8S1179, D21S11, CSF1PO, D3S1358, TH01, D3S1358, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA, TPOX, D18S51), en trois systèmes de la population l'Afrique du nord (D7S820, D16S539, TPOX), en trois systèmes de l'Afrique Sub-saharienne (D5S818, D8S1179, VWA), en huit systèmes du nord de la méditerranée (D8S1179, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D16S539, D2S1338, D19S433, D18S51) en un système de l'Asie de l'Est (D3S1358), en cinq systèmes du moyen orient (D8S1179, CSF1PO, D3S1358, TPOX, D18S51) et en trois systèmes de l'Amérique latine (D8S1179, D7S820, CSF1PO).

Par ailleurs, le système qui rapproche le plus la population d'El Hoceima des populations mondiales, est le CSF1PO. Les systèmes au niveau desquelles la population étudiée diverge le plus des populations mondiales sont le D21S11.

Tableau 34 : Comparaison par pair de l'indice Fst de la population d'El Hoceima

Population	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
Hoceima	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
Larache	-0.00936	-0.01324	-0.01420	-0.00785	-0.01400	-0.02015	-0.01787	-0.01950	0.01522	-0.00794	-0.01675	-0.01014	-0.01260	-0.01610	-0.01807
RSZZ	-0.00886	0.00524	-0.00802	0.03020	-0.01142	-0.01399	-0.01229	0.01870	0.00166	-0.01064	-0.00447	-0.00637	0.00780	-0.01229	0.00257
Asni	-0.00877	0.00554	-0.00006	0.03111	-0.00301	-0.01323	-0.01264	0.03249	-0.00273	-0.01404	-0.01317	0.01382	0.01061	-0.01724	-0.00191
Bouhria	0.00060	-0.00361	-0.00350	0.03142	0.00203	-0.01212	-0.00202	0.01251	0.01218	0.00678	-0.01134	0.01329	0.01598	0.00791	-0.00581
Siwa	-0.00715	0.00623	-0.01140	0.03192	0.00541	-0.01002	-0.01275	0.05635	0.03535	0.00650	0.01164	0.01367	0.02326	-0.01024	-0.00068
Muslim Adaima	0.01888	0.00667	-0.00637	0.03791	-0.00694	-0.00740	-0.00199	0.04255	0.00779	-0.01127	0.01539	0.01058	0.01038	-0.01687	0.01505
Copts Adaima	-0.01303	0.02977	0.02804	0.04207	-0.01380	0.01298	0.01041	0.03888	0.07672	-0.00264	-0.00027	-0.00696	0.01808	-0.00672	0.03473

Cabinda	-0.00129	0.02508	0.00499	0.02530	-0.00213	-0.00605	-0.01506	0.08498	0.00409	0.03352	0.03252	0.02151	0.00064	0.00135	0.02760
Mozambique	-0.00832	0.02755	0.00265	0.02663	0.00398	-0.00004	-0.00223	0.05448	0.01757	0.02981	0.04707	0.02213	-0.00212	0.01998	0.01994
Guinée équatoriale	-0.00662	0.02406	0.00501	0.02414	0.01647	-0.00862	-0.01332	0.07162	0.02039	0.00411	0.02720	0.01652	-0.00540	0.00097	0.02860
Tutsi Rouanda	-0.01151	0.03632	0.00402	0.02518	0.00751	0.03006	0.05040	0.00906	-0.00341	0.01567	0.02791	0.00242	0.00859	0.01491	0.03128
Andalousie	0.02037	-0.00801	-0.00877	0.02158	-0.00897	-0.01337	0.00702	0.04188	0.01052	-0.00241	-0.00945	-0.00313	-0.00074	-0.01085	-0.00072
Autochtones d'Espagne	0.01312	0.04042	-0.00494	0.03240	-0.01131	-0.01051	-0.00091	0.05939	0.00796	-0.00419	-0.00140	-0.00811	0.20163	0.00138	0.00400
Belarusse	0.02461	0.00654	0.00860	0.02397	-0.00016	-0.01302	-0.00280	0.08423	-0.00571	-0.00610	0.00074	-0.00861	0.02263	0.02366	0.00227
Belgique	-0.00460	-0.00149	-0.00937	0.02070	-0.01088	-0.01465	-0.00050	0.06500	0.00614	-0.00376	0.00632	-0.01015	0.01817	-0.00460	-0.00600
Macédonie	0.05340	-0.00093	-0.01436	0.03074	-0.01164	-0.01369	-0.01126	0.05240	0.00274	-0.00337	-0.00221	-0.00348	0.02673	-0.00919	-0.00825
Chine	0.04210	0.02545	-0.00418	0.04258	0.00528	0.00044	-0.01199	0.09058	0.04985	0.03890	0.04837	0.02710	0.04514	-0.00160	0.01124
Bangladesh	-0.00195	-0.00135	0.00243	0.03490	0.00199	-0.00967	-0.01153	0.03052	-0.00016	0.00450	0.01094	0.00774	0.02145	-0.00222	0.00043
Corée	0.02363	0.02080	-0.00115	0.03544	0.00108	0.01216	-0.01191	0.01594	0.02522	0.00277	0.04109	0.00655	0.03224	-0.00901	0.02222
Inde	0.03006	0.01371	0.00952	0.05760	0.02975	-0.00044	-0.00882	0.06436	0.05063	0.04354	0.03284	0.03384	0.04382	-0.00582	0.01420
Taiwan	0.00079	0.00996	0.03141	0.03579	0.00426	0.00206	-0.00939	0.02043	0.03867	0.02571	0.02468	0.02964	0.03933	-0.00328	0.01478
Thaïlande	0.05247	0.01355	-0.00173	0.04358	0.02060	0.00210	-0.01095	0.06325	0.05838	0.02207	0.04978	0.03843	0.05065	0.01013	0.00943
Dubai	0.03273	0.01088	0.00542	0.03529	0.01106	-0.00427	-0.00911	0.05459	0.07724	0.01587	0.04226	0.02764	0.05637	0.00322	0.00620
Yemen	0.01077	0.02021	-0.00329	0.02922	-0.00306	-0.00796	-0.01270	0.04516	0.00637	0.00499	0.01551	0.01380	0.00676	-0.00919	0.00159
Oman	-0.00946	0.02638	0.00564	0.02719	0.00223	-0.01114	-0.00790	0.03865	0.02415	0.01535	-0.00439	0.02027	0.03208	-0.00700	-0.00323
Arabie Saoudite	-0.01443	0.01593	-0.00808	0.02243	-0.00793	-0.00400	-0.01453	0.02700	-0.00372	-0.00439	0.00183	-0.00305	0.01002	-0.01518	0.00104
Iran	0.00382	0.01816	0.00138	0.03412	-0.00540	-0.00781	-0.01307	0.06425	-0.00119	0.00856	-0.01321	0.00866	0.00065	-0.00634	-0.00441
Iraq	0.00493	0.00664	0.00192	0.03358	-0.00726	-0.01314	-0.00305	0.03164	0.03402	0.01057	-0.00408	0.00005	0.00688	0.00448	-0.00004
Costa Rica	0.02821	0.03528	-0.00340	0.03614	-0.00760	-0.00614	-0.00161	0.08820	0.02895	0.00159	0.01390	-0.00264	-0.00780	0.00368	-0.00145
Mexique	0.11622	0.04619	-0.00018	0.05063	0.00351	-0.00067	0.02549	0.15408	0.07555	0.02951	0.03573	0.01463	0.00791	0.03337	0.01086
Porto Rico	0.00669	0.00929	-0.00638	0.03407	-0.00940	0.00548	-0.00916	0.05614	0.02561	-0.00064	0.01339	0.00274	0.01239	-0.00361	0.00341
Venezuela	0.02751	0.00828	-0.00445	0.03771	-0.01125	-0.01052	-0.01334	0.07790	0.01244	0.00079	0.00662	-0.00475	-0.00582	0.00351	0.00572

8.4.3 Comparaison par pair de l'indice Fst des ethnies du nord du Maroc:

8.4.3.1 Comparaison par pair de l'indice Fst de la population berbère:

La comparaison par pair de populations de l'indice Fst (Tableau 35), montre que la population berbérophone ne diverge en aucun système de la population arabophone, Cependant, elle diverge en trois systèmes de la Belgique, du Rabat-Salé-Zemmour-Zaër et de l'Arabie Saoudite, en quatre systèmes du Venezuela, du Macédoine, d'Asni, de l'Andalousie, de l'Iraq, d'Oman et d'Iran, en cinq systèmes de la Belarussi, du Bouhria, des Autochtones de l'Espagne, et du Porto Rico, en six systèmes du Siwa de l'Egypte, du Dubai et du Costa Rica, en sept systèmes des Moslimes Adaima, du Yemen et du Cabinda, en huit systèmes de la Guinée Equatorial et des Tutsi du Rouanda, en neuf systèmes des Copts d'Adaima, du Mozambique, de la Chine, du Bangladesh et de l'Inde, en dix systèmes du Thaïlande, en onze systèmes du Mexique et de la coré, en douze systèmes du Taiwan.

Sur le plan régional, la population berbère du nord du Maroc se rapproche en neuf systèmes de la population berbère d'Asni, de Bouhria et de Siwa de l'Egypte (D5S818, FGA, D8S1179, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D16S539, TPOX, D18S51), en trois systèmes de la population Arabophone (D7S820, TPOX), en onze systèmes de la population Perséphone (D5S818, FGA, D8S1179, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D19S433, TPOX, D18S51), en trois systèmes de population Sub-saharienne (D5S818, D8S1179, VWA), en huit systèmes de la population Hispanophone (D8S1179, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D16S539, D2S1338, D19S433, D18S51) en dix systèmes de de la population Russophone (D5S818, FGA, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, D18S51), en treize systèmes de la population Francophone (D5S818, FGA, D8S1179, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA, TPOX, D18S51), en onze systèmes de la population Macédoine (FGA, D8S1179, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, TPOX, D18S51), en deux systèmes de la population Bangladaise et Indienne (D8S1179, D3S1358), et en un système de la population Asiatique (D3S1358).

Par ailleurs, le système qui rapproche le plus la population berbérophone des populations mondiales, est le D8S1179. Les systèmes au niveau desquelles la population étudiée diverge le plus des populations mondiales sont le D21S11.

Tableau 35 : Comparaison par pair de l'indice Fst de la population berbère

Population	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
Berberophone	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
Asni	-0.00877	0.00554	-0.00006	0.03111	-0.00301	-0.01323	-0.01264	0.03249	-0.00273	-0.01404	-0.01317	0.01382	0.01061	-0.01724	-0.00191
Bouhria	0.00060	-0.00361	-0.00350	0.03142	0.00203	-0.01212	-0.00202	0.01251	0.01218	0.00678	-0.01134	0.01329	0.01598	0.00791	-0.00581
Siwa	-0.00715	0.00623	-0.01140	0.03192	0.00541	-0.01002	-0.01275	0.05635	0.03535	0.00650	0.01164	0.01367	0.02326	-0.01024	-0.00068
Arabophone	0.00231	-0.00608	-0.00813	-0.00510	-0.01216	-0.01339	-0.01053	-0.00401	-0.00409	-0.00632	-0.00860	-0.00893	0.00313	-0.01158	-0.00467
RSZZ	-0.00886	0.00524	-0.00802	0.03020	-0.01142	-0.01399	-0.01229	0.01870	0.00166	-0.01064	-0.00447	-0.00637	0.00780	-0.01229	0.00257
Moslim Adaima	0.01888	0.00667	-0.00637	0.03791	-0.00694	-0.00740	-0.00199	0.04255	0.00779	-0.01127	0.01539	0.01058	0.01038	-0.01687	0.01505
Copts Adaima	-0.01303	0.02977	0.02804	0.04207	-0.01380	0.01298	0.01041	0.03888	0.07672	-0.00264	-0.00027	-0.00696	0.01808	-0.00672	0.03473
Dubai	0.01077	0.02021	-0.00329	0.02922	-0.00306	-0.00796	-0.01270	0.04516	0.00637	0.00499	0.01551	0.01380	0.00676	-0.00919	0.00159
Yemen	-0.00946	0.02638	0.00564	0.02719	0.00223	-0.01114	-0.00790	0.03865	0.02415	0.01535	-0.00439	0.02027	0.03208	-0.00700	-0.00323
Oman	-0.01443	0.01593	-0.00808	0.02243	-0.00793	-0.00400	-0.01453	0.02700	-0.00372	-0.00439	0.00183	-0.00305	0.01002	-0.01518	0.00104
Arabie Saoudite	0.00382	0.01816	0.00138	0.03412	-0.00540	-0.00781	-0.01307	0.06425	-0.00119	0.00856	-0.01321	0.00866	0.00065	-0.00634	-0.00441
Iraq	0.00493	0.00664	0.00192	0.03358	-0.00726	-0.01314	-0.00305	0.03164	0.03402	0.01057	-0.00408	0.00005	0.00688	0.00448	-0.00004
Iran	-0.00195	-0.00135	0.00243	0.03490	0.00199	-0.00967	-0.01153	0.03052	-0.00016	0.00450	0.01094	0.00774	0.02145	-0.00222	0.00043
Cabinda	-0.00129	0.02508	0.00499	0.02530	-0.00213	-0.00605	-0.01506	0.08498	0.00409	0.03352	0.03252	0.02151	0.00064	0.00135	0.02760
Mozambique	-0.00832	0.02755	0.00265	0.02663	0.00398	-0.00004	-0.00223	0.05448	0.01757	0.02981	0.04707	0.02213	-0.00212	0.01998	0.01994
Equatorial Guinea	-0.00662	0.02406	0.00501	0.02414	0.01647	-0.00862	-0.01332	0.07162	0.02039	0.00411	0.02720	0.01652	-0.00540	0.00097	0.02860
Tutsi Rowanda	-0.01151	0.03632	0.00402	0.02518	0.00751	0.03006	0.05040	0.00906	-0.00341	0.01567	0.02791	0.00242	0.00859	0.01491	0.03128
Andalusians	0.02037	-0.00801	-0.00877	0.02158	-0.00897	-0.01337	0.00702	0.04188	0.01052	-0.00241	-0.00945	-0.00313	-0.00074	-0.01085	-0.00072
Autochton Espagne	0.01312	0.04042	-0.00494	0.03240	-0.01131	-0.01051	-0.00091	0.05939	0.00796	-0.00419	-0.00140	-0.00811	0.20163	0.00138	0.00400
Costarica	0.02821	0.03528	-0.00340	0.03614	-0.00760	-0.00614	-0.00161	0.08820	0.02895	0.00159	0.01390	-0.00264	-0.00780	0.00368	-0.00145
Mexique	0.11622	0.04619	-0.00018	0.05063	0.00351	-0.00067	0.02549	0.15408	0.07555	0.02951	0.03573	0.01463	0.00791	0.03337	0.01086
Portorico	0.00669	0.00929	-0.00638	0.03407	-0.00940	0.00548	-0.00916	0.05614	0.02561	-0.00064	0.01339	0.00274	0.01239	-0.00361	0.00341
Venzuela	0.02751	0.00828	-0.00445	0.03771	-0.01125	-0.01052	-0.01334	0.07790	0.01244	0.00079	0.00662	-0.00475	-0.00582	0.00351	0.00572
Belarusse	0.02461	0.00654	0.00860	0.02397	-0.00016	-0.01302	-0.00280	0.08423	-0.00571	-0.00610	0.00074	-0.00861	0.02263	0.02366	0.00227
Belgique	-0.00460	-0.00149	-0.00937	0.02070	-0.01088	-0.01465	-0.00050	0.06500	0.00614	-0.00376	0.00632	-0.01015	0.01817	-0.00460	0.00257
Macédonien	0.05340	-0.00093	-0.01436	0.03074	-0.01164	-0.01369	-0.01126	0.05240	0.00274	-0.00337	-0.00221	-0.00348	0.02673	-0.00919	-0.00600
Chine	0.04210	0.02545	-0.00418	0.04258	0.00528	0.00044	-0.01199	0.09058	0.04985	0.03890	0.04837	0.02710	0.04514	-0.00160	-0.00825
Bangladesh	0.02363	0.02080	-0.00115	0.03544	0.00108	0.01216	-0.01191	0.01594	0.02522	0.00277	0.04109	0.00655	0.03224	-0.00901	0.01124
Coré	0.03006	0.01371	0.00952	0.05760	0.02975	-0.00044	-0.00882	0.06436	0.05063	0.04354	0.03284	0.03384	0.04382	-0.00582	0.02222
Inde	0.00079	0.00996	0.03141	0.03579	0.00426	0.00206	-0.00939	0.02043	0.03867	0.02571	0.02468	0.02964	0.03933	-0.00328	0.01420
Taiwan	0.05247	0.01355	-0.00173	0.04358	0.02060	0.00210	-0.01095	0.06325	0.05838	0.02207	0.04978	0.03843	0.05065	0.01013	0.01478
Thaïlande	0.03273	0.01088	0.00542	0.03529	0.01106	-0.00427	-0.00911	0.05459	0.07724	0.01587	0.04226	0.02764	0.05637	0.00322	0.00943

8.4.3.2 Comparaison par pair de l'indice Fst de la population arabe:

La comparaison par pair de populations de l'indice Fst (Tableau 36), montre que la population globale arabophone du nord du Maroc diverge en deux systèmes des populations de la Belgique, du Rabat-Salé-Zemmour-Zaër et du Bouhria, d'Oman et d'Asni, en trois systèmes de l'Andalousie, d'Iran et du Porto Rico, en quatre systèmes de la Macédoine, en cinq systèmes de la Belarussie, du Dubai et de l'Arabie Saoudite, en six systèmes de l'Iraq et du Costa Rica, du Yemen, du Venezuela et du Siwa, en sept systèmes des Moslimes Adaima et des Autochtones de l'Espagne, en huit systèmes des coptes d'Adaima et de la Guinée Equatoriale, en neuf systèmes du Cabinda, en dix systèmes des Tutsis du Rouanda, du Bangladesh, de l'Inde et du Thailand, en onze systèmes du Mozambique, de la Chine et de la coré, en douze systèmes du Mexique et du Taiwan.

Sur le plan régional, la population Arabophone du nord du Maroc se rapproche en deux systèmes des autres populations Arabophones (D5S818, D16S539), en douze systèmes de la population Perséphone (D5S818, FGA, D8S1179, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA, D18S51), en deux systèmes de population Sub-saharienne (D5S818, D13S317), en deux systèmes de la population Hispanophone (D7S820, D18S51) en dix systèmes de de la population Russophone (D5S818, FGA, D8S1179, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA, TPOX, D18S51), en treize systèmes de la population Francophone (FGA, D8S1179, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, TPOX, D18S51), en onze systèmes de la population Macédoine (FGA, D8S1179, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, TPOX, D18S51), en deux systèmes de la population Bangladaise et Indienne (D8S1179, D3S1358), et en un système de la population Asiatique (D3S1358).

Par ailleurs, le système qui rapproche le plus la population berbérophone des populations mondiales, est le D3S1358. Les systèmes au niveau desquelles la population étudiée diverge le plus des populations mondiales sont le D21S11 et le TH01.

Tableau 36 : Comparaison par pair de l'indice Fst de la population arabe

Population	D5S818	FGA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51
Arabophone	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
RSZZ	0.00245	0.00616	-0.00213	0.02933	-0.00196	-0.00246	-0.00210	0.01198	-0.00162	0.00153	-0.00101	0.00227	0.00099	-0.00384	0.00121
Moslim Adaima	0.00354	0.01423	-0.00295	0.03595	0.00173	0.00574	0.01225	0.02149	0.00068	-0.00490	0.01511	0.01102	0.00430	-0.00396	0.01581
Copts Adaima	0.00576	0.02545	0.02165	0.04010	-0.00374	0.02382	0.01903	0.02398	0.04866	-0.00262	0.00174	0.00256	0.00202	0.00748	0.02544
Dubai	0.00460	0.01670	-0.00112	0.03936	0.00176	0.00336	-0.00073	0.01996	0.00262	0.00207	0.01408	0.01728	0.00610	-0.00047	0.00243
Yemen	0.00328	0.02019	0.00125	0.02713	0.01035	-0.00046	0.00236	0.02333	0.00863	0.00920	-0.00191	0.02120	0.02832	0.01399	-0.00182
Oman	0.00294	0.01281	-0.00646	0.02899	-0.00119	0.00942	-0.00591	0.00806	-0.00434	-0.00667	0.00026	0.00421	0.00728	-0.00706	0.00067
Arabie Saoudite	-0.00082	0.01469	-0.00204	0.02881	0.00091	0.00031	0.00072	0.05056	-0.00294	0.00429	-0.00040	0.01411	0.00788	0.01362	0.00448
Iraq	-0.00414	0.00596	-0.00284	0.03046	0.00186	-0.00256	0.01481	0.01905	0.02087	0.00591	-0.00016	0.00878	0.02047	0.01784	-0.00089
Iran	-0.00155	0.00463	0.00411	0.03958	0.00697	-0.00326	0.00144	0.01439	0.00310	0.00527	0.00615	0.00700	0.00953	0.01311	-0.00001
Cabinda	0.00394	0.02002	0.01311	0.02919	0.00589	0.01070	-0.00242	0.05467	0.00345	0.01419	0.02548	0.01803	0.00308	0.00531	0.03670
Mozambique	0.00074	0.02462	0.00841	0.04582	0.01088	0.01185	0.00688	0.03289	0.00544	0.01152	0.03946	0.01625	0.01234	0.01744	0.02423
Equatorial Guinea	0.00181	0.02131	0.02201	0.03394	0.02527	0.00532	-0.00136	0.04411	0.00980	-0.00339	0.01891	0.01341	-0.00009	0.00841	0.03469
Tutsi Rowanda	0.00057	0.02891	0.01476	0.03799	0.01499	0.05586	0.06123	0.01726	-0.00115	0.00257	0.02125	0.00665	0.00211	0.02977	0.03937
Andalusians	0.00400	-0.00019	-0.00049	0.02490	-0.00074	0.00036	0.01039	0.03349	0.00703	0.00365	-0.00453	0.00320	0.00239	0.00165	-0.00160
Autochton Espagne	0.01003	0.05069	0.00400	0.02492	0.00300	-0.00248	0.00013	0.04761	0.00224	0.01035	0.00086	0.00395	0.18783	0.01622	0.00161
Costarica	0.01075	0.03149	0.00375	0.02923	0.00025	0.00155	0.00035	0.06012	0.01679	0.00313	0.01214	0.00407	0.00460	0.00799	0.00044
Mexique	0.06641	0.04616	0.01812	0.03635	0.00656	0.00609	0.03153	0.09599	0.06097	0.02417	0.02500	0.03520	0.03215	0.04381	0.00704
Portorico	0.00206	0.00996	0.00011	0.02611	0.00506	0.01044	-0.00228	0.04114	0.00778	-0.00186	0.00537	0.00517	0.00127	0.00092	0.00503
Venzuela	0.01043	0.01137	0.00144	0.02788	-0.00065	-0.00153	-0.00304	0.04927	0.00828	0.00085	0.00516	0.00635	0.01260	0.01778	0.00341
Belarusse	0.00891	0.00542	0.01407	0.02362	0.00463	-0.00347	0.00302	0.07798	0.00405	0.00802	0.00274	0.00831	0.01054	0.03953	0.00718
Belgique	0.00015	0.00392	0.00799	0.02055	0.00468	-0.00554	0.00303	0.05934	-0.00036	0.00107	0.00448	0.00711	0.00547	0.00977	-0.00171
Macédonien	0.05732	0.00262	-0.00516	0.03484	-0.00072	-0.00216	-0.00529	0.04262	0.00244	-0.00014	0.00000	0.00529	0.01300	0.00233	0.00121
Chine	0.02141	0.02098	0.00150	0.03346	0.01079	0.00859	0.00218	0.08375	0.04784	0.01655	0.03600	0.02598	0.02818	0.01246	-0.00159
Bangladesh	0.01092	0.01547	0.00752	0.03074	0.00691	0.01459	-0.00261	0.01018	0.02279	-0.00253	0.03038	0.01168	0.01584	-0.00465	0.01533
Coré	0.01830	0.01270	0.00767	0.03216	0.02941	0.00884	-0.00096	0.05203	0.04670	0.01917	0.02361	0.03096	0.02511	0.00339	0.01706
Inde	-0.00112	0.01208	0.03048	0.03754	0.00933	0.00624	-0.00218	0.01067	0.03205	0.01527	0.02479	0.02428	0.01912	0.00153	0.01566
Taiwan	0.03295	0.01221	0.00158	0.03236	0.02480	0.01135	0.00300	0.05246	0.05409	0.00688	0.03635	0.03420	0.03188	0.02682	0.01189
Thaïlande	0.02225	0.00959	0.00439	0.02772	0.01314	0.00232	0.00227	0.03771	0.06909	0.00307	0.02851	0.02645	0.03395	0.02184	0.01431

8.5 Etude de structure et la diversité génétique de la population du nord du Maroc dans son contexte populationnels, géographique et linguistique

8.5.1 Contexte géographique:

8.5.1.1 Structure géogénétique de la population de nord du Maroc :

Dans cette partie du travail, on s'intéresse à situer la population du Nord du Maroc dans son contexte géographique mondial et en appréhendant les différenciations et les affinités génétique au sein de six groupes populationnelles établis selon leurs proximité géographique (Tableau 37).

La structure génétique des populations est majoritairement influencée par la géographie. En effet, une frontière géographique pourrait être une barrière culturelle, sociale, linguistique, religieuse voir génétique. Par ailleurs le nord du Maroc a été traversé par des mouvements importants de populations à travers l'histoire. Dans cet objectif, une analyse AMOVA a été performée pour estimer la diversité intra-populationnelle, inter-populationnelle et intragroupe. Cette diversité est traduite en termes d'indice de fixation (F_{sc} , F_{ct} et F_{st}).

L'évaluation a été effectuée sur la base des indices de fixation. Le tableau 38 résume les résultats obtenus pour chaque système. Les indices F_{st} de tous les systèmes reflètent une diversité génétique significative entre les populations. De même, A l'exception des systèmes D21S11 et D7S820, l'ensemble des systèmes témoignent d'une diversité génétique significative au sein des groupes de populations. En considérant l'indice F_{ct} , tous les systèmes traduisent une corrélation significative entre la structure génétique et la structure géographique des groupes populationnels définis. Les valeurs plus élevées des indices F_{ct} par rapport à celles des indices F_{sc} au niveau de tous les loci, à l'exception de vWA, témoignent d'une diversité génétique importante entre les populations appartenant à différentes zones géographique.

Tableau 37 : Structure géo-génétique de la population de nord du Maroc

	Contexte géographique	Populations introduites
Groupe 1	Nord-Afrique	Nord du Maroc
		Rszz
		Asni
		Bouhria
		Siwa
		Moslim Adaima
		Copts Adaima
Groupe 2	Afrique Sub-saharienne	Cabinda
		Mozambique
		Guinée Equatoriale
		Tutsi Rouanda
Groupe 3	Nord de la méditerranée	Andalousie
		Autochtones de l'Espagne
		Belarusse
		Belgique
		Macédonie
Groupe 4	Asie de l'Est	Chine
		Bangladesh
		Corée
		Inde
		Taiwan
		Thaïlande
Groupe 5	Moyen-Orient	Dubaï
		Yémen
		Oman
		Arabie Saoudite
		Iran
		Iraq
Groupe 6	Amérique latine	Costa Rica
		Mexique
		Porto Rico
		Venezuela

Tableau 38 Pourcentages de variation (ANOVA) et indices de fixation calculés pour chaque système (Structure géogénétique de la population de nord du Maroc)

Locus STR	Pourcentage de variation			Indices de fixation (significativité)
	Entre les groupes	Entre les populations d'un même groupe	Au sein des populations	
D5S818	1.29	0.95	97.76	Fsc : 0.00967 (+) Fst : 0.02241 (+) Fct : 0.01286 (+)
FGA	0.68	0.60	98.72	Fsc : 0.00607 (+) Fst : 0.01279 (+) Fct : 0.00676 (+)
D8S1179	0.74	0.24	99.02	Fsc : 0.00241 (+) Fst : 0.00982 (+) Fct : 0.00743 (+)
D21S11	0.77	0.41	98.83	Fsc : 0.00411 (-) Fst : 0.01175 (+) Fct : 0.00767 (+)
D7S820	1.33	0.15	98.52	Fsc : 0.00148 (-) Fst : 0.01476 (+) Fct : 0.01330 (+)
CSF1PO	0.63	0.20	99.17	Fsc : 0.00202 (+) Fst : 0.00829 (+) Fct : 0.00629 (+)
TH01	3.74	1.67	94.60	Fsc : 0.01730 (+) Fst : 0.05404 (+) Fct : 0.03739 (+)
D13S317	2.52	0.34	97.13	Fsc : 0.00352 (+) Fst : 0.02865 (+) Fct : 0.02522 (+)
D16S539	1.11	0.24	98.65	Fsc : 0.00246 (+) Fst : 0.01351 (+) Fct : 0.01108 (+)
D2S1338	1.57	0.37	98.06	Fsc : 0.00375 (+) Fst : 0.01942 (+) Fct : 0.01573 (+)
D19S433	1.19	0.28	98.53	Fsc : 0.00284 (+) Fst : 0.01466 (+) Fct : 0.01186 (+)
VWA	2.05	2.49	95.46	Fsc : 0.02542 (+) Fst : 0.04542 (+) Fct : 0.02052 (+)
TPOX	1.22	0.68	98.010	Fsc : 0.00692 (+) Fst : 0.01899 (+) Fct : 0.01215 (+)
D18S51	1.10	0.18	98.71	Fsc : 0.00184 (+) Fst : 0.01286 (+) Fct : 0.01103 (+)
D3S1358	0.57	0.56	98.87	Fsc : 0.00561 (+) Fst : 0.01131 (+) Fct : 0.00573 (+)

8.5.2 Contexte linguistique

8.5.2.1 Structure lingua-génétique de la population globale :

Les distances linguistiques sont considéré comme d'important facteurs qui favorise ou empêche le brassage des populations. Plusieurs études ont confirmées l'existence d'une corrélation entre le gène et la langue. Autrement dit, quand il y'a une intercompréhension linguistique, les échanges à l'échelle populationnelle change de mode et de sens. Suite à ces constatations nous avons effectué la même analyse de variance précédente en vérifiant cette fois l'implication du facteur « langue » dans la structuration génétique des populations. Les populations ont été, ainsi, réparties selon leur contexte linguistique (Les populations qui présentent un certain rapprochement linguistique ont été mises dans le même groupe populationnel) Les populations ont été, ainsi, réparties dans des groupes selon leur rapprochement linguistique (Tableau 39).

S'agissant de la sous-population berbère, le tableau 40 résume les résultats obtenus pour chaque système. Les indices F_{st} de tous les systèmes reflètent une diversité génétique significative au sein des groupes de populations. En considérant l'indice F_{ct} , mis à part les loci D3S1358, D19S433, D16S539, CSF1PO, D21S11 et FGA, tous les systèmes traduisent une corrélation significative entre la structure génétique et la structure linguistique des groupes populationnels définis. Les populations ressortissantes de contextes linguistiques différents témoignent bien d'une grande diversité génétique.

Tableau 39 : Définition de la structure linguo-génétique de la population de nord du Maroc

	Contexte linguistique	Populations introduites
Groupe 1	Berbérophone	Berbères du Nord
		Siwa
		Asni
		Bouhria
Groupe 2	Arabophone	arabes du Nord
		Rszz
		Moslim Adaima
		Copts Adaima
		Dubaï
		Yémen
		Oman
		Arabie Saoudite
		Iraq
Groupe 3	Perséphone	Iran
Groupe 4	Langues Sub-sahariennes	Cabinda
		Mozambique
		Guinée Equatoriale
		Tutsi Rouanda

Groupe 5	Hispanophone	Andalousie
		Autochtones de l'Espagne
		Costa Rica
		Mexique
		Porto Rico
		Venezuela
Groupe 6	Russophone	Belarusse
Groupe 7	Francophone	Belgique
Groupe 8	Macédoine	Macédonie
Groupe 9	Asiatique	Chine
		Taiwan
		Corée
		Thaïlande
Groupe 10	Bangladais et indien	Inde
		Bangladesh

Tableau 40 : Pourcentages de variation (ANOVA) et indices de fixation calculés pour chaque système (Structure linguistique de la sous-population berbère)

Locus STR	Pourcentage de variation			Indices de fixation (significativité)
	Entre les groupes	Entre les populations d'un même groupe	Au sein des populations	
D5S818	1.95	0.41	98.64	Fsc : 0.00417 (+) Fst : 0.01364 (+) Fct : 0.00951 (+)
FGA	0.09	1.34	98.57	Fsc : 0.01346 (+) Fst : 0.01431 (+) Fct : 0.00086 (+)
D8S1179	0.96	0.13	98.91	Fsc : 0.00136 (+) Fst : 0.01093 (+) Fct : 0.00958 (+)
D21S11	0.56	0.60	98.84	Fsc : 0.00600 (+) Fst : 0.01161 (+) Fct : 0.00564 (+)
D7S820	0.42	0.16	99.42	Fsc : 0.00158 (+) Fst : 0.00578 (+) Fct : 0.00421 (+)
CSF1PO	0.39	0.44	99.18	Fsc : 0.00437 (+) Fst : 0.00822 (+) Fct : 0.00387 (+)
TH01	2.00	1.86	96.14	Fsc : 0.01897 (+) Fst : 0.03861 (+) Fct : 0.02003 (+)
D13S317	0.97	0.80	98.22	Fsc : 0.00811 (+) Fst : 0.01778 (+) Fct : 0.00975 (+)
D16S539	0.34	0.67	98.99	Fsc : 0.00670 (+) Fst : 0.01010 (+)

				Fct : 0.00343 (+)
D2S1338	0.91	0.51	98.58	Fsc : 0.00515 (+) Fst : 0.01416 (+) Fct : 0.00905 (+)
D19S433	0.46	0.60	98.94	Fsc : 0.00606 (+) Fst : 0.01064 (+) Fct : 0.00461 (+)
VWA	0.00	4.72	95.28	Fsc : 0.04722 (+) Fst : 0.04721 (+) Fct : 0.00001 (-)
TPOX	1.55	0.58	97.87	Fsc : 0.00590 (+) Fst : 0.02135 (+) Fct : 0.01554 (+)
D18S51	0.82	0.34	98.84	Fsc : 0.00341 (+) Fst : 0.01161 (+) Fct : 0.00823 (+)
D3S1358	0.13	1.11	98.76	Fsc : 0.01107 (+) Fst : 0.01240 (+) Fct : 0.00134 (+)

En ce qui concerne la sous-population arabe, les indices Fst de tous les systèmes reflètent une diversité génétique significative au sein des groupes de populations. En considérant l'indice Fct, mis à part les loci vWA, D3S1358, D19S433, D16S539, CSF1PO, et FGA, tous les systèmes traduisent une corrélation significative entre la structure génétique et la structure linguistique des groupes populationnels définis.

Tableau 41 : Pourcentages de variation (ANOVA) et indices de fixation calculés pour chaque système (Structure linguistique de la sous-population Arabe)

Locus STR	Pourcentage de variation			Indices de fixation (significativité)
	Entre les groupes	Entre les populations d'un même groupe	Au sein des populations	
D5S818	0.94	0.43	98.63	Fsc : 0.00435 (+) Fst : 0.01372 (+) Fct : 0.00941 (+)
FGA	0.10	1.30	98.60	Fsc : 0.01300 (+) Fst : 0.01398 (+) Fct : 0.00099 (+)
D8S1179	1.05	0.13	98.82	Fsc : 0.00131 (+) Fst : 0.01184 (+) Fct : 0.01054 (+)
D21S11	0.61	0.49	98.89	Fsc : 0.00494 (+) Fst : 0.01105 (+) Fct : 0.00614 (+)
D7S820	0.47	0.16	99.36	Fsc : 0.00164 (+) Fst : 0.00638 (+) Fct : 0.00475 (+)
CSF1PO	0.40	0.44	99.16	Fsc : 0.00439 (+) Fst : 0.00839 (+) Fct : 0.00401 (+)
TH01	2.09	1.86	96.05	Fsc : 0.01895 (+) Fst : 0.03945 (+) Fct : 0.02090 (+)
D13S317	0.98	0.78	98.23	Fsc : 0.00791 (+) Fst : 0.01765 (+) Fct : 0.00982 (+)
D16S539	0.36	0.65	98.99	Fsc : 0.00651 (+) Fst : 0.01012 (+) Fct : 0.00363 (+)
D2S1338	0.79	0.61	98.60	Fsc : 0.00613 (+) Fst : 0.01396 (+) Fct : 0.00788 (+)
D19S433	0.46	0.64	98.91	Fsc : 0.00641 (+) Fst : 0.01094 (+) Fct : 0.00456 (+)
VWA	0.09	4.57	95.34	Fsc : 0.04571 (+) Fst : 0.04656 (+) Fct : 0.00089 (-)
TPOX	1.66	0.57	97.77	Fsc : 0.00581 (+) Fst : 0.02229 (+) Fct : 0.01657 (+)
D18S51	0.82	0.36	98.82	Fsc : 0.00361 (+) Fst : 0.01182 (+) Fct : 0.00824 (+)
D3S1358	0.16	1.11	98.73	Fsc : 0.01109 (+) Fst : 0.01267 (+) Fct : 0.00160 (+)

DISCUSSION :

Le taux de l'endogamie selon le lieu de naissance chez la première et la deuxième génération est généralement élevé 85,34% et 90,21% respectivement, par rapport à la dernière génération (74,34%). Ces résultats concordent avec ceux trouvés par Hami et al (2006) lors d'une étude la population de Gharb-Chrarda-Beni Hssen (Maroc), qui témoigne d'un taux d'endogamie 70,48% chez la génération des couples étudiés, 92,31% chez la génération des parents paternels et 85,85% chez la génération des parents maternels. Le taux dénoté (86%) reste moins élevé comparé à 91,98%, trouvé chez la population marocaine (Talbi et al. 2006b). Néanmoins, ce taux est bien plus élevé que ceux rapportés sur la région de Doukkala (79,45%), la population de kénitra (70,48%), la population d'Azgour (72,4%), d'Anougal (73,2%), et du Haut (A. Baali 1994; cherkaoui 2002; Hami et al. 2005; Talbi et al. 2008).

Nos résultats semblent amener à dire que la dernière génération est devenu plus ou moins active comparée à la première et la deuxième, ceci pourrait être attribué au fait que la région du nord a connu dans les dernières décennies une croissance économique et un développement social très marqué, des facteurs qui ont participé à cette mobilité. Ces facteurs ont contribué à l'enrichissement du tissu démographique de la région ainsi qu'à la diversification de sa population. En effet le développement des moyens de transports, des infrastructures et des projets économiques d'envergure dans cette région du Maroc ont donné une dimension stratégique palpable et ont contribué à l'attractivité de ses villes.

Tous ces changements avaient un impact sur l'environnement socioculturel de la population du Nord du Maroc, ce qui a pu créer une génération plus ou moins ouverte et permissive. Le rôle de la femme est majeur dans ces changements en devenant active dans la société et un bon partenaire financier dans sa famille. Le choix du conjoint par ailleurs est devenu un droit dont peut jouir si bien la femme que l'homme.

S'agissant de la consanguinité dans la population du Nord du Maroc, le pourcentage des couples consanguins est de 24,78%, ce chiffre avoisine la moyenne nationale 22,79% mais il reste faible comparé à la population de Tanger-Tetouan (39%) (Hardouz et al. 2014), cela est peut être lié à la taille de l'échantillon et la génération des individus interviewés.

Les résultats montrent que la consanguinité est plus importante en milieu rural qu'en milieu urbain. En effet le niveau d'instruction généralement bas et la culture collective et traditionnelle qui règne dans le milieu rural, sont des facteurs majeurs qui empêchent l'accès à la vie moderne et ouverte. Cette situation est plutôt particulière par rapport aux résultats publiés sur d'autres populations marocaines. Talbi et al, 2008, n'ont rapporté aucune différence significative entre les deux milieux lors d'études effectuées sur la population des Doukalas et la population globale du Maroc. Toutefois un pourcentage de consanguinité plutôt élevé dans le milieu rural a été dénoté lors d'une étude sur la population du Gharb (Attazagharti, N et al 2006).

Par ailleurs une différence plus ou moins significative a été soulignée entre les générations. En effet, les deux dernières générations marquent les pourcentages de consanguinité les plus élevés (soit 26,12% et 28,47%). L'augmentation du pourcentage de consanguinité en allant de la première génération vers la dernière génération des couples étudiés, est un résultat qui concorde avec ceux trouvés chez la population de Tanger-Tétouan (Hardouz et al. 2014) et chez la population des Doukalas (Talbi et al. 2008). Une autre étude réalisée par la même équipe en 2007 (Talbi et al. 2007), souligne une légère augmentation de pourcentage de consanguinité chez la population Marocaine. D'autres études effectuées par Baali (1994) et Attazagharti (2002), montrent une diminution du pourcentage de consanguinité au cours du temps. Par contre il y'a des études qui ont été faites sur la consanguinité inter-générationnelle et qui ne montrent pas de différence significative, comme celles entamées par Moussouni (2012), Hami (2009) et Al-awadi (1985).

Les unions consanguines indéfinies (14.82%), sont contractées entre des conjoints dont le lien de parenté est indéfini. En effet l'accumulation de la consanguinité dans les lignées familiales rend les liens de parenté entre conjoints compliqués et deviennent difficile à définir. De même la parenté entre les conjoints est tellement ancienne qu'ils finissent par oublier sa nature. Par ailleurs, les unions entre les cousins germains sont les plus contractés avec un pourcentage de 9,08 %. La fréquence des autres unions reste par contre très faible. Une nette préférence a été soulignée pour les unions avec la fille du frère du père (62,5 %). Dans ce modèle de société, le choix de conjoint est littéralement dépendant de plusieurs facteurs, comme l'appartenance ethnique, l'activité des habitants, l'attachement aux traditions et l'héritage familial.

Au niveau générationnelle, les résultats témoignent d'une nette préférence du mariage avec la cousine parallèle chez les quatre générations, notamment la fille du frère du père qui semble être la plus préférée chez la première génération (91,67%). Cependant la fréquence de ce mariage (FFP) ou « bent alam » diminue vers la dernière génération (27,78%), ces résultats rappellent ceux trouvés dans la région du Gharb (Attazagharti et al. 2006).

L'estimation de la consanguinité par l'isonymie révèle généralement des taux, 3 à 4 fois plus élevés que celles calculés via le coefficient de consanguinité apparente (Crow et Mange 1965). Cela est dû à la capacité de la méthode isonymique à chercher toute ressemblance des noms et de détecter la consanguinité éloignée (Tay et Yip 1984). Dans la présente étude, le coefficient de consanguinité calculé à travers l'isonymie est de (0.0276031), presque deux fois le coefficient calculé via les liens de parenté (0,0148253). Cette différence est peut être expliquée par le grand pourcentage des consanguins indéfinis et qui peuvent être non consanguins. Par conséquent le pourcentage des consanguins isonymes indéfinis (99.38%) ne peut que confirmer l'effet de ce lien sur la vraie estimation de la consanguinité par la méthode isonymique. Cela nous mène à dire qu'il existe peut-être une partie qui portent le même nom de famille, mais qui ne sont pas forcément apparentés ou le contraire.

En effet ce grand pourcentage des liens indéfinis participe d'une manière directe à l'augmentation de son coefficient. Par conséquent, l'attribution de coefficients de degrés de parenté proche à celui des cousins germains dont les liens familiaux sont plus ou moins loin, ne pourrait que contribuer à cette situation.

Au-delà d'une simple pratique matrimoniale, pourrait-elle être qualifiée comme caractère comportemental régit au niveau des gènes, encre dans le patrimoine génétique. Il existe d'autres facteurs qui interviennent dans la déviation totale du trajet de la transmission des patronymes. Selon les données historiques et la situation géographique de la région, il est fort probable que la migration et le fait que le choix du nom de famille des premières générations lors de l'enregistrement dans l'état civil immédiatement après l'indépendance, s'est fait sur des critères locaux et non pas ancestraux, pour de multiples raisons.

On peut remarquer la forte résistance de la consanguinité en tant que comportement chez le groupe consanguin et à travers toutes les générations. Cela peut être expliqué par plusieurs facteurs qui peuvent dévier ou influencer la transmission ou le non transmission de ce caractère, tel que le niveau d'instruction et l'appartenance ethnique des couples.

Néanmoins, selon des témoignages des participants à l'étude, cette forme d'hérédité du comportement matrimonial trouve ses motivations, très souvent dans l'intervention des parents au moment du choix du futur partenaire. Diverses études ont, en effet, souligné l'effet de l'influence des parents sur la composition et le mode de fonctionnement de l'unité familiale dans la génération suivante (Abbasi Shavazi 2006; Barry et al. 1998; Bouchard 1989; Hanan Hamamy et al. 2005; Hussain et Bittles 1998; Jurdi et Saxena 2003; Kalmijn 1991; M'rad et Chalbi 2004).

Les pratiques matrimoniales aléatoires augmentent la diversité génétique et instaure le concept de la distance génétique entre populations, donnant ainsi naissance à des groupes populationnelles ayant des caractères isolés, spécifiques, et limités géographiquement. Ces caractères se créent, se transforment, se maintiennent par ségrégation et parfois disparaissent par d'autres facteurs. Cela produit avec le temps des groupes différents sur le plan culturel et sociologique, qu'on appelle des ethnies.

La structure génétique de la population du nord du Maroc a dû répondre à la pression de plusieurs facteurs qui peuvent aboutir à la modification de sa structure génétique. Sa proximité géographique aux pays européens notamment l'Espagne, favorise la migration d'un nombre important d'individus, ce qui par ailleurs correspond à une fuite dépressive en termes d'allèles de la population. Cette région se caractérise par l'existence de deux ethnies les Jbala et les Rifains, ce qui crée un dynamisme en termes de flux génétique inter populationnelle à travers la sélection matrimonial du conjoint, ce qui enrichie plus ou moins le patrimoine génétique dans cette population. Toutefois, la tendance à persévérer l'appartenance ethnique prend le dessus on se traduisant par un niveau élevé d'endogamie et de consanguinité bien dans la population.

De même l'événement de l'attaque chimique avec le gaz moutarde sur la région rifaine pendant la guerre du Rif entre 1921 et 1926, pourrait être à l'origine d'apparition de plusieurs mutations dans le pool génétique de la population, étant donné que ce gaze est reconnu pour ces effets mutagènes (Stevens et Mylroie 1952). Tant de pressions et de forces sélectives qui forment de cette population un modèle génétique à étudier et à caractériser.

Ainsi, une étude inter et intra-populationnel s'est avérée indispensable pour cerner la structure génétique de cette population de point de vue anthropogénétique. En effet l'intégration d'autres

disciplines permettant d'analyser le comportement des populations et identifier les différents groupes en considérant leurs cadre culturelle, religieux, ... à laquelle ils appartiennent (Schein 1996), et en examinant leur mode de vie (parenté, politique, économie, religion, santé...) et leur situation contemporaine (migrations, mondialisation, niveau de construction culturel etc.).

Dans la deuxième partie de cette étude, 15 marqueurs STRs utilisés en criminalistique ont été exploités dans deux grands objectifs. Le premier objectif était l'étude de la distribution des fréquences alléliques de ces systèmes dans la population du nord du Maroc. Ce paramètre étant d'une grande importance puisqu'ils définissent la situation de la population par rapport à l'équilibre. Le deuxième objectif était l'exploitation de ces fréquences pour générer une empreinte génétique de la population ciblée, caractériser sa structure génétique et la situer dans son contexte géographique et linguistique.

En appliquant la correction de Bonferroni toutes p-valeurs $<0,003$ ont été considérées statistiquement significatif ($0,05 / 15 = 0,003$) (Weir, 1996). Les valeurs exactes de Guo et Thomson ont montré que La population globale (tableau 23) est en équilibre de Hardy-Weinberg pour 12 marqueurs inclus dans AmpFlSTRIdentifiler®, et présentent une déviation significative au niveau de quatre marqueurs (TH01, D18S51, DS7820 et D19S433). L'hétérozygotie moyenne était de l'ordre de 0,76469, avec une valeur maximale observée au niveau du marqueur D2S1338 (0,8893), et une valeur minimale observée au niveau du marqueur CSF1PO et D19S433 (0,65613).

Ces résultats, témoignent d'une population en équilibre génétique. En effet, la proportion des mariages consanguins dans la région du Nord atteint 25%, avec un taux très élevé de l'endogamie (86%), ce comportement matrimonial caractérisant cette région pourrait impliquer une dépression quant à l'équilibre au niveau de ces quatre marqueurs.

La population arabophone (tableau 29) est en équilibre de Hardy-Weinberg pour 12 marqueurs, La population de l'Arache et EL hoceima et le groupe berbère (tableaux 26,27 et 28) sont tous en équilibre de Hardy Weinberg pour tous les 15 marqueurs. La population de Tanger et Tetouan (tableau 24 et 25) présentent des déviations significatives au niveau des marqueurs D21S11, D18S51, D19S433 et D8S1179.

D'une manière générale, les marqueurs TH01, D18S51, D19S433, D21S11 et D8S1179 présentent des déviations significatives par rapport à la situation d'équilibre. Par ailleurs, les systèmes qui rapprochent le plus la population de la région du nord des populations mondiales, est le D16S539 et le D18S51. Les systèmes au niveau desquelles la population étudiée diverge le plus des populations mondiales sont le TH01 et D21S11. On assiste à une hétérogénéité des résultats entre les systèmes. Ceux-ci n'affichent pas tous la même tendance par rapport à une population donnée. Ceci accuse, principalement, la nature des systèmes eux même (structure moléculaire, histoire évolutif, état d'équilibre...). Cette hétérogénéité des résultats justifie, en effet, le recours à 15 systèmes STRs lors de l'identification génétique des individus. Chose qui doit être bien prise en considération lors de l'étude des rapprochements génétique entre populations.

Pour mieux cerner les affinités génétiques de la population nord Marocaine par rapport aux populations mondiales, celles-ci ont été représentées en six groupes intra, inter populationnelle et intragroupe selon le contexte géographique et linguistique à l'aide d'une analyse AMOVA. Les résultats témoignent en général d'une corrélation significative entre la structure génétique et la structure géographique des groupes populationnels.

Les distances linguistiques sont considérées également comme d'importants facteurs qui favorisent ou empêchent le brassage des populations. Plusieurs études ont confirmées l'existence d'une corrélation entre le gène et la langue (Cavalli-Sforza 1997). Quand il y'a une intercompréhension linguistique, les échanges à l'échelle interpopulationnelle ont tendance à s'intensifier.

La région étudiée est d'une manière générale plus proche génétiquement des autres populations Marocaines (Rabat-Salé-Zemmour-Zaër, du Bouhria et d'Asni), pourtant elle ressemble considérablement à d'autres populations non Marocaines (l'Arabie Saoudite, l'Andalousie et la Belgique). Le nord du Maroc se distingue des autres régions du pays par ses caractéristiques historiques et géographiques. Sa position stratégique, lui confère la désignation du carrefour des civilisations. De point de vue ethnique, le Rif, était le point de l'apparition de l'ethnie arabe dans le Maroc. Selon l'histoire, Idriss premier était le premier arabe qui va s'installer au cœur de la confédération berbère, il va occuper tout le Nord du Maroc. Son fils métisse d'arabe et de berbère va fonder la ville de Fès en 807, et va faire venir les arabes et non pas les berbères, pour construire le premier noyau de la population arabe (Lugan 2011). Cela est constaté par le grand rapprochement de la population berbérophone du nord du Maroc de la population arabophone des états arabes du Golfe (Tableau 34 et 35).

Lors de la conquête musulmane de la péninsule Ibérique, ce sont les musulmans berbéro-arabes qui ont envahi l'Andalousie pendant un siècle et demi. Certes, le sang berbère coule encore dans les veines de certaines familles espagnoles. Cette constatation historique, pourrait expliquer le fort rapprochement génétique de la population du Nord de la population de l'Andalousie.

Longtemps la Belgique fut une destination d'accueil en masse de la main d'œuvre marocaine en raison du développement de l'industrie lourde, sidérurgie ..., officialisé suite à la convention bilatérale belgo-marocaine de 1964 (Bousetta et Martiniello, 2003). Actuellement la population Marocaine en Belgique constitue la deuxième communauté étrangère, 80% viennent du nord du Maroc, des régions rurales du Rif, des provinces de Tiznit et du Souss (Loriaux, 2005).

CONCLUSION :

Les résultats présentés dans cette étude montrent que la position géographique de la population du Nord est un élément déterminant et une conséquence directe de la constatation de la valeur élevée du taux général d'endogamie. Cette situation devienne elle-même un élément majeur de niveau élevé de la consanguinité. En effet, d'autres facteurs peuvent influencer de manière significative le degré de consanguinité et d'endogamie, tel que la langue et la situation économique qui vont engendrer plus de cloisonnement et de fermeture populationnelle. La consanguinité se présente comme un comportement héréditaire entre les générations, ce qui en fait un trait sociodémographique ancré dans le patrimoine culturel de cette population. Cette constatation trouve sa confirmation dans l'augmentation du pourcentage de consanguinité dans le milieu rural. En effet, ces traits culturels, n'ont pas échappé à l'immigration vers l'urbanisation aussi bien dans le temps que dans l'espace.

Une étude inter et intra-populationnel a été faite pour connaître et expliquer les divers aspects de la diversité génétique de cette population de point de vue anthropo-génétique, et définir les affinités génétiques de cette population par rapport aux populations mondiales en faisant appel à l'analyse de 15 marqueurs microsatellites (STRs) utilisés en criminalistique.

L'étude de la distribution des fréquences alléliques de ces systèmes témoigne d'une population en équilibre génétique est en équilibre de Hardy-Weinberg pour 12 marqueurs inclus dans AmpFlSTRIdentifiler®, et présentent une déviation significative au niveau de quatre marqueurs (TH01, D18S51, DS7820 et D19S433). Le grand écart entre les fréquences attendues et observées, mène à penser qu'une force évolutive est en jeu, et qu'elle empêche l'union des couples au hasard au sein de cette population. Ces déviations pourraient être expliquées par un excès d'homozygotes en raison d'une sous-structuration populationnelle (Overall et Nichols 2001).

En effet, la proportion des mariages consanguins dans la région du Nord atteint 25%, avec un taux très élevé de l'endogamie (86%). Ce comportement matrimonial caractérisant cette région pourrait impliquer une dépression quant à l'équilibre au niveau de ces quatre marqueurs.

Les faits historiques marquants la région du Nord du Maroc nous donnent une explication de la proximité génétique aux autres populations et sous populations représentant la population mondiale, Cela confirme l'utilité de l'étude anthropologique en association aux études génétique des populations humaines. Autrement dit, étudier anthropo-génétiquement une population, c'est découvrir son patrimoine génétique on analysant son comportement prenant en considération son histoire migratoire et son caractère culturel, ethnique, sociale, religieux ... afin de bien définir les distances génétique.

PERSPECTIVES :

A travers cette étude anthropogénétique nous avons pu apporter de nouvelles données sur l'état de la consanguinité dans la population nord marocaines. Cependant, l'étude de l'effet de ce comportement sur la santé publique semble être indispensable pour combler les résultats de notre travail. Par conséquent, il est nécessaire de faire une enquête approfondit sur les différentes maladies héréditaires en lien avec la consanguinité présentes dans la région du nord.

Cette étude servira à sensibiliser les différents individus de cette population vis-à-vis les conséquences des mariages intra familiales et l'importance de contracter des unions exogames et donc les rendre conscients de l'aspect sérieux de cette problématique.

En effet, Plusieurs études ont déclaré qu'il devrait déclencher un signal d'alarme, car il s'agit bien de la santé publique. Les couples issus de mariages consanguins ont souvent des problèmes de fécondité et de fertilité. Ces mariages sont également considérés comme de grands responsables à des taux importants de mortalité infantile et périnatale, et de malformation congénitale. Ce comportement a aussi un effet sur l'état psychique et mental de la descendance, en augmentant la fréquence de la schizophrénie et les troubles bipolaires.

Lorsque ce comportement continue à se répéter durant les générations, la population devient fortement consanguine, d'où l'importance d'intégrer des séances de sensibilisation dans les cursus scolaires.

Références bibliographiques :

- Abaskuliev, A. A., et G. V. Skoblo. 1975. « Inbreeding, endogamy and exogamy among relatives of schizophrenia patients ». *Genetika* 11 (3): 145–148.
- Abbasi Shavazi, et al. 2006. « FERTILITY DECLINE IN THE ISLAMIC REPUBLIC OF IRAN: 1972–2000: Asian Population Studies: Vol 2, No 3 ».
- Aguadé, Jordi, Patrice Cressier, et Ángeles Vicente. 1998. *Peuplement et arabisation au Maghreb occidental: dialectologie et histoire*. Casa de Velázquez.
- Al-Gazali, L. I., A. Bener, Y. M. Abdulrazzaq, R. Micallef, A. I. Al-Khayat, et T. Gaber. 1997. « consanguineous marriages in the United Arab Emirates ». *Journal of biosocial science* 29 (4): 491–497.
- Angers, Bernard, Emilie Castonguay, et Rachel Massicotte. 2010. « Environmentally induced phenotypes and DNA methylation: how to deal with unpredictable conditions until the next generation and after ». *Molecular Ecology* 19 (7): 1283–1295.
- apdn. 2015. « ETAT DES LIEUX TERRITORIAL; CARACTERISTIQUES DEMOGRAPHIQUES ET PRINCIPALES POTENTIALITES NATURELLES ».
- Arner, George Byron Louis. 1908. *Consanguineous marriages in the American population*. 83. New York: Columbia University Press, Longmans, Green, agents; London: PS King.
- Attazagharti, N., H. Hami, A. Soulaymani, D. Benali, A. Khadmaoui, et A. Mokhtari. 2006. « Consanguinité et Isonymie dans la Région du Gharb au Maroc ». *Biologie & Santé* 6 (2): 1–8.
- Avdeev, Alexandre, Alain Blum, Irina Troitskaia, et Heather Juby. 2004. « Peasant marriage in nineteenth-century Russia ». *Population* 59 (6): 721–764.
- Baali, A. 1994. « Etude anthropologique d'une population berbère semi-isolée de Haut-Atlas (Vallée d'Azgour, cercle d'Amzmiz, Marrakech, Maroc) ». PhD Thesis, Thèse d'état, Fac. Sci. Semlalia, Marrakech.
- Baali, Abdellatif, Michel Prost, H. Amor, et Gilles Boëtsch. 2005. « De l'Atlas marocain aux Alpes briançonnaises: choix du conjoint et apparentement dans les populations de montagne aux XIX^e et XX^e siècles ». In *Biodiversité des populations humaines méditerranéennes-Colloque du GALF*, 116–134. Faculté des Sciences Semlalia.
- Ballouche, A., B. Ouchaou, et A. El Idrissi. 2012. « 34| Nemencha - Nybgenii - Néolithisation et néolithiq... - A. Ballouche, B. Ouchaou et A. El Idrissi - Éditions Peeters ». In *Encyclopédie berbère*, édité par Salem Chaker, 5499. Éditions Peeters. <http://encyclopedieberbere.revues.org/2727>.
- Ballouche, Aziz, et Philippe Marinval. 2003. « Données palynologiques et carpologiques sur la domestication des plantes et l'agriculture dans le Néolithique ancien du Maroc septentrional (site de Kaf Taht El-Ghar). » *Revue d'archéométrie* 27 (1): 49–54.
- Balzeau, Antoine, et Jackie Badawi-Fayad. 2005. « La morphologie externe et interne de la région supra-orbitaire est-elle corrélée à des contraintes biomécaniques? Analyses structurales des populations d'Homo sapiens d'Afalou Bou Rhummel (Algérie) et de Taforalt (Maroc) ». *Bulletins et mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, n° 17 (3-4): 185–197.
- Barbour, Bernadette, et Pascale Salameh. 2009. « Consanguinity in Lebanon: prevalence, distribution and determinants ». *Journal of biosocial science* 41 (4): 505–517.
- Barrai, Italo, Alvaro Rodriguez-Larralde, Elisabetta Mamolini, Franz Manni, et Chiara Scapoli. 2000. « Elements of the surname structure of Austria ». *Annals of Human Biology* 27 (6): 607–622.

- Barry, Kristen Lawton, Michael F. Fleming, Linda Baier Manwell, Laurel A. Copeland, et Scott Appel. 1998. « Prevalence of and factors associated with current and lifetime depression in older adult primary care patients ». *FAMILY MEDICINE-KANSAS CITY*- 30: 366–371.
- Belhaj, Abdessamad. 2006. « L'usage politique de l'islam: l'universel au service d'un État. Le cas du Maroc ». *Recherches sociologiques et anthropologiques*, n° 37-2: 121–139.
- Benadada, Assia. 1999. « Les femmes dans le mouvement nationaliste marocain ». *Clio. Femmes, Genre, Histoire*, n° 9 (avril). <https://doi.org/10.4000/clio.1523>.
- Bener, Abdulbari et al. 2001. « Consanguinity and Family History of Cancer in Children with Leukemia and Lymphomas ». *Cancer* 92 (1): 1-6.
- Berelowitch, Wladimir. 1981. « Le choix du conjoint en Russie à la fin du XIXe siècle (population russe) ». In *Annales de démographie historique*, 1981:155–168. Persée-Portail des revues scientifiques en SHS.
- Bittles, A. H., W. M. Mason, J. Greene, et N. A. Rao. 1991. « Reproductive Behavior and Health in Consanguineous Marriages ». *Science* 252 (5007): 789-94.
- Blackwell, Debra L. 1998. « Marital homogamy in the United States: The influence of individual and paternal education ». *Social Science Research* 27 (2): 159–188.
- Botstein, David, Raymond L. White, Mark Skolnick, et Ronald W. Davis. 1980. « Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. » *American journal of human genetics* 32 (3): 314.
- Bou-Assy, Foumia, Serge Dumont, et Francine Saillant. 2003. « Représentations sociales du mariage endogame et de ses conséquences biologiques sur la santé des descendants chez des fiancés apparentés: Cas de deux villages chiïtes au Liban ». *Service social* 50 (1): 174.
- Bouchard, Camil. 1989. « Lutter contre la pauvreté ou ses effets? Les programmes d'intervention précoce ». *Santé mentale au Québec* 14 (2): 138-49.
- Bousetta Hassan, Martiniello Marco. 2003. Marocains de Belgique : du travailleur immigré au citoyen transnational. In: *Hommes et Migrations*, n°1242. Marocains de France et d'Europe. pp. 94-106.
- Bouzouggar, Abdeljalil, Nick Barton, Marian Vanhaeren, Francesco d'Errico, Simon Collcutt, Tom Higham, Edward Hodge, et al. 2007. « 82,000-Year-Old Shell Beads from North Africa and Implications for the Origins of Modern Human Behavior ». *Proceedings of the National Academy of Sciences* 104 (24): 9964-69.
- Boyer, Jayne C., Nazumi A. Yamada, C. Natalia Roques, Stephanie B. Hatch, Kevin Riess, et Rosann A. Farber. 2002. « Sequence dependent instability of mononucleotide microsatellites in cultured mismatch repair proficient and deficient mammalian cells ». *Human molecular genetics* 11 (6): 707–713.
- Brigand, Louis. 2002. *Les îles de Ponant: histoires et géographie des îles et îlots de la Manche et de l'Atlantique*. Palatines.
- Budimlija, Zoran M., Mechthild K. Prinz, Amy Zelson-Mundorff, Jason Wiersema, Eric Bartelink, Gaille MacKinnon, Bianca L. Nazzaruolo, Sheila M. Estacio, Michael J. Hennessey, et Robert C. Shaler. 2003. « World Trade Center human identification project: experiences with individual body identification cases ». *Croatian medical journal* 44 (3): 259–263.
- Burchard, Esteban González, Elad Ziv, Natasha Coyle, Scarlett Lin Gomez, Hua Tang, Andrew J. Karter, Joanna L. Mountain, Eliseo J. Pérez-Stable, Dean Sheppard, et Neil Risch. 2003. *The importance of race and ethnic background in biomedical research and clinical practice*. Mass Medical Soc.
- Buschiazio, Emmanuel, et Neil J. Gemmell. 2006. « The rise, fall and renaissance of microsatellites in eukaryotic genomes ». *Bioessays* 28 (10): 1040–1050.

- Cadotte, Alain. 2006. *La romanisation des dieux: L'interpretatio romana en Afrique du Nord sous le Haut-Empire*. BRILL.
- Callegarin, Laurent. 2008. « La côte Mauretaniennne et ses relations avec le littoral de la Betique (fin du iiiie siècle AC-ier siècle PC) ». *Mainake*, n° 30: 289–328.
- Callegarin, Laurent, Mohamed Kbiri Alaoui, Abdelfattah Ichkhakh, et Jean-Claude Roux. 2016. *Rirha: site antique et médiéval du Maroc. II: Période maurétanienne (Ve siècle av. J.-C.–40 ap. J.-C.)*. Vol. 151. Casa de Velázquez.
- Cantrelle, Pierre, et Marguerite Dupire. 1964. « L'endogamie des Peul du Fouta-Djallon ». *Population (french edition)*, 529–558.
- Capot-Rey, R. 1963. « Le cadre paléogéographique de la préhistoire du Maroc atlantique de P. Biberson ». *Annales de Géographie* 72 (392): 469–72.
- Caselli, Graziella, Jacques Vallin, et Guillaume J. Wunsch. 2002. *Démographie: analyse et synthèse. Les déterminants de la fécondité*. Vol. 2. Ined.
- Castro de Guerra, Dinorah, Henry Arvelo, et Juan Pinto-Cisternas. 1999. « Population structure of two black Venezuelan populations studied through their mating structure and other related variables ». *Annals of human biology* 26 (2): 141–150.
- Cavalli-Sforza, L. Luca. 1997. « Genes, peoples, and languages ». *Proceedings of the National Academy of Sciences* 94 (15): 7719–7724.
- Chalbi, N., et D. Zakaria. 1998. « Modeles de famille, endogamie et consanguinite apparente en Tunisie: essais de mesure ». *Famille Population* 1: 39–59.
- Chambers, Geoffrey K., et Elizabeth S. MacAvoy. 2000. « Microsatellites: consensus and controversy ». *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology* 126 (4): 455–476.
- Chanfreau, Marie-Catherine Talvikki. 2013. « Adaptation ou réaction locale vis-à-vis de l'administration espagnole au Maroc dans le premier tiers du XXe siècle ». *Mémoire(s), identité(s), marginalité(s) dans le monde occidental contemporain. Cahiers du MIMMOC*, n° 10 (juillet).
- Chapman, Anne M., et Albert Jacquard. 1971. « Un isolat d'Amerique centrale: les indiens Jicaques du Honduras ». *Génétique et Populations*, 163–185.
- Charles, Victoria, et Sun Tzu. 2012. *L'art de la guerre*. Parkstone International.
- Chaventré, André. 1983. *Évolution anthropo-biologique d'une population touarègue: les Kel Kummer et leurs apparentés*. 103-104. Ined.
- Chelhod, Joseph. 1965. « Le mariage avec la cousine parallèle dans le système arabe ». *L'homme*, 113–173.
- Chénier, Louis de. 1787. *Recherches historiques sur les Maures et histoire de l'empire du Maroc. Par Louis de Chénier*. Bailly.
- cherkaoui. 2002. « Évolution bio-démographique et génétique d'une population humaine du Haut-Atlas marocain (Vallée d'Anougal, Cercle d'Amizmiz, Wilaya de Marrakech) ». 2002.
- Chouvy, Pierre-Arnaud. 2003. « La production illicite d'opium en Afghanistan dans le contexte de l'enclavement de l'isolation et de l'isolationnisme ». *CEMOTI, Cahiers d'Études sur la Méditerranée Orientale et le monde Turco-Iranien* 35 (35): 71–82.
- Chouvy, Pierre-Arnaud. 2008. « Production de cannabis et de haschich au Maroc : contexte et enjeux ». *L'Espace Politique. Revue en ligne de géographie politique et de géopolitique*, n° 4 (janvier).
- Cifuentes, Lucía O., Eliseo H. Martínez, Mónica P. Acuña, et Hugo G. Jonquera. 2006. « Probability of exclusion in paternity testing: time to reassess ». *Journal of forensic sciences* 51 (2): 349–350.

- Conte, Édouard. 1987. « Alliance et parenté élective en Arabie ancienne Éléments d'une problématique ». *L'Homme* 27 (102): 119-38.
- Coquoz, Raphaël, Jennifer Comte, Diana Hall, Tacha Hicks, et Franco Taroni. 2013. *Preuve par l'ADN: la génétique au service de la justice*. PPUR Presses polytechniques.
- Coye, Noël. 1993. « L'âge de la pierre polie : un égarement des études néolithiques en France au XIXe siècle ». *Bulletin de la Société préhistorique française* 90 (1): 69-86.
- Crow, James F., et Arthur P. Mange. 1965. « Measurement of inbreeding from the frequency of marriages between persons of the same surname ». *Eugenics Quarterly* 12 (4): 199-203.
- Dahdouh-Guermouche, Aïcha, Mohammed Taleb, Philippe Courtet, Boualem Semaoune, et Alain Malafosse. 2013. « Consanguinité, schizophrénie et trouble bipolaire ». In *Annales Médico-psychologiques, revue psychiatrique*, 171:246-250. Elsevier.
- Daniel L.HARTL. 1994. « Génétique des populations ». 1994.
- DAqus, Jean-Pierre, Jean-Paul Raynal, Aziz Ballouche, et Serge Occhietti. 1989. « Le Néolithique nord-atlantique du Maroc: premier essai de chronologie par le radiocarbone ».
- Daugas, Jean-Pierre, Jean-Paul Raynal, Aziz El Idrissi, Mohamed Ousmoi, Jean Fain, Didier Miallier, Michele Montret, et al. 1998. « Synthèse radiochronométrique concernant la séquence néolithique au Maroc ». In *Actes du colloque «14C et Archéologie*, 349-353.
- De Meeûs, Thierry. 2012. *Initiation à la génétique des populations naturelles: Applications aux parasites et à leurs vecteurs*. IRD éditions.
- Debénath, André. 2000. « Le peuplement préhistorique du Maroc: données récentes et problèmes ». *L'anthropologie* 104 (1): 131-145.
- Decorte, Ronny, et J.-J. Cassiman. 1991. « Detection of amplified VNTR alleles by direct chemiluminescence: application to the genetic identification of biological samples in forensic cases ». In *DNA Fingerprinting: Approaches and Applications*, 371-390. Springer.
- Degioanni, Anna, Pierre Darlu, Michel Foulon, et Michel Poulain. 2000. « La distribution des patronymes par rapport à la frontière franco-belge ». *Régimes démographiques et Territoires: les frontières en question*, 139-152.
- Denglos, Guillaume. 2015. *La revue Maghreb (1932-1936): une publication franco-marocaine engagée*. Editions L'Harmattan.
- Dib, Colette, Sabine Fauré, Cécile Fizames, Delphine Samson, Nathalie Drouot, Alain Vignal, Philippe Millasseau, et al. 1996. « A Comprehensive Genetic Map of the Human Genome Based on 5,264 Microsatellites ». *Nature* 380 (6570): 152-54.
- Dieste, Josep Lluís Mateo, et José Luis Villanova. 2013. « Les interventores du protectorat espagnol au Maroc ». *Cahiers d'études africaines* 53 (211): 595-624.
- « DNA IQ™ Reference Sample Kit for Maxwell® 16 Protocol ». 2012. <https://france.promega.com/resources/protocols/technical-bulletins/101/dna-iq-reference-sample-kit-for-maxwell-16-protocol/>.
- Dobrusin, Michael, Dahlia Weitzman, Joseph Levine, Ilana Kremer, Marcella Rietschel, Wolfgang Maier, et Robert H. Belmaker. 2009. « The rate of consanguineous marriages among parents of schizophrenic patients in the Arab Bedouin population in Southern Israel ». *The World Journal of Biological Psychiatry* 10 (4): 334-336.
- Dronamraju, K.-R. 1964. « Le système des castes et les mariages consanguins en Andhra Pradesh (Inde) ». *Population (french edition)*, 291-308.
- El Alami, Ahmed. 1996. *Le Maroc de 1961 à 1971 à travers le discours du roi Hassan II : esquisse d'une thématization*. Toulouse 1.

- Elayi, Josette. 1990. « Les cités phéniciennes entre liberté et sujétion ». *Dialogues d'histoire ancienne* 16 (2): 93-113. <https://doi.org/10.3406/dha.1990.1480>.
- Ellegren, Hans. 2004. « Microsatellites: simple sequences with complex evolution ». *Nature reviews genetics* 5 (6): 435.
- Ellis, William S., et William T. Starmer. 1978. « Inbreeding as measured by isonymy, pedigrees, and population size in Törbel, Switzerland. » *American journal of human genetics* 30 (4): 366.
- Forsé, Michel, et Louis Chauvel. 1995. « L'évolution de l'homogamie en France: une méthode pour comparer les diagonalités de plusieurs tables ». *Revue française de sociologie*, 123-142.
- Gallissot, René. 1976. « Le Maroc et la crise ». *Revue française d'histoire d'outre-mer* 63 (232): 477-91.
- Gaudio, Attilio. 1981. *Maroc du nord: cités andalouses et montagnes berbères*. Nouvelles Editions Latines.
- Girard, Alain. 1964. « Le choix du conjoint: Une enquête psycho-sociologique en France ». *Population (French Edition)* 19 (4): 727-32.
- Glick, Thomas. 1979. « Islamic And Christian Spain in the Early Middle Ages - Thomas F. Glick - Google Livres ». 1979.
- Grandguillaume, Gilbert. 2004. « L'arabisation au Maghreb ». *Revue d'aménagement linguistique* 107: 15-40.
- Graziella, Caselli. 2004. « Histoire du peuplement et prévisions ». 2004.
- Gremaud, J.-L. 2010. « Processus de reconnaissance et d'identification de personnes décédées ». PhD Thesis, Université de Lausanne, Faculté de droit et des sciences criminelles.
- Gsell, M. Stéphane. 1894. « Tipasa, ville de la Maurétanie Césarienne ». *Mélanges d'archéologie et d'histoire* 14 (1): 291-450.
- Gunn, Peter R., Katherine Trueman, Patricia Stapleton, et Derryck B. Klarkowski. 1997. « DNA analysis in disputed parentage: the occurrence of two apparently false exclusions of paternity, both at short tandem repeat (STR) loci, in the one child ». *Electrophoresis* 18 (9): 1650-1652.
- Hamamy, H., N. Al-Bayat, et W. Al-Qubaisy. 1986. « Consanguineous matings in the Iraqi urban population and the effect on pregnancy outcome and infant mortality ». *Iraqi Med J* 34: 75-80.
- Hamamy, Hanan, L. Jamhawi, J. Al-Darawsheh, et K. Ajlouni. 2005. « Consanguineous marriages in Jordan: why is the rate changing with time? » *Clinical Genetics* 67 (6): 511-516.
- Hami, Hinde, Nabila Attazagharti, Abdelmajid Soulaymani, et Abdelrhani Mokhtari. 2005. « Homogamie dans la Région du Gharb-Chrarda-Béni Hssen (MAROC). Une enquête prospective (Juin 2003-Février 2004) ». *Antropo* 9: 51-60.
- Hami, Hinde, Abdelmajid Soulaymani, et Abdelrhani Mokhtari. 2006. « Endogamie, Isonymie et Consanguinité dans la Région du Gharb-Chrarda-Béni Hssen (MAROC) ».
- Hami, Hinde, Abdelmajid Soulaymani, et Abdelrhani Mokhtari. 2007. « Traditions matrimoniales dans la région de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer au Maroc. Marriage traditions in the region of Rabat-Salé-Zemmour-Zaer in Morocco ». *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, n° 19 (1-2).
- Hammami, A., N. Chalbi, M. Abdallah Ben, et M. Elgazzeh. 2005. « Effects of consanguinity and social factors on mortality and fertility in Mauritania ». *La Tunisie Médicale* 83 (4): 221-226.

- Haned, Hinda. 2010. « Evaluation of Statistical Methods for the Analysis of Forensic DNA Mixtures », 231.
- Hardouz, H., H. Hami, A. Mokhtari, A. Soulaymani, et L. Sbai. 2014. « Consanguineous marriages profile in the Tanger-Tetouan region in Morocco ».
- Harris, H., et D. A. Hopkinson. 1976. *Handbook of enzyme electrophoresis in human genetics*. North-Holland.
- Hartl, Daniel L., Andrew G. Clark, et Andrew G. Clark. 1997. *Principles of population genetics*. Vol. 116. Sinauer associates Sunderland.
- Hibou, Béatrice. 2006. « Maroc: d'un conservatisme à l'autre ». *Legs colonial et gouvernance contemporaine* 2: 154–196.
- Hoefel, Ferdinand. 1852. *Chaldée, Assyrie, Médie, Babylonie, Mésopotamie, Phénicie, Palmyrène*. Firmin Didot frères.
- Hou, Feng, et John Myles. 2007. *L'évolution du rôle de l'éducation dans le choix du conjoint: homogamie éducationnelle au Canada et aux États-Unis depuis les années 1970*. Statistique Canada, Direction des études analytiques.
- Hussain, et Bittles. 1998. « THE PREVALENCE AND DEMOGRAPHIC CHARACTERISTICS OF CONSANGUINEOUS MARRIAGES IN PAKISTAN | Journal of Biosocial Science | Cambridge Core ». 1998.
- Hussain, R. 1998. « The role of consanguinity and inbreeding as a determinant of spontaneous abortion in Karachi, Pakistan ». *Annals of human genetics* 62 (2): 147–157.
- Jacquard, Albert. 1968. « Panmixie et consanguinité. Quelques précisions de langage ». *Population (french edition)*, 1065–1090.
- Jacquard, Albert. 1970. *Structures génétiques des populations*. INED.
- Jacquard, Albert, et Francis Reynès. 1968. « Mesure démographique du fardeau génétique ». *Population (french edition)*, 625–648.
- Jakobi, L., et A. Jacquard. 1971. « Consanguinité proche, consanguinité éloignée. Essai de mesure dans un village breton ». *Cahier INED* 60: 263–268.
- Jeffreys, Alec J., Victoria Wilson, et Swee Lay Thein. 1985. « Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA ». *Nature* 314 (6006): 67.
- Johnson, Georges B., Peter H. Raven, Jonathan B. Losos, Jules Bouharmont, et Susan R. Singer. 2011. *Biologie-Version luxe*. De Boeck Supérieur.
- Jones, D.A. 1972. « Blood Samples : Probability of Discrimination ». 1972.
- Jurdi, et Saxena. 2003. « THE PREVALENCE AND CORRELATES OF CONSANGUINEOUS MARRIAGES IN YEMEN: SIMILARITIES AND CONTRASTS WITH OTHER ARAB COUNTRIES | Journal of Biosocial Science | Cambridge Core ». 2003.
- Kalmijn, Matthijs. 1991. « Shifting boundaries: Trends in religious and educational homogamy ». *American Sociological Review*, 786–800.
- Kalmijn, Matthijs. 1998. « Intermarriage and Homogamy: Causes, Patterns, Trends ». *Annual Review of Sociology* 24 (1): 395–421.
- Keyser, C., et B. Ludes. 2007. « Analyse génétique d'échantillons difficiles en pratique judiciaire ». *Journal de médecine légale droit médical* 50 (5): 305–313.
- Khaldoun. 1925. « Histoires des Berbères, trad. de Slane, Nouv. éd. dirigée par Paul Casanova, 4 vol ». 1925.
- Khlat, Myriam. 1988. « Consanguineous marriage and reproduction in Beirut, Lebanon. » *American Journal of Human Genetics* 43 (2): 188.
- Khlat, Myriam, Suzan Halabi, Adele Khudr, Vazken M. Der Kaloustian, John M. Opitz, et James F. Reynolds. 1986. « Perception of consanguineous marriages and their genetic effects among a sample of couples from Beirut ». *American journal of medical genetics* 25 (2): 299–306.

- Khoury, Samer J., George T. Maly, David D. Suh, et Thomas E. Walsh. 2004. « A practical approach to the echocardiographic evaluation of diastolic function ». *Journal of the American Society of Echocardiography* 17 (3): 290–297.
- Khoury, Sami A., et Diana F. Massad. 2000. « Consanguinity, fertility, reproductive wastage, infant mortality and congenital malformations in Jordan. » *Saudi medical journal* 21 (2): 150–154.
- Klaus, Dodds, et Royle A. Stephen. 2003. « The historical geography of islands Introduction: rethinking islands ». *Journal of Historical Geography* 29 (4): 487–98.
- Kntha, Sachl Srl. 1995. « The blood revolution initiated by the famous footnote or Karl Landsteiner's 19001 paper ». *Ceylon Medical Journal* 40: 123–125.
- Ladika, Susan. 2001. *Laying ghosts to rest in Bosnia*. American Association for the Advancement of Science.
- Lamdouar Bouazzaoui, L., P. MOZZICONACCI, G. BLANCHER, R. FERRANDO, P. PICHOT, et D. PELLERIN. 1994. « Consanguinité et santé publique au Maroc. Discussion ». *Bulletin de l'Académie nationale de médecine* 178 (6): 1013–1027.
- Lamoril, J., J.-C. Deybach, et P. Bouizegarène. 2006. « L'instabilité des microsatellites dans les cancers du côlon ». *Immuno-analyse & Biologie Spécialisée* 21 (4): 211–222.
- Landry, Thérèse. 1997. *Trisomie 21: étude de consanguinité et d'apparentement au Saguenay Lac St-Jean*. Université du Québec à Chicoutimi.
- Latifi, M., A. Khadmaoui, A. Soulaymani, et A. Mokhtari. 2004a. « Système de reproduction dans une population humaine solée du Moyen Atlas du Maroc (population de Fritissa) ». *Population* 47 (1163): 1600.
- Latifi, M., L. Sbii, H. Hami, R. Hmimou, A. Soulaymani, et A. Mokhtari. 2010. « Le Choix du conjoint dans la région de Fritissa (Est du Maroc) ». *Antropo* 23: 99–107.
- Laubadere, André de. 1956. « Le statut international du Maroc depuis 1955 ». *Annuaire français de droit international* 2 (1): 122–49.
- Loriaux Florence (2005). L'immigration marocaine en Belgique (1964-2004). https://www.carhop.be/images/Immigration_marocaine_F.LORIAUX-2005.pdf
- LE HOUZEC, D., et M. NICOLLE. 2012. « Comment l'environnement, via l'épigénétique, influence la lecture de nos gènes ». *Médecine & enfance* 32 (4): 161–164.
- Lecompte, Émilie. 2013. « Human sex chromosomes evolution: is the Y disappearing? » 15: 9.
- Lefèvre-Witier, Philippe. 2001. « Vers une anthropologie biologique des mécanismes de la régulation génétique et de l'adaptation ». *Journal des anthropologues. Association française des anthropologues*, n° 84: 205–216.
- Lefort-Buson, Marianne, Yannick Hebert, et Catherine Damerval. 1988. « Les outils d'évaluation de la diversité génétique et phénotypique ». *Agronomie* 8 (3): 173–178.
- Linstädter, Jörg. 2003. « Le site néolithique de l'abri d'Hassi Ouenzga (Rif oriental, Maroc) ». *Beiträge zur Allgemeinen und Vergleichenden Archäologie* 23: 85–138.
- Lipiński, Edward. 1995. *Dieux et déesses de l'univers phénicien et punique*. Peeters Publishers.
- Ludes, Bertrand, A. Tracqui, H. Pfitzinger, P. Kintz, F. Levy, M. Disteldorf, J. M. Hutt, B. Kaess, R. Haag, et B. Memheld. 1994. « Medico-legal investigations of the Airbus A320 crash upon Mount Ste-Odile, France ». *Journal of Forensic Science* 39 (5): 1147–1152.
- Lugan, Bernard. 2011. *Histoire du Maroc*. Paris: Ellipses.
- LUNA, F., V. POLO, A. FERNANDEZ-SANTANDER, et P. MORAL. 2001. « Stillbirth Pattern in an Isolated Mediterranean Population: La Alpujarra, Spain ». *Human Biology* 73 (4): 561–73.
- M. Hillali et M. Temsamani. 2010. « Regards sur les patrimoines Jbala by Terroirs et Cultures terroirs et cultures - issuu ». 2010. https://issuu.com/terroirsetcultures/docs/livret_patrimopine.

- Maaroufi, Youssef. 2014. « Recensement Général de la Population et de l'Habitat 2014 ». rgph2014. 2014.
- Malécot, Gustave. 1948. « Mathématiques de l'hérédité ».
- Mansuet-Lupo, A., P. Rouger, et V. Van Huffel. 2007. « Les empreintes génétiques: état de l'art en 2007, techniques, applications et législation ». *Transfusion clinique et biologique* 14 (3): 334–342.
- Marchat, Henry. 1971. « La France et l'Espagne au Maroc pendant la période du Protectorat (1912-1956) ». *Revue de l'Occident musulman et de la Méditerranée* 10 (1): 81-109.
- Marfaing, Laurence, et Zentrum Moderner Orient (Berlin Germany). 2004. *Les relations transsahariennes à l'époque contemporaine: un espace en constante mutation*. KARTHALA Editions.
- Marshall, T. C., JBKE Slate, L. E. B. Kruuk, et J. M. Pemberton. 1998. « Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations ». *Molecular ecology* 7 (5): 639–655.
- Méouak, Mohamed. 1998. *Genèse de la ville islamique en al-Andalus et au Maghreb occidental*. Editorial CSIC-CSIC Press.
- Messier, Walter, Shou-Hsien Li, et Caro-Beth Stewart. 1996. « The birth of microsatellites. » *Nature* 381 (6582): 483–483.
- Mohamed, M. S. 1995. « An Epidemiological Study on Consanguineous Marriage among Urban Population in Alexandria ». *The Journal of the Egyptian Public Health Association* 70 (3-4): 293-305.
- Mohammad-Arif, Aminah. 2010. « Au-Delà de L'Endogamie et de La Mixité: Les Mariages Endogames Mixtes Chez Les Musulmans Indo-Pakistanaïes Aux Etats-Unis ».
- Mokhtar, Mohamed M., et Moataz M. Abdel-Fattah. 2001. « Consanguinity and advanced maternal age as risk factors for reproductive losses in Alexandria, Egypt ». *European journal of epidemiology* 17 (6): 559–565.
- Morelli, Laura, Giorgio Paoli, et Paolo Francalacci. 2002. « Surname analysis of the Corsican population reveals an agreement with geographical and linguistic structure ». *Journal of biosocial science* 34 (3): 289–301.
- Morgan, H. D., H. G. Sutherland, D. I. Martin, et E. Whitelaw. 1999. « Epigenetic Inheritance at the Agouti Locus in the Mouse ». *Nature Genetics* 23 (3): 314-18.
- MORTAD, Nadjlaà. 2013. « Etude Bio-Anthropologique des mariages consanguins et liens de parenté dans la population du littoral-Msirda-dans l'extrême Ouest Algérien-Etude comparative à l'échelle du bassin Méditerranéen ». PhD Thesis.
- Mouna, Khalid. 2008. « Pour une autre démarche anthropologique : Étude d... – Anthropologie et Sociétés – Érudit ». 2008.
- M'rad, L. Ben, et N. Chalbi. 2004. « Le choix matrimonial en Tunisie est-il transmissible? » *Antropo* 7: 31–37.
- Mullis, Kary, Fred Faloona, Stephen Scharf, R. K. Saiki, G. T. Horn, et H. Erlich. 1986. « Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction ». In *Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology*, 51:263–273. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Nasir, J., K. Duan, K. Nichol, S. Engelender, R. Ashworth, V. Colomer, S. Thomas, C. M. Disteche, M. R. Hayden, et C. A. Ross. 1998. « Gene structure and map location of the murine homolog of the Huntington-associated protein, Hap1 ». *Mammalian genome* 9 (7): 565–570.
- Nasr, Salim. 1979. « Les formes de regroupement traditionnel (familles, confessions, communautés régionales) dans la société de Beyrouth ». *L'Espace Social de la Ville Arabe*, G.-P. Maisonneuve et Larose, Paris, 145–198.

- NASSER DJAMA, L'Usine. 2015. « Maroc : croissance urbaine, démographie, régions... quatre points à retenir du dernier recensement ». *usinenouvelle.com*/, août.
- Nei, Masatoshi. 1973. « Analysis of gene diversity in subdivided populations ». *Proceedings of the National Academy of Sciences* 70 (12): 3321–3323.
- Nei, Masatoshi. 1978. « Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals ». *Genetics* 89 (3): 583–590.
- Nei, Masatoshi. 1986. « Definition and estimation of fixation indices ». *Evolution* 40 (3): 643–645.
- Nei, Masatoshi, et Ronald K. Chessier. 1983. « Estimation of fixation indices and gene diversities ». *Annals of human genetics* 47 (3): 253–259.
- Nicolet, Claude. 2014. *Les guerres puniques*. Vol. 6e éd. Presses Universitaires de France.
- Nosek, Jozef, et L'ubomír Tomáška. 2003. « Mitochondrial genome diversity: evolution of the molecular architecture and replication strategy ». *Current genetics* 44 (2): 73–84.
- Olaisen, Bjørnar, Margurethe Stenersen, et Bente Mev\la ag. 1997. « Identification by DNA analysis of the victims of the August 1996 Spitsbergen civil aircraft disaster ». *Nature genetics* 15 (4): 402.
- Othman, Hasan, et Mostafa Saadat. 2009. « Prevalence of consanguineous marriages in Syria ». *Journal of biosocial science* 41 (5): 685–692.
- Otto, Sarah P., et Thomas Lenormand. 2002. « Resolving the paradox of sex and recombination ». *Nature reviews. Genetics* 3 (4): 252.
- Overall, A. D. J., et R. A. Nichols. 2001. « A method for distinguishing consanguinity and population substructure using multilocus genotype data ». *Molecular Biology and Evolution* 18 (11): 2048–2056.
- Pasternak, Jack J. 2003. *Génétique moléculaire humaine: une introduction aux mécanismes des maladies héréditaires*. De Boeck Supérieur.
- Peuziat, Ingrid, Louis Brigand, Federico Arenas, Andres Nuñez, et Alejandro Salazar. 2012. « L'isolement géographique: contrainte ou opportunité pour les territoires? Regards croisés en Patagonie chilienne ». *Norois. Environnement, aménagement, société*, n° 225: 47–59.
- Pham-Hoai, Emmanuel, Amaury Pussiau, et Jean-Yves Curci. 2017. « ADN, une perpétuelle avancée ». *Revue Francophone des Laboratoires* 2017 (489): 67–76.
- Pouillon, François. 1993. « Simplification ethnique en Afrique du Nord: Maures, Arabes, Berbères (XVIIIe-XXe siècles) ». *Cahiers d'études africaines* 33 (129): 37-49.
- Prost, Michel. 2005. « La pratique de l'isonymie matrimoniale dans les populations anciennes du sud-est de la France (1546-1899) ». *Histoire & mesure* XX (1/2): 5-28.
- Quintana-Murci, Lluís, Ornella Semino, Estella S. Poloni, A. Liu, M. Van Gijn, Giuseppe Passarino, Agnese Brega, I. S. Nasidze, L. Maccioni, et Gianfranco Cossu. 1999. « Y-chromosome specific YCAII, DYS19 and YAP polymorphisms in human populations: a comparative study ». *Annals of human genetics* 63 (2): 153–166.
- Rabino-Massa, Emma, Michel Prost, et Gilles Boetsch. 2005. « Social structure and consanguinity in a French mountain population (1550-1849) ». *Human biology* 77 (2): 201–212.
- Radovanovic, Zoran, Nasra Shah, et Jaafar Behbehani. 1999. « Prevalence and social correlates of consanguinity in Kuwait ». *Annals of Saudi Medicine* 19: 206–210.
- Rajab, A., et M. A. Patton. 2000. « A study of consanguinity in the Sultanate of Oman ». *Annals of human biology* 27 (3): 321–326.
- Raphaël, COQUOZ, et TARONI FRANCO. 2006. *Preuve par l'ADN: la génétique au service de la justice*. 2ème éd., Lausanne.

- Raynal, Jean-Paul, Fatima-Zohra Sbihi-Alaoui, Abderrahim Mohib, et Denis Geraads. 2005. « Préhistoire ancienne au Maroc atlantique : bilan et perspectives régionales ». *Annals of human biology* 21 (1): 13–21.
- Relethford, John H., et James H. Mielke. 1994a. « Marital exogamy in the Åland Islands, Finland, 1750–1949 ». *Annals of human biology* 21 (1): 13–21.
- Ritter, Philip L., Anita L. Stewart, Hulya Kaymaz, David S. Sobel, Daniel A. Block, et Kate R. Lorig. 2001. « Self-reports of health care utilization compared to provider records ». *Journal of clinical epidemiology* 54 (2): 136–141.
- Roberts, Derek-F. 1976. « Les concepts d'isolats ». A. JACQUARD, éd. *L'étude des isolats, espoirs et limites*. Paris, EPHE-INED, 75–92.
- Rodriguez-Larralde, A., ITALO BARRAI, CLAUDIA NESTI, ELISABETTA MAMOLINI, et CHIARA SCAPOLI. 1998. « Isonymy and isolation by distance in Germany ». *Human biology*, 1041–1056.
- Rudan, Igor, Diana Rudan, Harry Campbell, Andrew Carothers, Alan Wright, Nina Smolej-Narancic, Branka Janicijevic, Li Jin, Ranajit Chakraborty, et Ranjan Deka. 2003. « Inbreeding and risk of late onset complex disease ». *Journal of medical genetics* 40 (12): 925–932.
- Santelli, Emmanuelle, et Beate Collet. 2011. « De l'endogamie à l'homogamie socio-ethnique: Réinterprétations normatives et réalités conjugales des descendants d'immigrés maghrébins, turcs et africains sahéliens ». *Sociologie et sociétés* 43 (2): 329–354.
- Sbii, Layla. 2008. « Endogamie géographique dans la région de Souss Massa Draa au Maroc ». *Antropo* 17: 63–68.
- Sbii, Layla, Mohammed Latifi, Hinde Hami, Doha Benali, Abdelmajid Soulaymani, et Abdelrhani Mokhtari. 2011. « Etude de l'homogamie sociale dans la région de Souss-Massa-Drâa au Maroc ». *Antropo* 25: 97–103.
- Schein, Edgar H. 1996. « Leadership and organizational culture ». *The leader of the future* 11: 116.
- Schlötterer, Christian. 2004. « The evolution of molecular markers—just a matter of fashion? ». *Nature reviews genetics* 5 (1): 63.
- Ségurel, Laure. 2010. « Mode de vie et diversité génétique dans les populations humaines d'Asie Centrale ». Phdthesis, Université Pierre et Marie Curie - Paris VI.
- Sehimi, Mustapha. 1987. *La Grande encyclopédie du Maroc*. GEM.
- Serre, Françoise De La, et Octave Marais. 1968. « Les présides au Maroc et Ifni ». *Revue française de science politique* 18 (2): 346–55.
- Seshagiri, Somasekar, Eric W. Stawiski, Steffen Durinck, Zora Modrusan, Elaine E. Storm, Caitlin B. Conboy, Subhra Chaudhuri, Yinghui Guan, Vasantharajan Janakiraman, et Bijay S. Jaiswal. 2012. « Recurrent R-spondin fusions in colon cancer ». *Nature* 488 (7413): 660.
- SHAW, RICHARD F. 1960. « An index of consanguinity based on the use of the surname in Spanish-speaking countries ». *Journal of Heredity* 51 (5): 221–230.
- Sia, Elaine Ayres, Robert J. Kokoska, Margaret Dominska, Patricia Greenwell, et Thomas D. Petes. 1997. « Microsatellite instability in yeast: dependence on repeat unit size and DNA mismatch repair genes. » *Molecular and cellular biology* 17 (5): 2851–2858.
- Souville, Georges. 1986. « Témoignages sur l'âge du bronze au Maghreb occidental ». *Comptes rendus des séances de l'Académie des Inscriptions et Belles-Lettres* 130 (1): 97–114.
- Stevens, Carl M., et Augusta Mylroie. 1952. « Mutagenic activity of compounds related to mustard gas ». *Biochimica et biophysica acta* 8: 325–331.
- Strauss, Bernard S. 1999. « Frameshift mutation, microsatellites and mismatch repair ». *Mutation Research/Reviews in Mutation Research* 437 (3): 195–203.

- Sueiro, Susana. 1993. « L'Espagne et la ». *Matériaux pour l'histoire de notre temps* 32 (1): 15-17.
- Sullivan, K. M., A. Mannucci, C. P. Kimpton, et P. Gill. 1993. « A Rapid and Quantitative DNA Sex Test: Fluorescence-Based PCR Analysis of X-Y Homologous Gene Amelogenin ». *BioTechniques* 15 (4): 636-38, 640-41.
- Sutter, Jean. 1968. « Fréquence de l'endogamie et ses facteurs au XIXe siècle ». *Population (french edition)*, 303-324.
- Sutter, Jean, et Léon Tabah. 1952. « Effets de la consanguinité et de l'endogamie. Une enquête en Morbihan et Loir-et-Cher ». *Population (french edition)*, 249-266.
- Sykes, Bryan, et Catherine Irven. 2000. « Surnames and the Y chromosome ». *The American Journal of Human Genetics* 66 (4): 1417-1419.
- Tadmouri, Ghazi O, Pratibha Nair, Tasneem Obeid, Mahmoud T Al Ali, Najib Al Khaja, et Hanan A Hamamy. 2009. « Consanguinity and Reproductive Health among Arabs ». *Reproductive Health* 6 (1).
- Taira, Chiaki, Kazuyuki Matsuda, Yuka Kamijyo, Kazuo Sakashita, Fumihiro Ishida, Toshiko Kumagai, Kazuyoshi Yamauchi, Nobuo Okumura, et Takayuki Honda. 2011. « Quantitative monitoring of single nucleotide mutations by allele-specific quantitative PCR can be used for the assessment of minimal residual disease in patients with hematological malignancies throughout their clinical course ». *Clinica Chimica Acta* 412 (1): 53-58.
- Talbi, Jalal, Abd Errazzak Khadmaoui, Abd El-Majid Soulaymani, et Abd El-Aziz Chafik. 2007. « Etude de la consanguinité dans la population marocaine. Impact sur le profil de la santé ». *Antropo* 15: 1-11.
- Talbi, Jalal, Abderrazaq Khadmaoui, Abdelmajid Soulaymani, et Abdelaziz Chafik. 2006a. « Caractérisation du comportement matrimonial de la population marocaine ». *Antropo* 13: 57-67.
- Talbi, Jalal, Abderrazaq Khadmaoui, Abdelmajid Soulaymani, et Abdelaziz Chafik. 2008. « Caractérisation de l'évolution de la consanguinité dans la population des Doukkala (Maroc) ». *Antropo* 17: 7-13.
- Tautz, Diethard. 1993. « Notes on the definition and nomenclature of tandemly repetitive DNA sequences ». In *DNA fingerprinting: State of the science*, 21-28. Springer.
- Tautz, Diethard, et Christian Schlötterer. 1994. « Simple sequences ». *Current Opinion in Genetics & Development* 4 (6): 832-37.
- Tay, et Yip. 1984. « The estimation of inbreeding from isonymy: relationship to the average inbreeding coefficient - TAY - 1984 - Annals of Human Genetics - Wiley Online Library ». 1984.
- Teebi, Ahmad S. 2010. *Genetic Disorders Among Arab Populations*. Springer Science & Business Media.
- Texier, Jean-Pierre, Jean-Paul Raynal, David Lefevre, Jean-Pierre Daugas, et Fatima-Zohra Sbihi-Alaoui. 2008. « Le site néolithique de Rouazi à Skhirat (Maroc) : contexte stratigraphique et évolution morpho-dynamique de son environnement littoral ». *Quaternaire. Revue de l'Association française pour l'étude du Quaternaire*, n° vol. 19/3 (septembre): 239-47.
- Tissot, Charles-Joseph. 1878. « Recherches sur la géographie comparée de la Mauritanie Tingitane ». *Mémoires présentés par divers savants à l'Académie des inscriptions et belles-lettres de l'Institut de France. Première série, Sujets divers d'érudition* 9 (1): 139-322.

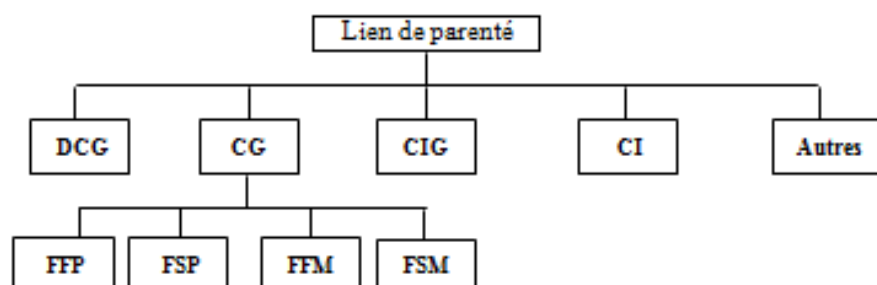
- Tourneau, Roger Le. 1966. « Le Maroc sous le règne de Sidi Mohammed ben Abdallah (1757-1790) ». *Revue de l'Occident musulman et de la Méditerranée* 1 (1): 113-33.
- Troin, Jean-François. 1986. « Montagnes et villes dans le Nord-Ouest du Maroc. » *Revue de l'Occident musulman et de la Méditerranée* 41 (1): 209-15.
- Umar, Asad, et Thomas A. Kunkel. 1996. « DNA-replication fidelity, mismatch repair and genome instability in cancer cells ». In *EJB Reviews 1996*, 163-173. Springer.
- Vanderschelden, Mélanie. 2006. « Homogamie socioprofessionnelle et ressemblance en termes de niveau d'études: constat et évolution au fil des cohortes d'unions ». *Économie et statistique* 398 (1): 33-58.
- Wahlund, S. 1928. « The combination of populations and the appearance of correlation examined from the standpoint of the study of heredity ». *Hereditas* 11: 65-106.
- Weber, James L., et Carmen Wong. 1993. « Mutation of human short tandem repeats ». *Human molecular genetics* 2 (8): 1123-1128.
- Webster, Christopher D., Tonia L. Nicholls, Mary-Lou Martin, Sarah L. Desmarais, et Johann Brink. 2006. « Short-Term Assessment of Risk and Treatability (START): the case for a new structured professional judgment scheme ». *Behavioral sciences & the law* 24 (6): 747-766.
- Wiedemann, Nils, Ann E. Frazier, et Nikolaus Pfanner. 2004. « The protein import machinery of mitochondria ». *Journal of Biological Chemistry* 279 (15): 14473-14476.
- Wright, Sewall. 1978. *Evolution and the genetics of populations: a treatise in four volumes: Vol. 4: variability within and among natural populations*. University of Chicago Press.
- Yeramian, Edouard, et Henri Buc. 1999. « Tandem repeats in complete bacterial genome sequences: sequence and structural analyses for comparative studies ». *Research in microbiology* 150 (9-10): 745-754.
- Zakaria, D. 1999. « Etude de l'endogamie d'origine régionale, de la distribution de la consanguinité apparente et du comportement intergénérationnel dans le choix matrimonial en Tunisie. Intérêt des noms de famille et de l'isonymie maritale ». PhD Thesis, Thèse de Doctorat, Faculté des sciences, Tunis.
- Zekri, Khalid. 2009. « Aux sources de la modernité marocaine ». *Itinéraires. Littérature, textes, cultures*, n° 2009-3 (novembre): 43-55.
- ZHU, YONG, JOAN E. STRASSMANN, et DAVID C. QUELLER. 2000. « Insertions, substitutions, and the origin of microsatellites ». *Genetics Research* 76 (3): 227-236.

ANNEXES : Questionnaire

<u>Origine</u>	<u>Fiches informative</u>
<u>Dossier N°</u>	

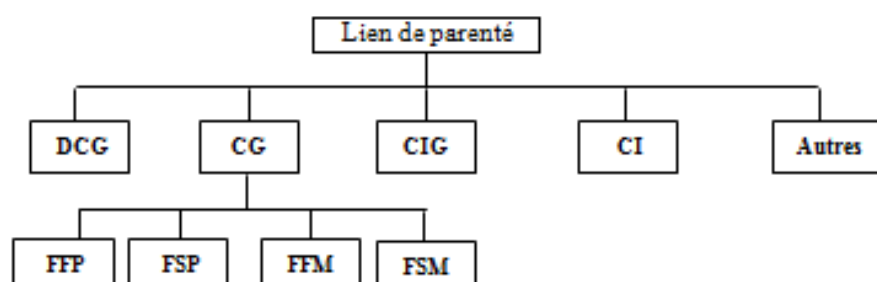
Dernière génération

Langue :
 Lieu de naissance :
 Isonymie des parents : Nom : Age : Sexe :



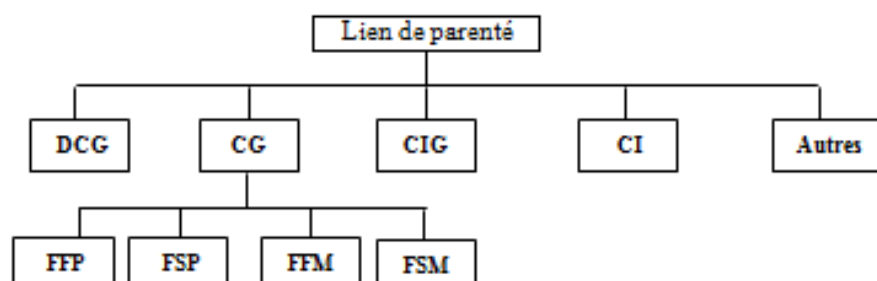
Génération de la mère

Langue :
 lieu de naissance :
 Isonymie des parents : Nom : Age : Sexe :



Génération du père

Langue :
 lieu de naissance :
 Isonymie des parents : Nom : Age : Sexe :



DCG : Double cousins germains
 CG : Cousins germains
 CIG : Cousins issus de germains
 CI : Cousins inégaux

FFP : Fille du frère du père
 FSP : Fille de la sœur du père
 FFM : Fille du frère de la mère
 FSM : Fille de la sœur de la mère

Remarques

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

Consentement

*Je donne mon consentement pour utiliser mon prélèvement
salivaire et les informations me concernant pour usage anonyme
dans le cadre de la recherche scientifique*

Signature du participant

Annexes : Articles scientifiques

1)

Lien http://www.american-jiras.com/Abstarct14_July_2019.html

American Journal of Innovative Research and Applied Sciences. ISSN 2429-5398 | www.american-jiras.com




ETUDE DE L'ENDOGRAMIE GEOGRAPHIQUE CHEZ LA POPULATION DU NORD DU MAROC

STUDY OF GEOGRAPHICAL ENDOGAMY IN THE POPULATION OF NORTHERN MOROCCO

| Lamiaa habibeddine ¹ | Mohammed el ouardani ² | Hicham Osmani ¹ | Saaïd Amzazi ¹ | Youssef Bakri ¹ | and | Jalal Talbi ³ |

¹. Université Mohammed V | Laboratoire de biologie des pathologies humaines | Faculté des Sciences | Rabat | Maroc |
². Université Mohammed I | Laboratoire de génétique et de biotechnologie | Faculté des Sciences | Oujda | Maroc |
³. La direction générale de la Sûreté nationale | Laboratoire National de Police Scientifique | Service biologie | Casablanca | Maroc |

| Received 16 June 2019 |
| Accepted 17 July 2019 |
| Published 23 July 2019 |
| ID Article | Lamiaa-Ref.4-sjira160719 |

RESUME

Contexte : L'endogamie est un comportement matrimonial qui consiste à choisir le conjoint à l'intérieur du même groupe pris en compte en tant que priorité pour l'individu. Ce type d'unions est fortement influencé par des conditions ethnographiques, socioéconomiques, et géographiques. **Objectifs :** L'objectif de cette étude est de déterminer le niveau de l'endogamie géographique selon le milieu de naissance chez la population du nord du Maroc, dont les données sont encore fragmentaires. **Méthodes :** L'étude s'est déroulée durant l'année 2015, et a porté sur un échantillon de 617 couples au consentement éclairé. Il s'agit d'une enquête rétrospective lors de laquelle la méthode d'interview a été utilisée en se basant sur l'approche de l'anthropologie sociale, associé à une récolte des données sur un questionnaire préalablement établi. **Résultats :** Les résultats témoignent d'un taux très élevé d'endogamie (86%). Ce comportement est fortement perpétué chez la première et la deuxième génération que chez la troisième génération, pourtant il est bien présent à la fois dans le milieu rural et urbain avec une très faible différence. **Conclusion :** L'endogamie géographique a des conséquences directes sur la répartition, la structure et l'hétérogénéité du flux génétique de la population. Cela peut toucher la santé publique d'une manière indirecte, car elle présente un risque sur la stabilité des fréquences géniques ainsi que des fréquences génotypiques.

Mots-clés : endogamie, nord Maroc, génération, rural, urbain.

BSTRACT

Background: Endogamy is a marital behavior that consists in choosing the spouse within the same group taken into account as a priority for the individual. This type of union is strongly influenced by ethnographic, socio-economic and geographical conditions. **Objectives:** The objective of this study is to determine the level of geographic endogamy according to the birth environment in the population of northern Morocco, whose data are still fragmentary. **Methods:** The study was conducted during 2015, and involved a sample of 617 couples with informed consent. This is a retrospective survey in which the interview method was used based on the social anthropological approach, combined with a collection of data on a previously established questionnaire. **Results:** The results show a very high rate of endogamy (86 %). This behavior is strongly perpetuated in the first and second generation than in the third generation, however it is present in both rural and urban areas with a very small difference. **Conclusion:** Geographic endogamy has direct consequences on the distribution, structure and heterogeneity of the genetic flow of the population. This may indirectly affect public health, because it presents a risk to gene frequency stability as well as genotypic frequencies.

Keywords: endogamy, north Morocco, generation, rural, urban.

2)

Lien <http://www.ijstr.org/paper-references.php?ref=IJSTR-1219-27685>

INTERNATIONAL JOURNAL OF SCIENTIFIC & TECHNOLOGY RESEARCH VOLUME 8, ISSUE 12, DECEMBER 2019

ISSN 2277-8616

Study Of The Isonimic Method To Estimate Consanguinity In Population Of Northern Morocco

Lamiaa Habibeddine, Mohammed El Ouardani, Hicham El ossmani, Saaïd Amzazi, Jalal Talbi.

Abstract: the purpose of this study was to estimate the rate of consanguinity and to determine the inbreeding coefficient by means of the analysis of isonimy in the population of Northern Morocco. The study involved a sample of 1586 individuals. These individuals belong ancestrally and linguistically to the population of northern Morocco. Results shows that the inbreeding coefficient calculated through the isonimy is (0.0276031), almost twice the coefficient calculated through the relationship (0.0148253). The marriage with the father's brother's daughter (FFP) is the most contracted among the group of isonymous couples with a percentage of 89.16%. In the group of non-onymous couples, we note that all first cousin links are present without any preference to a given link.

Index Terms: Isonimy, consanguinity, inbreeding coefficient, northern Morocco.

1. INTRODUCTION

Isonimy is a method that reveals higher rates than those calculated using the coefficient of apparent inbreeding [1,2]. Surnames can give information about the migratory history of families, and are commonly used in the study of the genetic structure of human populations [3], and population dynamics [4]. The use of surnames to measure inbreeding was ignored before. There have been studies that have found the link between family names and consanguineous marriages [4], and that surnames could be used to calculate the degree of inbreeding of populations [5]. But we had to wait until 1965, thanks to the studies conducted by Crow and Mange. They have elaborated a standard method to evaluate the consanguinity of a population through a mathematical model developed by the two authors and published for the first time during that year (1965). The surnames were finally used in the study of the genetic structure of human populations. To apply this method, the transmission of surnames must be continuous and without spelling modification or full name change. Other factors may cause deviation from the transmission path of surnames such as adoption. Some types of marriages may prevent the use of the isonymic method as the most incestuous marriage form between brother and sister, while marriages between cousins may give a good estimation of the degree of consanguinity. These unions must be random and without preference or prohibition of a particular type [6]. The isonimic method can look for any resemblance between names by analyzing the history of each family surname in the old archives. This method allows the analysis of ancient genealogies, to find the origins, and links the different branches belonging genealogy studied [7]. This method involves the most profound genealogies, and the oldest unions, changes in surnames becomes weaker towards the older families [8,9].

Family names, as they are transmitted by patrilineal line, appear as genetic markers linked to the Y chromosome [10] [11] [12]. These surnames can give information about the migratory history of families, and are commonly used in the study of the genetic structure of human populations [13], and population dynamics [4].

From a genetic point of view, we can consider the family name as a "gene" that segregates over generations, or as if it was an allele and calculates its frequency. Admittedly, it does not affect public health, but it can undergo mutations, such as changes or graphic errors that are passed down to the offspring. It is also subject to genetic drift, which can cause the disappearance of some names or increase of others. It is also subject to migration because the patronymic moves with its carrier.

2 METHODOLOGY:

The study involved a sample of 1586 couples with informed consent. These individuals belong ancestrally and linguistically to the northern region of Morocco. The socio-anthropological approach was used during sampling to apply specific methods of data collection. However, extensive investigations were carried out to have a large database using a previously prepared survey to answer the following questions:

- Age, sex, birthplace, family name, health problems of volunteer's couple, his parents and grandparents.
- Relationships of couples belonging to three generations: volunteer's couple, his parents and grandparents.

1- Calculation of Inbreeding Coefficient:

The inbreeding coefficient (C_a) is determined by the average of inbreeding coefficients of all couples constituting the studied sample according to the following formula:

3)

Lien <http://www.ijstr.org/paper-references.php?ref=IJSTR-1219-27629>

INTERNATIONAL JOURNAL OF SCIENTIFIC & TECHNOLOGY RESEARCH VOLUME 8, ISSUE 12, DECEMBER 2019

ISSN 2277-8616

Distribution Of Allelic Frequencies Of 15 Microsatellite Markers (Strs) In Tangier Population

Lamiaa Habibeddine, Mohammed El Ouardani, Saaïd Amzazi, Jalal Talbi.

Abstract: STRs or Short Tandem Repeats allows tracing the demographic history of populations, and the interactions between different population groups. The introduction of these markers in the study of populations explains their strong informative capacities and their high degrees of polymorphism. In this study, 15 STRs markers (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA1, TPOX, D18S51, D5S818, and FGA) are used to study genetic diversity of the Moroccan population of Tangier. The study involved a sample of 300 individuals with informed consent. The results show that the population is in Hardy-Weinberg equilibrium for all markers, except for 3 markers except 3 markers which show a significant deviation D21S11, D18S51 and D19S433 ($p = 0.0000$).

Index Terms: Tangier, microsatellites, Hardy-Weinberg equilibrium, allelic frequencies

1 INTRODUCTION

Historical and geographical are major factors that make each population genetically special and different [1], having its own way of life. To highlight these differences, various bio-anthropological studies associated with new genetic methods were used to study the north Moroccan Tangier population. This city is considered as crossroad of civilizations, and the geographical link between Europe and Africa. Nowadays, new techniques appear in molecular biology and bioinformatics, this development helps to produce a lot of research works in genetic anthropology [2]. Single parent markers such as Y chromosome and mitochondrial DNA represent only one non-recombinant marker and their informative capacity may be affected by several disturbing factors [3], that is the reason why it is recommended to use autosomal markers (SNPs and STRs). In this study, 15 STRs (Short Tandem Repeats) were chosen; these markers are non-coding and highly polymorphic. These microsatellites will be used to study genetic diversity by analyzing the distribution of allelic frequencies, genetic distances in the population and compare these measures with worldwide populations.

2 MATERIALS AND METHODS

The study was conducted on a sample of 300 individuals with informed consent. These individuals are from the city of Tangier from the north of Morocco. These volunteers speak Jebli (one of the two dialects of the region), their parents and grandparents are originally from the same region.

The extraction of DNA was performed on salivary samples, we used two techniques: extraction by Maxwell 16 extractor

using the Kit DNA IQTM Reference Sample Kit for Maxwell® 16 and organic extraction with phenol-chloroform alcohol Isoamelic, for high efficiency. The AmpFISTRIdentifiler® kit was used to amplify 15 STR markers (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA1, TPOX, D18S51, D5S818, FGA). It allows the co-amplification of five multiplex systems labeled by different fluorochromes absorbing at different wavelengths including: 6-FAM (blue), VIC (green), NED (yellow), TAZ (red) and SID (purple). The sixth dye, LIZ (orange), is used to label GeneScanTM 600 LIZ. The system used for fragment analysis is the ABI® PrismGenetic Analyzer 3130XL (16 capillaries). It allows detecting and separating the PCR products according to their size and their fluorescence. DNA data is collected by the Data Collection v2.0 software [4], and it is analyzed by GeneMapper ID v3.2. [4]. Genotyping is performed on 96-well plates.

3 RESULTS

The following table (Table 1) shows the allelic frequencies, observed heterozygosity (H_o) and expected heterozygosity (H_e) of the Tangier population, and forensic parameters (PD, PE, PIC, and MP) generated by Arlequin ver. 3.1 software [5]. The average heterozygosity is 0.76620, with a maximum value observed at the marker D8S1179 and D2S1338 (0.89583), and a minimum value observed at the level of the marker CSF1PO (0.63889).

4)

Lien <https://www.hilarispublisher.com/abstract/study-of-consanguinity-of-the-population-of-northern-morocco-37569.html>



Journal of Forensic Research

Habibeddine et al, J Forensic Res 2018, 9:1
DOI: 10.4172/2157-7145.1000406

Research Article
Open Access

Study of consanguinity of the population of northern Morocco

Lamiaa Habibeddine^{1*}, Mohamed Ouadani², Hicham El Oussmani¹, Said Amzazi¹ and Jalal Talbi¹

¹Faculty of Sciences, University Mohammed V-Agdal Rabat-Morocco
²Faculty of Sciences, University Mohammed I- Oujda-Morocco

***Corresponding author:** Hicham El Oussmani, Faculty of Sciences, University Mohammed V-Agdal Rabat-Morocco, Tel: 0021260311013111; E-mail: heloussmani@yahoo.fr

Received date: December 26, 2017; **Accepted date:** January 09, 2018; **Published date:** January 15, 2018

Copyright: © 2018 Habibeddine L, et al. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

Abstract

Consanguinity is a matrimonial behavior that is much perpetuated in the Arabo-Muslim world. This behavior contributes to the impoverishment of the genetic heritage of populations by increasing the genetic homogeneity, influencing, thus, the state of the public health. Belonging to the Arabo-Muslim world, the North population of Morocco has been partially studied to characterize this matrimonial behavior from an anthropo-genetic point of view.

Sample of 1588 couples belonging to the population of northern Morocco has been studied. The results showed a level of consanguinity very close to the national average (24.37%). Marriages between first cousins are most widespread among the other types of consanguineous unions (63.18%). Furthermore, specific features seem to characterize the practice of consanguinity in Morocco's northern region, which respond to many socioeconomic, cultural, historical and geographical factors.

Keywords:
Consanguinity; Anthropogenetic; Morocco; North population

Introduction

Marriage remains a sacred relationship heavily influenced by ethnographic, socio-economic and geographic factors [1]. In populations, unions are generally made either between related individuals [2] or randomly [3]. Inter-marriage is a form of unions widely practiced in Arab societies in which endogamy plays a major role [4]. Therefore this behavior contributes to the depletion of the gene [5,6] and increasing degrees of homogeneity among populations [7].

Inbreeding is defined as the existence of a relationship between two individuals from a direct lineage (grandfather, father, son, grandson) or collateral line (brother, cousin, uncle, nephew) [8]. The different types of consanguineous marriages are maintained or eliminated under the pressure of the major factors (culture, history and religion ...) that characterize societies in the world. In Arab society, heads of families (grandparents and fathers), require or encourage marriages within the same family (especially between cousins), with the aim to preserve property and to avoid family conflicts related to inheritance (agnate). Incestuous marriages between brothers and sisters, uncles and nephews, and of course between fathers and daughters are forbidden in these societies by law and religion.

Moreover percentages of 22.8% [11], 42% [12] and 39.8% [13] respectively, were observed in the middle east (Egypt, Lebanon and Syria). Similar figures have been denoted in the studies on the North African countries with 47.2% in Mauritania [14] and 32.71% in Tunisia [8]. Studies on Moroccan population on different periods, reported inbreeding percentages between 19% and 23% [6,15,16].

In this study we try to assess the level of inbreeding in a Moroccan population on which the data are still fragmentary. This study is about the population of northern Morocco.

Populations and Methods

Studied population

To study inbreeding among the population of northern Morocco, it is not enough to rush to DNA analysis. Human species being the subject of the study, language settings, political and religious, ethnic, cultural, socio-economic and geographic [17], should necessarily be considered to understand the motivations behind this marital practice.

From a geo-ethnic and linguistic point of view, Northern Morocco is considered the territory of Jebala and Rif tribes. Jebala occupy the Northwest Mountains, they speak Jebli somehow similar to the Moroccan Arabic. Meanwhile Rif occupy the center and east of the North of Morocco and speak Tarifit.

5)

Lien <http://www.ijstr.org/paper-references.php?ref=IJSTR-1019-23883>

INTERNATIONAL JOURNAL OF SCIENTIFIC & TECHNOLOGY RESEARCH VOLUME 8, ISSUE 11, NOVEMBER 2019

ISSN 2277-8616

Allele Frequencies Of 15 Autosomal STR Loci In The Eastern Population Of Morocco

Mohammed El ouardani, Lamiaa Habibeddine, Hicham El Ossmani, Jalal Talbi, Noureddine Boukhatem, Abderrahime Bouali

Abstract: This study evaluate the frequency distribution of 15 autosomal STR in Eastern population of Morocco (northeastern region of the Moroccan kingdom), in a sample of 208 unrelated individuals from different part of the region using **AmpFlstridentifier™** PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). All loci are highly polymorphic with the highest being D8S1179 (0.84286), and the lowest is D5S818 (0.70476). Hardy-Weinberg Equilibrium expectations were met. This database is a useful to complete the STR profiling of the whole Moroccan kingdom.

Index Terms: Forensic, Loci, DNA Typing, Population Data, Polymorphism.

1 INTRODUCTION

Genetic markers STR (short tandem repeat) are a widely used tool in forensic genetics and biological anthropology is one of the most effective tools for individual and genetic characterization [1]. Our aims are to evaluate the frequency distribution of 15 autosomal STR in Eastern population of Morocco (northeastern region of the Moroccan kingdom).

2 MATERIALS AND METHODS

The target population is the resident population in various eastern regions including small agglomerations, so that the sample collected is representative of the region (Figure 1). Blood samples were collected from 208 unrelated and healthy adult donors of both sexes coming from different part of eastern Moroccan regions including Nador (37.61%), Berkane (26.19%), Oujda (22.85%) and Taourirt (13.33%), respectively (Fig.1).



Fig 1. Geographical position of sample collected.

9700 Thermal Cycler (Applied Biosystems) [3], included allelic ladder and positive control. The 15 STR loci (D13S317, D16S539, D2S1338, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA, D8S1179, D21S11, D7S820, D19S433, CSF1PO, TH01 and D3S1358) were electrophoresed using ABI Prism310 Genetic Analyzer and alleles were typed with Genotyper Analysis Software. Deviation from Hardy-Weinberg equilibrium, observed and expected heterozygosity was calculated using Arlequin V3.1 software [4].

3 RESULTS

Arlequin v.3.1 software was used to calculate allele frequencies, observed heterozygosity (H_o) and the probability value of the Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) exact test or Expected heterozygosity (H_e). Allele frequency data of the 15 STR loci are presented in Table 1. Forensic parameters (polymorphism information content, PIC; power of discrimination, PD; and power of exclusion, PE) were calculated using Microsoft Excel-PowerStats program [3], downloaded from Promega corporation website at <http://www.promega.com/geneticidtools/powerstats/>.

4 DISCUSSION

For each locus allele frequency was calculated and Hardy-Weinberg equilibrium was evaluated [5]. Forensic efficiency parameters such as, the Power of Discrimination (PD), observed and expected Heterozygosity values (H_o), Polymorphism Information Content (PIC), Power of Exclusion (PE) and typical Paternity Index (TPI) are shown in Table 1. The allelic range changes among the 9 alleles that present D13S317 and the 28 alleles detected in case of D18S51.

6)

Lien http://american-jiras.com/Abstarct1_August_2019.html

American Journal of Innovative Research and Applied Sciences. ISSN 2429-5396 | www.american-jiras.com



ORIGINAL ARTICLE



ETUDE DE LA CONSANGUINITE DANS LA REGION DU MAROC ORIENTAL

STUDY OF CONSANGUINITY IN THE REGION OF EASTERN MOROCCO

| Mohammed el ouardani ¹ | Lamiaa habibedidine ² | Abderahime bouali ¹ | Noureddine boukhatem ¹ | Hicham el ossmani ² | and | Jalal talbi ² |

¹ Université Mohamed 1er | Faculté des Sciences | Oujda | Maroc |
² Université Mohamed V | Faculté des Sciences | Rabat | Maroc |

| Received 14 June 2018 |
| Accepted 22 July 2018 |
| Published 04 August 2018 |
| ID Article | Ouardani-Ref.2-ajira140719 |

RÉSUMÉ

Introduction : La pratique des mariages consanguins constitue encore aujourd'hui un phénomène social particulièrement préoccupant. Près d'un tiers de la population marocaine pratique cette forme de mariage, ayant des effets potentiellement néfaste sur la santé publique. **Objectif :** L'objectif de ce travail est de caractériser la consanguinité dans une population encore non étudiée (le Maroc oriental). Une enquête rétrospective a été menée auprès de 1440 familles ressortissantes de l'orientale, l'étude a été effectuée entre novembre 2013 et mai 2015, la situation de la consanguinité dans cette population a été caractériser via l'étude de plusieurs paramètres socio-économiques, sociodémographiques, culturels, religieux, ethniques et tribales. **Résultats :** L'analyse des données, a permis de révéler un niveau de consanguinité très élevé avec une préférence pour les unions entre cousins germains de premier degré. **Conclusion :** A l'issus de cette méthode, le mariage consanguin s'est avéré une stratégie matrimoniale coutumière et normative dans la population du Maroc oriental.

Mots clés: endogamie, cousins germains, génétique, santé, Maroc oriental.

ABSTRACT

Introduction: consanguineous marriages is still a particularly concern. Almost a third of the Moroccan population practices this form of marriage, which have a potentially harmful effect on public health. **Objective:** the focus of the study is to characterize the consanguinity in a population still not studied namely the Oriental (eastern Morocco).A retrospective study of 1440 eastern national families was conducted, between November 2013 and May 2015, to assess the consanguinity. A variety of socioeconomic, socio-demographic, cultural, religious, ethnic and tribal parameters have been studied. **Results:** data analyses revealed a high level of consanguinity with a marked preference for marriage between first cousins. **Conclusion:** consanguineous marriages have proven to be matrimonial, regular and standardized strategy within the eastern Morocco population.

Keywords: endogamy, first cousins, genetic, health, eastern Moroccan population.

1. INTRODUCTION

Les études sur la consanguinité, forme de l'endogamie, sont influencées surtout par des facteurs d'ordre culturels et socio-économiques [1], Dans le monde arabo-musulman aussi, la pratique de ce type de mariage est bien présente et remonte à des siècles. Il suffit de revenir, pour s'en convaincre, sur l'origine et l'usage fort ancien de la notion de « Bint el âam » (cousine), dans le patrimoine littéraire arabe et sur le droit de préemption déclarée du cousin paternel [2]. Le mariage est dit consanguin lorsque les conjoints ont un ou plusieurs ancêtres communs. L'union entre les cousins parallèles patrilatéraux constitue la première forme d'endogamie familiale possible [3].

RESUME

Dans le but de connaître et d'expliquer le comportement matrimonial ainsi que les divers aspects de la diversité génétique de la population du nord du Maroc on a fait appel à l'anthropogénétique. Les résultats présentés dans cette étude montrent que les faits historiques et la position géographique de cette population sont des éléments déterminant et ont une conséquence directe de la constatation de la valeur élevée du taux général d'endogamie (86%) et du pourcentage de consanguinité qui atteint 24,78%, ce dernier se présente comme un comportement héréditaire entre les générations, faisant un trait sociodémographique ancré dans le patrimoine culturel de cette population. Le coefficient de consanguinité calculé à travers l'isonymie (0.0276031) est deux fois plus élevé que le coefficient calculé via les liens de parenté (0,0148253). 15 marqueurs STRs ont été exploités afin d'étudier la distribution des fréquences alléliques de ces systèmes, pour générer une empreinte génétique de la population ciblée et la situer dans son contexte géographique et linguistique. Les résultats montrent que La population du nord du Maroc est en équilibre de Hardy-Weinberg pour 12 marqueurs, cependant elle présente une déviation significative au niveau de quatre marqueurs (TH01, D18S51, DS7820 et D19S433).

Mots clés : Anthropogénétique, endogamie, consanguinité, isonymie, STRs, fréquences alléliques, structure génétique

ABSTRACT

In order to know and explain marital behavior as well as the various aspects of the genetic diversity of the population of northern Morocco, anthropogenetics has used. The results presented in this study, show that the historical facts and the geographical position of this population are determining factors, and have a direct consequence of the finding of the high value of the general rate of endogamy (86%), and the percentage of consanguinity (24.78%). This behavior is a hereditary behavior among generations, which makes it a socio-demographic feature rooted in the cultural heritage of this population. The coefficient of consanguinity calculated through isonymy is (0.0276031), twice as high then the coefficient calculated via kinship (0.0148253). 15 STRs markers were used to study the distribution of allele frequencies of these systems, to generate a genetic fingerprint of the targeted population and to situate it in its geographic and linguistic context. The results show that the population of northern Morocco is in Hardy-Weinberg equilibrium for 12 markers; however, it shows a significant deviation at the level of four markers (TH01, D18S51, DS7820 and D19S433).

Key words: Anthropogenetics, endogamy, consanguinity, isonymy, STRs, allelic frequencies, genetic structure.