

## **Exploitation de 15 STRs autosomaux pour l'étude phylogénétique de la population Arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer (Maroc)**

*Exploitation of 15 autosomal STRs in the phylogenetic study of the Arabic-speaking population of Rabat-Salé-Zemmour-Zaer (Morocco)*

Hicham El Ossmani<sup>1,2</sup>, Jalal Talbi<sup>1</sup>, Brahim Bouchrif<sup>3</sup>, Abdelaziz Chafik<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratoire d'Anthropogénétique et de Physiopathologie, Département de Biologie, Faculté des Sciences, Université Chouaib Doukkali, El Jadida. Maroc

<sup>2</sup>Laboratoire de Génétique, Gendarmerie Royale, avenue Ibn Sina 10100, Rabat, Maroc

<sup>3</sup>Laboratoire de Biologie Moléculaire, Institut Pasteur, 1 place Luis Pasteur, Casablanca

Adresse de correspondance: Hicham El Ossmani, Laboratoire de Génétique de la Gendarmerie Royale, Avenue Ibn Sina 10100, Rabat, Maroc. E-mail: [helossmani@yahoo.fr](mailto:helossmani@yahoo.fr)

**Mots-clés:** Rabat-Salé-Zemmour-Zaer; Arabophone; Phylogénétique; STR; Histoire; contexte Afro-méditerranéenne; contexte mondial

**Keywords:** Rabat-Salé-Zemmour-Zaer; Arabic-speaking; Phylogenetic; STR; History; Afro-Mediterranean context; worldwide context

### **Résumé**

La volonté de classer les populations humaines actuelles n'est pas récente dans l'histoire de l'anthropologie. Aujourd'hui la réalisation d'une construction phylogénétique associe le critère géographique aux critères anatomiques de l'anthropologie physique et, depuis peu, aux considérations historiques, ethnologiques et linguistiques. Dans ce contexte nous avons réalisé une étude phylogénétique régionale et mondiale de la population arabophone marocaine de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer en utilisant les fréquences alléliques des 15 STRs du kit Identifier (TPOX, D3S1358, FGA, D5S818, CSF1PO, D7S820, D8S1179, TH01, vWA, D13S317, D16S539, D18S51, D2S1338, D19S433 et D21S11) susceptibles de reconstituer l'histoire des flux géniques qui ont alimenté le substratum génétique dans cette région qui abrite l'un des plus anciens sites archéologiques (Harhoura). La population arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer présente une similitude génétique aux Andalous à l'échelle Afro-méditerranéenne et des rapprochements génétiques aux populations du Moyen Orient dans un contexte mondial plus large. Les événements historiques des invasions islamiques au Maroc et de l'expulsion des arabes de la Péninsule ibérique semblent définir de près cette structure.

### **Abstract**

Classification of the actual human populations is not recent in the history of Anthropology. Today the realization of a phylogenetic structure links the geographical criterion to anatomic criteria of physical anthropology and, lately, to historical, ethnological and linguistic considerations. In this context we accomplished a regional and worldwide phylogenetic study of the Arabic-speaking population of Rabat-Salé-Zemmour-Zaer in Morocco, by using allelic frequencies of 15 STRs of Identifiler kit (TPOX, D3S1358, FGA, D5S818, CSF1PO, D7S820, D8S1179, TH01, vWA, D13S317, D16S539, D18S51, D2S1338, D19S433 and D21S11). These STR are likely to reconstruct the history of gene fluxes that fed the genetic substratum in this region that shelters one of the most ancient archeological sites (Harhoura). The Arabic-speaking population of Rabat-Salé-Zemmour-Zaer presents a genetic similarity with the Andalusia's population at the Afro-Mediterranean context and with the Middle East populations at a larger worldwide context. The historic events of Islamic plagues in Morocco and of the expulsion of Arabs from the Iberian Peninsula seem to define, closely, this structure.

### **Introduction**

Le brassage des gènes entre les différentes populations mondiales a suscité l'intérêt des anthropologues depuis l'émergence de la théorie de l'effet fondateur et de celle de la dérive génétique. Plusieurs types d'informations et différentes méthodes permettent d'apprécier l'hétérogénéité au sein d'une population (Verrier *et al.*, 2005). Les études portaient et portent encore sur l'origine géographique des individus pour définir l'état du substratum génétique des populations et apprécier les affinités génétiques entre les groupes. En effet, les groupes géographiquement proches sont aussi génétiquement similaires et lorsque la distance géographique augmente, la différence génétique entre les populations devient plus importante (Calafell *et al.* 2000; Rosenberg *et al.* 2002). Avec le progrès technologique et scientifique réalisé en biologie moléculaire l'appréciation de l'état du pool génétique et de la mobilité des gènes s'effectue directement au niveau de l'ADN en exploitant les séquences marqueurs telles que les STR. Récemment nous avons exploité 15 STRs autosomaux pour définir la structure génétique de la population marocaine arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer (El Ossmani *et al.*, 2007).

En faisant toujours appel aux même STR nous nous proposons dans le présent travail de situer cette population marocaine par rapport aux populations mondiales. En effet, par rapport au reste des populations qui définissent la carte phylogénétique mondiale, la population marocaine occupe plutôt une situation particulière de par sa mosaïque ethnique. Avec une histoire profonde de métissage alimentée par les flux migratoires divers et intenses qui ont réaménagé le substratum de la population dite autochtone (berbère), les barrières génétiques entre les différents groupes ethniques qui constituent cette population et encore entre celle-ci et les populations avoisinantes sont devenues très floues. Les facteurs socioculturels sont, ainsi, devenu encore plus discriminants que la biologie et, désormais, en parle d'arabophones, de berbérophones, d'hispaniques...

L'hétérogénéité des flux migratoires se traduit par l'instabilité de la position phylogénétique de la population marocaine lors des travaux fragmentaires antérieurement réalisés sur cette population qui tantôt se présente proche du contexte méditerranéen avec des affinités aux populations du nord et tantôt rejoint les populations du proche et moyen orient. Par rapport à une population qui a tendance à conserver son patrimoine génétique via un comportement matrimonial endogame et consanguin sous le témoignage des études récemment effectuées par Talbi *et al.* en 2006 et 2007 à travers le territoire marocain, serait-ce l'histoire qui gère le plus les affinités de cette population vis-à-vis les autres populations mondiales. La confrontation d'une approche historique à l'approche anthropogénétique entreprise lors de cette étude pourrait confirmer cette hypothèse.

## Population et Méthodes

### 1. Histoire de la région

Rabat (en Arabe « *Ar-Ribat* ») est la capitale politique et administrative du Maroc. Elle est située sur le littoral Atlantique du pays, sur la rive gauche de l'embouchure du Bouregreg, en face de la ville de Salé. Elle compte plus de 1,7 million d'habitants.

Des peuplements sont attestés sur le site de Rabat depuis l'Antiquité. La ville, à proprement parler, a été fondée en 1150 par le sultan almohade *Abd Al-Mumin*. Il y édifia une citadelle (future Kasbah des « *Oudaïa* »), une mosquée et une résidence. C'est alors ce qu'on appelle un « *Ribat* », une forteresse. Le nom actuel vient de *Ribat Al Fath*, « le camp de la victoire ». C'est le petit-fils d'*Abd Al-Mumin*, *Yaequob al-Mansor*, qui agrandit et complète la ville, lui donnant notamment des murailles. Par la suite, la ville a servi de base aux expéditions almohades en Andalousie.

A partir de 1610, Rabat reçut une forte population de réfugiés musulmans chassés d'*Al-Andalus* qui s'établirent dans la Kasbah et à l'intérieur de l'enceinte almohade, dans la partie Nord-Ouest, qu'ils délimitèrent et protégèrent par une nouvelle enceinte, la muraille andalouse.

Pendant quelques dizaines d'années, Rabat, alors connue de l'Europe sous le nom de « *Salé-le-Neuf* », fut le siège d'une petite république maritime, la République du Bouregreg, jusqu'à l'avènement des *Alaouites* qui s'emparèrent de l'estuaire en 1666. Sa principale activité était, alors, la course en mer contre les Chrétiens qui lui procurait la totalité de ses ressources et *Salé-le-Neuf* devient le premier port du Maroc. Les descendants de ces Andalous, qui portent souvent des patronymes à consonance castillane tels que *Mouline (Molina)*, *Bargach (Vargas)*, *Moreno*, *Balafrej*, *Ronda*, etc., sont toujours considérés comme les Rbatis dits « de souche ».

### 2. Echantillonnage

L'objectif était d'obtenir un nombre suffisant de sujets d'origine de Rabat Salé Zemmour Zaer sans lien de parenté avec un sexe ratio équilibré. Nous avons, ainsi, recueilli des informations sur l'origine de chaque individu, de ses parents, de ses grands-parents et de ses arrière-grands parents, son lieu de naissance, sa langue et, bien entendu, son identité. Ensuite, 5 ml de sang ont été prélevés de chaque individu dans des tubes à EDTA. 387 individus ont, ainsi, participé à l'étude.

### 3. Analyse génétique

L'ADN a été extrait à partir des échantillons de sang en utilisant la méthode organique du Phénol-chloroforme. La quantification d'ADN est réalisée par la technique de la PCR en temps réel par le kit Quantifiler (Applied Biosystems, Foster City, CA).

Les 15 marqueurs STR à analyser du kit Identifiler (TPOX, D3S1358, FGA, D5S818, CSF1PO, D7S820, D8S1179, TH01, vWA, D13S317, D16S539, D18S51, D2S1338, D19S433 et D21S11) sont amplifiés par la technique de PCR. Au terme de la réaction d'amplification, l'ADN amplifié est soumis à l'électrophorèse et les allèles des différents microsatellites sont séparés en fonction de leur taille à l'aide d'un analyseur ABI Prism 3130xl (Applied Biosystems, Foster City, CA).

### 4. Analyse statistique

La projection bidimensionnelle des fréquences alléliques lors de l'analyse en composantes principales a été effectuée avec la macro Excel XLSTAT V.7.5.2 (Addinsoft, <http://www.xlstat.com>). Les arbres phylogénétiques ont été établis avec le programme Neighbor-Joining du logiciel Phylip 3.67 (Felsenstein, 2007). La robustesse topologique des arbres a été testée avec 1000 bootstrap en faisant appel au même logiciel. Les fréquences alléliques sont accessibles sur notre travail antérieur publié dans la revue *Antropo* (El Ossmani *et al.*, 2007). Les fréquences alléliques de 30 populations mondiales ont été introduites dans l'analyse (Tableau 1).

	Populations	Effectifs	Références
Afrique du Nord	Berbères de Bouhria Maroc	104	Coudray et al.2007
	Berbères d'Asnie Maroc	105	
	Berbères de Siwa Egypte	98	
	Musulmans d'Egypte	99	
	Copts d'Adaima Egypte	100	
Afrique sub-saharienne	Guinée Equatorial	134	Cintia Alves et al. 2005
	Angola (Cabinda)	110	Beleza et al. 2004
	Mozambique	135-144	Alves et al. 2004
Moyen Orient	Tutsi Rwanda	108-126	Regueiro et al. 2004
	EAU (Dubai)	224	Alshamali et al. 2005
	Arabie Saoudite	94	
	Oman	79	
Asie de l'Est	Yémen	101	
	Iraq	103	Filippo et al. 2007
	Iran	150	E.M. Shepard et R.J.Herrera.2006
	Inde	317	Bindu et al.2007
	Bangladesh	127	Yuji et al. 2005
	Chine	200	Yang et al. 2005
	Corée	231	Yoo.Li.Kim et al.2003
Europe	Taiwan	597	Chih.Wi.Wang et al. 2003
	Thaïlande	210	Rerkamnuaychoke et al. 2006
	Andalousie Espagne	114	Coudray et al. 2007
	Autochtones de l'Espagne	342	Camatcho et al. 2007
	Belgique	100	R.Decorte et al.2003
Amérique Latine	Belarusse	176	K. Reba_a et al. 2007
	Macédonie	100	D.Havas et al.2007
	Mexique	180	A.Gorostiza et al. 2007
	Porto Rico	205	J.Zuniga et al. 2006
	Costa Rica	191-500	A.Rodriguez et al.2007
	Venezuela	203	L.P.Bernal et al. 2006

**Tableau 1.** Les populations mondiales introduites dans l'étude**Table 1.** The Worldwide populations introduced in the study

## Résultats et discussion

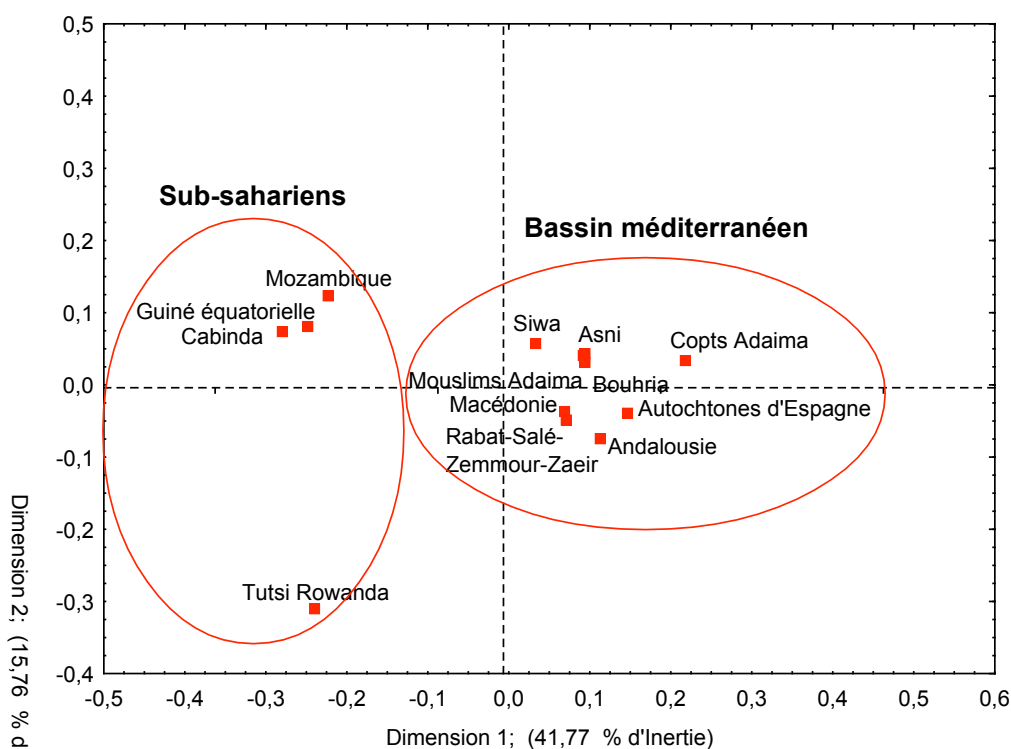
L'étude a été entreprise dans deux contextes d'ampleurs différentes:

1: Un contexte Afro-Méditerranéen: Pour une analyse régionale visant à situer génétiquement cette population par rapport aux populations voisines avec lesquelles elle partage des traits ou barrières culturels, sociaux et /ou géographiques.

2: Un contexte mondial visant à réaménager la structure génétique établie dans le contexte régional par rapport aux échanges inter-populationnels qui ont eu lieu au cours de l'histoire de l'humanité tout en dépistant d'éventuels apports d'autres populations dans le patrimoine génétique de la population de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer traduit par un repositionnement phylogénétique de celle-ci.

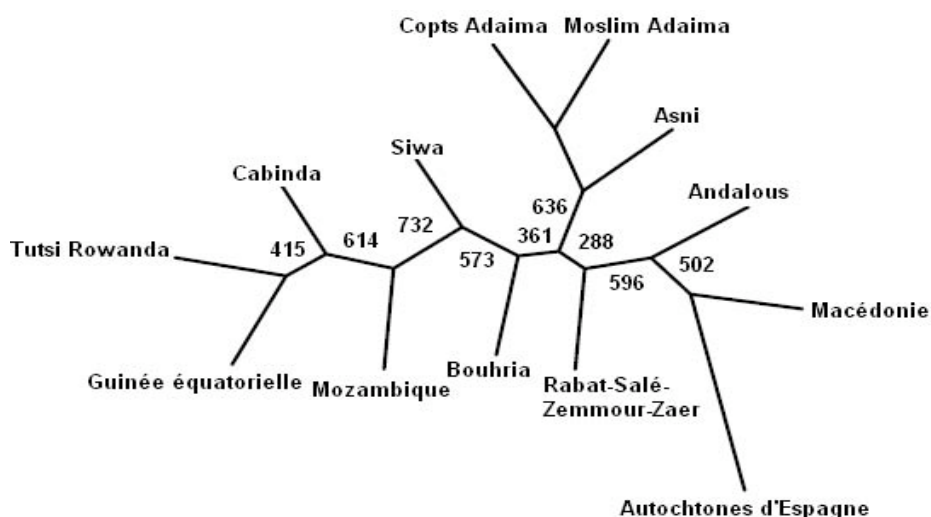
Pour l'étude à l'échelle régionale, les fréquences alléliques de quatre populations subsahariennes, six populations Nord-Africaines et trois populations du nord du bassin méditerranéen ont été introduites à l'analyse. La figure 1 présente les résultats de l'analyse en composantes principales réalisée à partir de ces fréquences. Les deux premiers axes du graphique représentent 57,53% de la variance totale. La dispersion des nuages de points traduit une structuration claire des populations en deux groupes distincts. Le premier groupe renferme les populations subsahariennes reflétant, ainsi, leur homogénéité génétique et à titre parallèle leur situation géographique par rapport aux reste des populations. Les populations Nord-Africaines s'organisent au sein du même groupe à côté des populations Nord-Méditerranéennes témoignant, ainsi, d'une grande affinité génétique traduisant à la fois le rapprochement géographique, socioculturel et historique. Au sein de ce même groupe on assiste à une structuration des populations en deux sous-goupes relativement distincts. Le premier sous-groupe est constitué des populations Nord-Africaines, à l'exception de la population de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer qui se positionne à côté des populations Nord-Méditerranéennes au sein du deuxième sous-groupe. Au-delà de la

proximité géographique, le contexte historique semble présenter une explication encore plus fiable à cette affinité génétique. En effet, une forte migration des musulmans Andalous vers la région de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer a eu lieu en 1610. L'arbre phylogénétique établi à partir des fréquences alléliques (figure 2) explicite fidèlement cette structure avec toujours une population de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer plus proche des populations Nord-Méditerranéennes.



**Figure 1.** Analyse en composantes principales des 15 STRs chez la population arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer à l'échelle Afro-Méditerranéenne

**Figure 1.** Principal components analysis of the 15 STRs in the Arabic-speaking population of Rabat-Salé-Zemmour-Zaer in the Afro-Mediterranean context

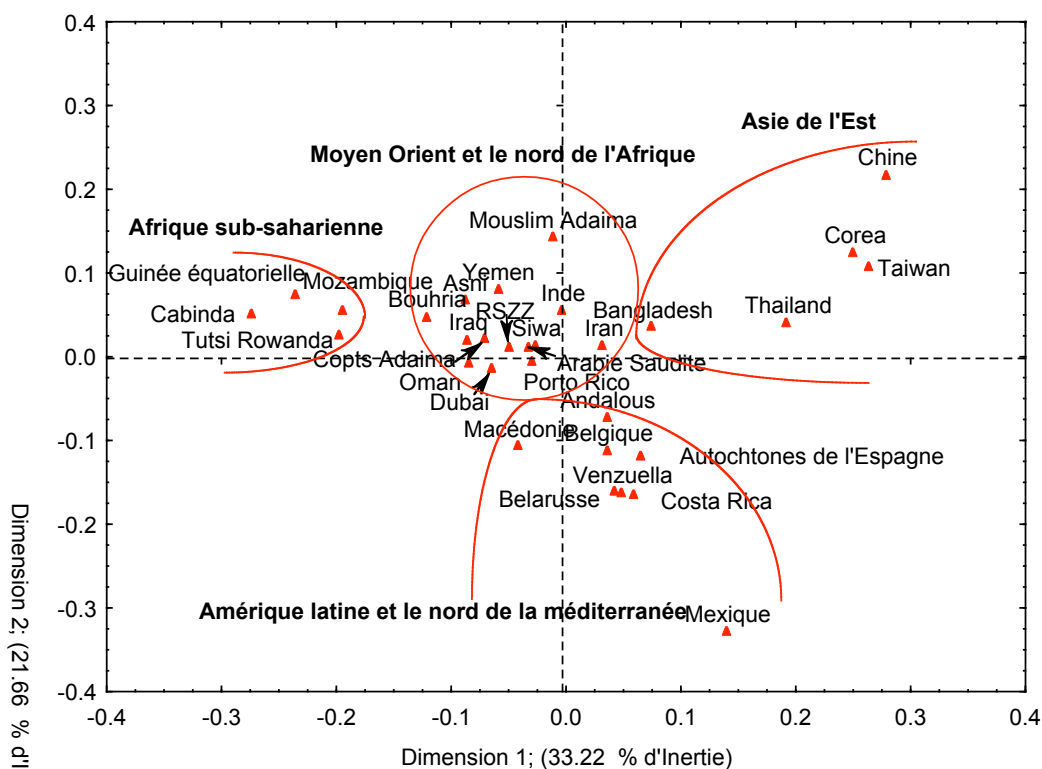


**Figure 2.** Arbre phylogénétique des 15 STRs chez la population arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer à l'échelle Afro-Méditerranéenne

**Figure 2.** Phylogenetic tree of the 15 STRs in the Arabic-speaking population of Rabat-Salé-Zemmour-Zaer in the Afro-Mediterranean context

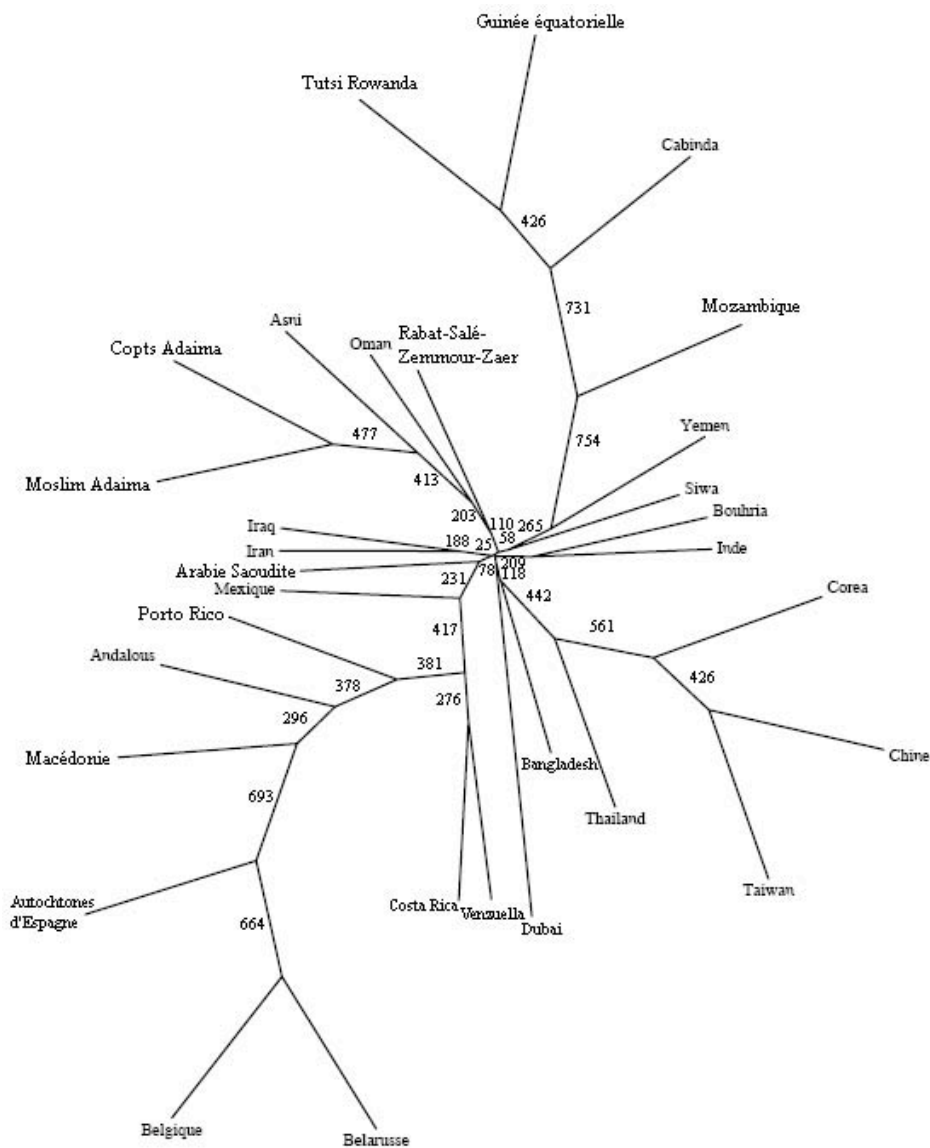
La figure 3 présente le résultat de l'analyse en composantes principales effectuée après l'introduction des fréquences alléliques de 18 autres populations dans le cadre d'une étude à l'échelle mondiale. Les deux premiers axes du graphique représentent 54,88% de la variance totale. A l'issue de cette analyse on assiste à une structure plus ou moins différente de celle établie à l'échelle régionale. Cette restructuration traduit, en effet, l'impact de l'alternance historique des différentes affinités génétiques qui ont eu lieu entre les différentes populations mondiales. Cette alternance elle-même étant le fruit des remaniements de la carte socioculturelle, économique et géopolitique du monde, ainsi que du progrès technologique que celui-ci a connu. En considérant les grands groupes, les populations du Moyen Orient et du Nord d'Afrique occupent une situation centrale par rapport aux populations de l'Asie de l'Est, celles du Nord de la méditerranée et de l'Amérique latine, et des populations sub-sahariennes. Cette disposition reflète l'importance de la proximité géographique et culturelle (notamment la religion). C'est le cas de l'Inde, du Bangladesh, des Andalous, du Porto-Rico et du Mozambique qui témoignent d'une certaine affinité par rapport aux populations du Moyen Orient et du Nord de l'Afrique. Cette structure concorde, en effet, parfaitement avec les résultats de Coudray (2006).

En considérant les populations, la population de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer occupe une position centrale et semble retrouver sa position équilibrée après avoir introduit les populations mondiales. En effet, contrairement au contexte régional, la population de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer s'est détachée des populations Nord-Méditerranéennes pour rejoindre les populations du Moyen Orient et du Nord de l'Afrique. L'ancienneté de l'effet fondateur joue un rôle important dans ce repositionnement. En effet, les arabes fondateurs de la population Rabat-Salé-Zemmour-Zaer ne sont autres que les musulmans qui ont migré depuis le Moyen Orient pour s'installer dans la région de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer avant 1150, soit environ cinq siècle avant l'arrivée des réfugiés musulmans de l'Andalousie. L'arbre phylogénétique établi confirme la structure révélée lors de l'analyse en composantes principales, avec les populations du Moyen Orient et du Nord de l'Afrique toujours en position intermédiaire (Figure 4).



**Figure 3.** Analyse en composantes principales des 15 STRs chez la population arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer à l'échelle mondiale

**Figure 3.** Principal components analysis of the 15 STRs in the Arabic-speaking population of Rabat-Salé-Zemmour-Zaer in the Worldwide context



**Figure 4.** Arbre phylogénétique des 15 STRs chez la population arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer à l'échelle mondiale

**Figure 4.** Phylogenetic tree of the 15 STRs in the Arabic-speaking population of Rabat-Salé-Zemmour-Zaer in the Worldwide context

### Conclusion

Le substratum génétique de la population Rabat-Salé-Zemmour-Zaer présente une continuité par rapport à ceux de la population des Andalous, les populations du Moyen Orient et les populations Nord-Africaines. Ce rapprochement s'inscrit dans un contexte historique et géopolitique pour la population des Andalous (récupération de l'Andalousie par l'Espagne), dans un contexte historique et culturel pour les populations du Moyen Orient (Invasions « *Al-Fotouhat* » islamiques) et dans un cadre géographique et culturel pour les populations du Nord de l'Afrique (Partage du milieu). Par ailleurs, au-delà de leur usage en criminalistique, les 15 STRs exploités dans la présente étude prouvent, encore une fois leur utilité et fiabilité dans l'établissement des structures génétiques des populations à travers l'étendu important de leur polymorphisme.

### Références bibliographiques

Addinsoft, <http://www.xlstat.com>

- Alshamali, F., Alkhayat, A.Q., Budowle, B. et Watson, N.D., 2005, STR population diversity in nine ethnic populations living in Dubai. *Forensic Sci Int.* 152(2-3), 267-279.
- Alves, C., Gusmao, L., Damasceno, A., Soares, B., et Amorim, A., 2004, Contribution for an African autosomic STR database (AmpF/STR Identifiler and Powerplex 16 System) and a report on genotypic variations. *Forensic Sci Int.* 139(2-3), 201-205.
- Alves, C., Gusmao, L., Ana Lopez-Parra M., Soledad Mesa, M., Antonio Amorim, A. et Arroyo-Pardob, E., 2005, STR allelic frequencies for an African population sample (Equatorial Guinea) using AmpFISTR Identifiler and Powerplex 16 kits *Forensic Science International* 148, 239–242.
- Applied Biosystems, 2001, AmpFI STR® Identifiler™ PCR Amplification Kit User's Manual, Foster City, CA, P/N 4323291.
- Barni, F., Berti, A., Pianese, A., Boccellino, A., Miller, M.P., Caperna, A. et Lago, G., 2007, Allele frequencies of 15 autosomal STR loci in the Iraq population with comparisons to other populations from the middle-eastern region. *Forensic Sci. Int.*, 167, 87–92.
- Beleza, S., Alves, C., Reis, F., Amorim, A., Carracedo, A. et Gusmao, L., 2004, 17 STR data (AmpF/STR Identifiler and Powerplex 16 System) from Cabinda (Angola). *Forensic Sci Int.* 141(2-3), 193-196.
- Bernal, LP., Borjas, L., Zabala, W., Portillo, MG., Fernandez, E., Delgado, W., Tovar, F., Lander, N., Chiurillo, MA., Ramirez, JL. et Garcia, O., Genetic variation of 15 STR autosomal loci in the Maracaibo population from Venezuela, *Forensic Sci Int.* 161(1) 60-63.
- Calafell, F., Perez-Lezaun, A. et Bertranpetit, J., Genetic distances and microsatellite diversification in humans. *Hum Genet.* 2000. 106(1): 133-134.
- Coudray C., 2006, Histoire génétique et évolution des populations berbérophones nord-africaines, Thèse de Doctorat, Centre d'Anthropologie, Université Toulouse III-Paul Sabatier.
- Coudray, C., Guitard, E., Keyser-Tracqui, C., Melhaoui, M., Cherkaoui, M., Larrouy, G. et Dugoujon, J.M., 2007, Population genetic data of 15 tetrameric short tandem repeats (STRs) in Berbers from Morocco, *Forensic Sci. Int.*, 167, 81-86.
- Coudray, C., Guitard, E., El-Chennawi, F., Larrouy, G., Dugoujon, J.M., 2007 Allele frequencies of 15 short tandem repeats (STRs) in three Egyptian populations of different ethnic groups, *Forensic Sci. Int.*, 169, 260-265.
- Coudray, C., Calderon, R., Guitard, E., Ambrosio, B., Gonzalez-Martin, A. et Dugoujon, JM., 2007, Allele frequencies of 15 tetrameric short tandem repeats (STRs) in Andalusians from Huelva (Spain), *Forensic Sci. Int.*, 168, 21–24.
- Decorte, R., Engelen, M., Larno, L., Nelissen, K., Gilissen, A. et Cassiman, JJ., 2004, Belgian population data for 15 STR loci (AmpFISTR SGM Plus and AmpFISTR profiler PCR amplification kit), *Forensic Sci Int.* 139 (2-3), 211-213.
- El Ossmani, H., Bouchrif, B., Talbi, J., El Amri, H. et Chafik, A., 2007, La diversité génétique de 15 STR chez la population arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer, *Antropo*, 15, 55-62. [www.didac.ehu.es/antropo](http://www.didac.ehu.es/antropo).
- Felsenstein, J., 2007: Phylogeny Inference Package (PHYLIP) version 3.67, Departement of Genome Sciences and Departement of Biology, University of Washington, Seattle, WA, USA.
- Gorostiza, A., Gonzalez-Martin, A., Lopez Ramirez, C., Sanchez, C., Barrot, C., Ortega, M., Huguet, E., Corbella, J. et Gené, M., 2007, Allele frequencies of the 15 AmpF/Str Identifiler loci in the population of Metztlitla'n (Estado de Hidalgo), México *Forensic Sci. Int.*, 166, 230–232.
- Havas, D., Jeran, N., Efremovska, L., \_orpevic, D. et Rudan, P., 2007, Population genetics of 15 AmpfISTR Identifiler loci in Macedonians and Macedonian Romani (Gypsy), *Forensic Sci. Int.*, 173 (2-3), 220-224.
- Hima Bindu, G., Trivedi, R. et Kashyap V.K., 2007, Allele frequency distribution based on 17 STR markers in three major Dravidian linguistic populations of Andhra Pradesh, India *Forensic Sci. Int.*, 17, 76–85.



- Kim, YL., Hwang, JY., Kim, YJ., Lee, S., Chung, NG., Goh, HG., Kim, CC. et Kim, DW., 2003, Allele frequencies of 15 STR loci using AmpF/STR Identifiler kit in a Korean population. *Forensic Sci. Int.*, 136, 92–95.
- Manuel, V., Camacho, Benito, C. et Figueiras, A.M., 2007, Allelic frequencies of the 15 STR loci included in the AmpFISTR1 Identifiler™ PCR Amplification Kit in an autochthonous sample from Spain, *Forensic Sci. Int.*, 173 (2-3), 241-245.
- Reba\_a, K., Wysocka, J., Kapinska, E., Cybulska, L., Mikulich, A.I., Tsybovsky, I.S., et Szczerkowska, Z., 2007, Belarusian population genetic database for 15 autosomal STR loci, *Forensic Sci. Int.*, 173 (2-3), 235-237.
- Regueiro, M., Carril, J.C., Pontes, M.L., Pinheiro, M.F., Luis, J.R., et Caeiro, B., 2004, Allele distribution of 15 PCR-based loci in the Rwanda Tutsi population by multiplex amplification and capillary electrophoresis. *Forensic Sci Int.* 143(1), 61-63.
- Rerkamnuaychoke, B., Rinthachai, T., Shotivaranon, J., Jomsawat, U., Siriboonpiputtana, T., Chaiatchanarat, K., Pasomsub, E. et Chantratita, W., 2006, Thai population data on 15 tetrameric STR loci-D8S1179 D21S11 D7S820 CSF1PO D3S1358 TH01 D13S317 D16S539 D2S1338 D19S433 vWA TPOX D18S51 D5S818 and FGA. *Forensic Sci. Int.*, 158(2-3), 234-237.
- Rodriguez, A., Arrieta, G., Sanou, I., Vargas, M.C., Garcia, O., Yurrebaso, I., Pérez, J.A., Villalta, M. et Espinoza, M., 2007, Population genetic data for 18 STR loci in Costa Rica, *Forensic Sci. Int.*, 168, 85–88.
- Rosenberg, NA., Pritchard, JK., Weber, JL., Cann, HM., Kidd, KK., Zhivotovsky, LA. et Feldman, MW., 2002, Genetic structure of human populations. *Science.*, 298 (5602), 2381-2385.
- Shepard, E.M. et Herrera, R.J., 2006, Iranian STR variation at the fringes of biogeographical demarcation, *Forensic Sci. Int.*, 158, 140-148.
- Talbi, J., Khadmaoui, A., Soulaymani, A. et Chafik, A. 2006, Caractérisation du comportement matrimonial de la population marocaine. *Antropo*, 13, 57-67. [www.didac.ehu.es/antropo](http://www.didac.ehu.es/antropo).
- Talbi, J., Khadmaoui, A., Soulaymani, A. et Chafik, A. E. A., 2007, Etude de la consanguinité dans la population marocaine. Impact sur le profil de la santé, *Antropo*, 15, 1-11. [www.didac.ehu.es/antropo](http://www.didac.ehu.es/antropo).
- Verrier E., Rognon X., Laloë D. et Rochambeau H., 2005, *Ethnozootechnie* 76, 67-82.
- Wang, CW., Chen, DP., Chen, CY., Lu, SC. et Sun CF., 2003, STR data for the AmpFISTR SGM Plus and Profiler loci from Taiwan, *Forensic Sci. Int.*, 138, 119–122.
- Yang, B., Wang, G., Liu, Y. et Yang, W., 2005, Population data for the AmpFI STR Identifiler PCR Amplification Kit in China Han in Jilin Province China. *Forensic Sci Int.* 151(2-3), 293-297.
- Zuniga, J., Ilzarbe, M., Acunha-Alonzo, V., Rosetti, F., Herbert, Z., Romero, V., Almeciga, I., Clavijo, O., Stern, J.N.H., Granados, J., Fridkis-Hareli, M., Morrison, P., Azocar, J. et Yunis E.J., 2006, Allele frequencies for 15 autosomal STR loci and admixture estimates in Puerto Rican Americans. *Forensic Sci Int.* 164, 266–270.