RÉPUBLIQUE DU BÉNIN

*

MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEURE ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

***

ANNÉE : 2024 N° : 2733

UNIVERSITÉ D'ABOMEY-CALAVI

*****

FACULTÉ DES SCIENCES DE LA SANTÉ (FSS)

*****

UNITÉ DE FORMATION ET DE RECHERCHE EN MÉDECINE

****

POLYMORPHISME GÉNÉTIQUE DE 15 SHORT TANDEM REPEATS DANS LA POPULATION BÉNINOISE ET IMPACTS PSYCHOSOCIAUX DES TESTS DE FILIATION

THÈSE

Présentée et soutenue publiquement pour l'obtention du grade de

Docteur en Médecine (Diplôme d'État)

Par

KPADONOU M. Michèle Biyèlé

Née le 19 Août 2000 à Cotonou (République du Bénin)

Directeur de thèse
Dr AZONBAKIN Simon A.
Maître de Conférence Agrégé
en Histo-Embryologie-Cytogénétique

Co-directeur de thèse
Dr ADJAGBA Marius O.
Chargé de Recherche de l'unité
de Biologie Humaine

Président du Jury
Pr LALEYE Anatole
Pr Titulaire en Histo-Embryologie-Cytogénétique

Membres du Jury
Pr HINSON Vikkey
Pr Titulaire en Médecine du Travail

Dr AZONBAKIN Simon A., MCA

LISTE DU PERSONNEL ENSEIGNANT

[1]

REPUBLIQUE DU BENIN
*****
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR
ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

UNIVERSITE D'ABOMEY-CALAVI

FACULTE DES SCIENCES DE LA SANTE
****

N° 2943 /2024/UAC/FSS/VD-Ecoles/VD-UFR Pharma/VD UFR Méd/SGE/CSRH/SA

UNIVERSITE D'ABOMEY-CALAVI FACULTE DES SCIENCES DE LA SANTE

Université d'Abomey - Calavi
LE DOYEN
FACULTE DES SCIENCES DE LA SANTE

NOVEMBRE 2024

LISTE DU PERSONNEL ENSEIGNANT ET ASSOCIES

DOYEN : Professeur AVAKOUDJO Josué Dejinnin Georges

VICE-DOYEN U.F.R Médecine : Professeur VODOUHE Ulrich Bidossèssi

VICE-DOYEN U.F.R Pharmacie : Maître de Conférences Agrégé GANFON Medessou Yowel Habib

VICE-DOYENNE /ECOLES : Professeur AZON KOUANOU Angèle

Année : 2024-2025 (version novembre 2024)

CAMPUS UNIVERSITAIRE CHAMP DE FOIRE
01B.P. 188 Cotonou – Tél : (229) 21 30 25 13 / 21 30 40 95 – Fax : (229) 21 30 40 96 – e-mail : fss_cotonou@yahoo.fr.

[2]

PROFESSEURS TITULAIRES

1.	Pr ADJIBABI Wassi	ORL-Chirurgie Cervico Faciale
2.	Pr MEHINTO Delphin Kuassi	Chirurgie Viscérale
3.	Pr LALEYE Anatole O. A	Histologie-Embryologie-Cytogénétique
4.	Pr FIOGBE Michel Armand	Chirurgie Pédiatrique
5.	Pr HANS-MOEVI Aristote	Orthopédie -Traumatologie
6.	Pr ODOULAMI-YEHOUESSI Lisette	Ophtalmologie
7.	Pr ZOUMENOU Eugène	Anesthésie-Réanimation
8.	Pr DENAKPO Justin Lewis	Gynécologie Obstétrique
9.	Pr DOSSOU Francis Moïse	Chirurgie Générale
10.	Pr AFFOLABI Dissou	Bactériologie-Virologie
11.	Pr ALAO Modjere Ola Maroufou Jules	Pédiatrie et Génétique Médicale
12.	Pr ATADOKPEDE Agbomènou Félix	Dermatologie -Vénérologie
13.	Pr AWEDE Bonaventure Lucien Sévérin	Physiologie
14.	Pr TONATO BAGNAN Josiane Angéline A	Gynécologie-Obstétrique
15.	Pr ADJIEN Kodjo Constant	Neurologie
16.	Pr OGOUYEMI HOUNTO Aurore Bertille	Parasitologie
17.	Pr SEHONOU Jean	Hépato-Gastro-Entérologie
18.	Pr AGODOKPESSI Gildas	Pneumo-Phtisiologie
19.	Pr ALLABI Aurel Constant Eustache	Pharmacologie Clinique
20.	Pr AVAKOUDJO Josué D. Georges	Urologie-Andrologie
21.	Pr AYELO Ahounménou Paul	Médecine du Travail
22.	Pr GNONLONFOUN Dieu donné	Neurologie
23.	Pr HOUNKPATIN Benjamin I. Bodounrin	Gynécologie Obstétrique
24.	Pr TSHABU AGUEMON Christiane	Gynécologie Obstétrique
25.	Pr ZOMALHETO Zavier Cossi	Rhumatologie
26.	Pr YEKPE AHOUANSOU Hermione Patricia Frida	Imagerie Médicale
27.	Pr AGUEMON Badirou Din	Santé Publique
28.	Pr ALAGNIDE Hountondji Etienne	Médecine Physique et de Réadaptation
29.	Pr AZON KOUANOU Angèle	Médecine Interne
30.	Pr GBESSI Dansou Gaspard	Chirurgie Générale
31.	Pr HINSON Vikkey Antoine	Médecine du Travail
32.	Pr HOUNKPE Pierre Claver	Anesthésie-Réanimation
33.	Pr LALYA Francis Honorat	Pédiatrie et Génétique Médicale

Université d'Abomey - Calavi
LE DOYEN
FACULTE DES SCIENCES DE LA SANTE

CAMPUS UNIVERSITAIRE CHAMP DE FOIRE
01B.P. 188 Cotonou – Tél : (229) 21 30 25 13 / 21 30 40 95 – Fax : (229) 21 30 40 96 – e-mail : fss_cotonou@yahoo.fr

ADJIBABI 2024

[3]

34. Pr VIGAN Jacques	Néphrologie
35. Pr CODJO Houétondji Léopold	Cardiologie
36. Pr YEMOA Loconon Y. Achille.	Chimie Analytique-Bromatologie
37. Pr AGBODANDE Kouessi Anthelme	Médecine Interne
38. Pr KEREKOU Annelie Célestine.	Endocrinologie
39. Pr VODOUHE Ulrich B.	ORL-Chirurgie Cervico Faciale
40. Pr WANVOEGBE Armand	Médecine Interne

MAÎTRES DE CONFERENCES AGREGES

1. Pr AVAKOUDJO François	ORL-Chirurgie Cervico Faciale
2. Pr LAWSON AFOUDA Sonia	ORL-Chirurgie Cervico Faciale
3. Pr SISSINTO SAVI DE TOVE Yolande	Parasitologie-Mycologie
4. Pr ALIHONOU Thierry Claude Fernand Comlan	Neurochirurgie
5. Pr BAGNAN TOSSA Léhila	Pédiatrie et Génétique Médicale
6. Pr GANFON M. Yowel Habib	Pharmacognosie
7. Pr ABOUBACAR Moufalilou	Gynécologie-Obstétrique
8. Pr ABOUKI Chakiratou Olaïdé Adoukê	Ophtalmologie
9. Pr ADJADOHOUN Sonia B.M. Gwladys	Radiologie, Radiodiagnostic et Imagerie médicale
10. Pr AKODJENOU Joseph	Anesthésie Réanimation
11. Pr AKPADJAN Gbèmawonmédè Fabrice	Dermatologie-Vénérologie
12. Pr ALIHONOU Florence Nathalie Yaccoba	Pédiatrie et Génétique Médicale
13. Pr ANAGONOU LARY Lucrèce	Pédopsychiatrie
14. Pr ATTOLOU Sètondji Roger Gilles	Chirurgie Générale
15. Pr AZONBAKIN Azandégbé Simon	Histologie-Embryologie-Cytogénétique
16. Pr BIGOT Cédric Egnonwa Parfait	Médecine Légale
17. Pr BOGNON Gilles Modeste Alain	Pédiatrie et Génétique Médicale
18. Pr CHIGBLO Sègla Pascal Eric	Chirurgie Orthopédique et Traumatologie
19. Pr DEGBOE Kaï Bérénice Esthelle	Dermatologie-Vénérologie
20. Pr GNANGNON Freddy Houehanou Rodrigue	Cancérologie Chirurgicale
21. Pr HODONOU Dètondji Fred Jean-Martin	Urologie-Andrologie
22. Pr IMOROU SOUAÏBOU Yacoubou	Chirurgie Général
23. Pr KLIKPO Tchédié Etdéchié Elvire	Psychiatrie Adulte
24. Pr KPOSSOU Aboudou Raïmi	Gastroentérologie et Hépathologie
25. Pr LAWANI Ismaïl	Chirurgie Viscérale
26. Pr MIKPONHOUE OLOU Rose Christelle	Médecine du Travail

Université d'Abomey - Calavi
LE DOYEN
FACULTE DES SCIENCES DE LA SANTE

EXEMPLAIRE 2014

CAMPUS UNIVERSITAIRE CHAMP DE FOIRE
01B.P. 188 Cotonou – Tél : (229) 21 30 25 13 / 21 30 40 95 – Fax : (229) 21 30 40 96 – e-mail : fss_cotonou@yahoo.fr.

[4]

27. Pr OGOUDJOBI Ogourindé Mathieu	Gynécologie-Obstétrique
28. Pr PADONOU Abiodun Adébola Djossè	Traumatologie-Orthopédie
29. Pr PADONOU Caroline Sourou Clémence	Pédiatrie et Génétique Médicale
30. Pr PADONOU Sètondji Géraud Roméo	Santé Publique
31. Pr SEIDOU Falilatou	Anatomie et Cytologie Pathologique
32. Pr SONOU Djidjoho Joël Arnaud	Cardiologie
33. Pr TOGNIFODE Medesse Véronique	Gynécologie-Obstétrique
34. Pr WACHINOU Ablo Prudence	Pneumo-Phtisiologie
35. Pr YEVI Dodji Magloire Inès	Urologie Andrologie
36. Pr ZOHOUN GUIDIGBI Lutécia Myria A	Pédiatrie et Génétique Médicale
37. Pr ADJOBIMEY Mênonli	Santé au Travail
38. Pr AGBOKPONTO Janvier Engelbert	Chimie Analytique
39. Pr AHOUNOU Ernest Stéphane	Anesthésie-Réanimation
40. Pr AÏGBE Nestor	Ophtalmologie
41. Pr AMOSSOU Labissi François	Traumatologie-Orthopédie
42. Pr ASSANHOU Assogba Gabin	Pharmacie Galénique
43. Pr AZA-GNANDJI Guy-Gérard	Psychiatrie
44. Pr BAGLO Dédé Priscillia Tatiana	Hématologie Biologie
45. Pr BANCOLE POGNON Sylvie Arlette A	Chirurgie Buccale
46. Pr MIZEHOUN Gbèdécon Carmelle	Nutrition
47. Pr DANGBEMEY Djima Patrice	Gynécologie-Obstétrique
48. Pr DO SANTOS ZOUNON Alexis	OTO-Rhino Laryngologie et Chirurgie Cervico-Faciale
49. Pr GNINKOUN Comlan Jules	Endocrinologie Métabolisme et Nutrition
50. Pr GOUKODADJA Oswald	Traumatologie Orthopédie
51. Pr SOSSA Jean	Urologie
52. Pr ZOHOUN Comlan Gildas Alban	Hématologie

MAÎTRE DE CONFERENCES

1. Pr BADOU Agnès Oladun Sylvie	Sociologie et Anthropologie sociale

Université d'Abomey - Calavi
LE DOYEN
FACULTE DES SCIENCES DE LA SANTE

NOVEMBRE 2024

CAMPUS UNIVERSITAIRE CHAMP DE FOIRE
01B.P. 188 Cotonou – Tél : (229) 21 30 25 13 / 21 30 40 95 – Fax : (229) 21 30 40 96 – e-mail : fss_cotonou@yahoo.fr

[5]

MAITRES ASSISTANTS

1.	Dr GANDAHO Hugues Jean-Thierry	Neurochirurgie
2.	Dr AGBOTON Bruno Léopold	Néphrologie
3.	Dr ADJAGBA Mahouna Philippe Dotou	Cardiologie
4.	Dr LOKOSSOU Mègnissè S. Houévi Symphorose	Gynécologie-Obstétrique
5.	Dr TOKOUDAGBA Kossi Jean-Marie Dénis	Chimie Organique et Chimie des Substances Naturelles
6.	Dr HOUNKPONOU AMOUSSOU-GUENOU Eliane Kayivi Murielle	Cardiologie
7.	Dr LALEYE Christel Marie Fortunat Olatumbossum B.I.	Anatomie
8.	Dr HOUNDETOUNGAN David Gilles	Biophysique
9.	Dr VIGNON Koffi Rodolphe	Hépato-Gastroentérologie

ASSISTANTS

1.	Dr YAKOUBOU YOBO Annatou	Pédiatrie et Génétique Médicale
2.	Dr AMONLES Yves D.	Psychiatrie
3.	Dr HOUESSOU ENIANLOKO TCHIAKPE Nicole Zinhoué	Pédiatrie
4.	Dr DADJO Kinski Aumar	Traumatologie Orthopédie
5.	Dr OREKAN Folakèmi Jeanne	Biologie Clinique
6.	Dr TOHODJEDE YéVèdo	Pédiatrie
7.	Dr VODOUHE Tchimon yéa Sètchégnon	Gynécologie-Obstétrique

Université d'Abomey - Calavi LE DOYEN FACULTE DES SCIENCES DE LA SANTE

ASSISTANTS EN POSITION PROBATOIRE

1.	Dr HOUEZE Richard Ghislain Constantin	Neurologie
2.	Dr CHABI Yossounon	Pharmacie hospitalière
3.	Dr DANSOU Eugénie	Médecine interne
4.	Dr DJOSSOU Hontongnon Julien	Rhumatologie
5.	Dr AYI MEGNANGLO Codjo Austher	Radiologie et Imagerie médicale
6.	Dr DAHOUE Togbédji Richard	Orthopédie Dento-Faciale
7.	Dr HOUNSOU Nounagnon René	Chirurgie générale
8.	Dr KOGUI DOURO Akim	Urologie-Andrologie
9.	Dr DOHOU Médard	Odontostomatologie
10.	Dr FATON Alexandre Dossou	Médecine Physique et Réadaptation
11.	Dr OLOWO Bénédicte Ingrid	Gynécologie-Obstétrique

DECEMBRE 2024

CAMPUS UNIVERSITAIRE CHAMP DE FOIRE
01B.P. 188 Cotonou – Tél : (229) 21 30 25 13 / 21 30 40 95 – Fax : (229) 21 30 40 96 – e-mail : fss_cotonou@yahoo.fr.

[6]

ASSISTANTS DE RECHERCHE DE RANG DOCTORAL

1. Dr TOHON Gbèdolo Honesty..... Toxicologie et Analyse du risque

EMERITES

1- Dr BASSABI Souleymane.....
2- Dr AHYI Réné A. Galbert.....
3- Dr PADONOU Nazaire.....
4- Dr HOUNKPE Célestin.....
5- Dr Do ANGO-PADONOU Florencia.....
6- Dr GNINAFON Martin.....
7- Dr ALIHONOU Eusèbe Magloire.....

COLLABORATEURS

A- COLLABORATEURS EXTERIEURS

1- MCA COULIBALY Songulgama ..... Professeur de Chimie Thérapeutique/UFR Pharmacie
Université de Nantes

2-Dr ZIME DIAWARA H. Hermine..... Maître-Assistant de Pharmacie Galénique à l'Université Joseph KI-ZERBO ; Burkina-Faso

3-Dr SANGARE Béatrice..... Maître de Conférences Agrégé de Toxicologie à l'Université Félix HOUPHOUËT BOIGNY

4-EFOE Etienne..... Pharmacie

B- COLLABORATEURS NATIONAUX

1- Dr LOKO Frédéric Simplice ..... Professeur Titulaire de Biochimie à l'Ecole Polytechnique de l'UAC

2–Dr AHISSOU Hyacinthe..... Professeur Titulaire de Biochimie à la Faculté des Sciences et Techniques de l'UAC

3–Dr GBENOU Joachim ..... Professeur Titulaire de Chimie Organique à la Faculté des Sciences et Techniques de l'UAC

4- Dr OUENDO Edgard-Marius..... Professeur Titulaire en Santé Publique, Epidémiologie (IRSP)

5- Dr KPATCHAVI Adolphe..... Professeur Titulaire en Sociologie Anthropologie

6- Dr AGUEH Damienne Victoire..... Professeur Titulaire en Santé Publique, Epidémiologie (IRSP) ; Maître ès Sciences en Nutrition

7–Dr JOSSE Roger Gérard ..... Professeur Titulaire de Chimie Analytique à la Faculté des Sciences et Techniques de l'UAC

Université d'Abomey - Calavi
LE DOYEN
FACULTE DES SCIENCES DE LA SANTE

NOVEMBRE 2024

CAMPUS UNIVERSITAIRE CHAMP DE FOIRE
01B.P. 188 Cotonou – Tél : (229) 21 30 25 13 / 21 30 40 95 – Fax : (229) 21 30 40 96 – e-mail : fss_cotonou@yahoo.fr

[7]

8–Dr GBAGUIDI Fernand	Professeur Titulaire de Chimie Organique à la Faculté des Sciences et Techniques de l'UAC
9–Dr WOTTO Valentin	Professeur Titulaire de Chimie Physique à la Faculté des Sciences et Techniques de l'UAC
10- Mr ATOHOUN Guy	Professeur Titulaire de Chimie Minérale
11- Dr EZIN Eugène.....	Professeur Titulaire en Informatique à l'Institut de Mathématiques et de Sciences Physiques de l'UAC
12- Dr OGOUYANDJOU Simplice.....	Maître de Conférences en Mathématiques
13- Dr KPOVIESSI Salomé	Professeur Titulaire en Chimie Organique à la Faculté des Sciences et Techniques de l'UAC
14-Dr DJOSSOU A. K. Alfred.....	Assistant en Anglais
15- Dr DJEGO Gaudens	Professeur Titulaire en Ecologie/Botanique
16- Mr AGBANI Benoît	Maître Assistant de Physique à la Faculté des Sciences et Techniques de l'UAC
17-Dr MEDEGAN FAGLA Sèdami Romarique.....	Maître-Assistant en Chimie Organique.

C- AUTRES ENSEIGNANTS ASSOCIES

1 - M AHOGA Sourou	Soins infirmiers
2 -M AHOUANSOU Frédéric.....	Secourisme
3- Dr AKOGBETO Paule Judith.....	Anglais
4-AMOUSSOU N. Gisèle	Initiation à la connaissance du médicament (ICM)
5-M GANDONOU D. Clément.....	Biochimie Générale
6-M TOSSOU Emmanuel Yaovi.....	Gestion des stocks et approvisionnements en produits de santé
7-M KOUKPEMEDJI D. Louis.....	Législation et règlementation Pharmaceutique
8- Dr DOYOU YEMOA Angèle Modukpè.....	Conseil à l'officine , Pharmacie Clinique
9-M OSSENI Razack.....	Pharmacie vétérinaire
10-M SONDJO Rodrigue.....	Essai clinique
11-M TCHAMMOU Euloge.....	Mathématique
12-M AGBOGBE Nestor.....	Réadaptation à base communautaire
13-Dr AMANZONWE Renaud.....	Goniométrie et tesring musculaire
14-M ANANI Yves.....	Techniques de kinésithérapie passive
15-Dr ASSOGBA Franck.....	Techniques de kinésithérapie active
16-M ASSOGBA Elwis Roland.....	Psychologie Psychopathologie
17-Dr DAHOUETO Wilfried.....	Grands brûlés
18-M GANHOUN Gaston.....	Physique Mécanique
19-Dr HOUNGBEDJI Germain	Analyse du mouvement, Biomatériaux et Thérapie Manuelle Orthopédique
19- Dr NIAMA-NATTA Didier.....	Appareillage orthopédique
20- Dr OLOUKA Jean.....	Techniques de kinésithérapie en neurologie adulte
21- Dr RAIMI Akambi Fatiou.....	Anglais
22- Dr SOGBOSSI Emmanuel.....	Anatomie palpatoire
23-ABILOGOUN-CHOKKI Oladokoun Olakemi.....	Psychologie
24- M ABOUDOU Kowiou.....	Technique de transformation alimentaire
25- M AFOUDA O. Acardius.....	Anglais
26-Mme AGUEH Victoire Damienne.....	Surveillance nutritionnelle
27- M ATCHADE Bardieu.....	Chimie organique
28- M BANON Sèmèvo Bleck Jultesse.....	Technique de transformation alimentaire
29- Mme D'ALMEIDA Marie Constance.....	Communication orale et recherche documentaire
30- M GANDEHO Gamèli Justin.....	Technique de transformation alimentaire
31- Mme GUEDENON Carine.....	Surveillance alimentaire et nutritionnelle

Université d'Abomey - Calavi
LE DOYEN
FACULTE DES SCIENCES DE LA SANTE

CAMPUS UNIVERSITAIRE CHAMP DE FOIRE
01B.P. 188 Cotonou – Tél : (229) 21 30 25 13 / 21 30 40 95 – Fax : (229) 21 30 40 96 – e-mail : fss_cotonou@yahoo.fr.

[8]

32- M GODE MERE Constant	Communication orale et recherche documentaire
33-Dr HOUNGBO Y. Hermance	Alimentation des collectivités
34- M KPODJI Paulin	Immunologie
35- Mme MAHAMADOU DANDA Amina	Hygiène et salubrité des aliments
36- M MOROU Karimou	Notion de base en alimentation et nutrition
37- Mme SACCA Carole Edna Murielle	Technique de transformation alimentaire
38- M SANTOS Reynald Y.S.	Evaluation de l'alimentation des individus
39- Mme WAKPO Sèna Ariane	Notion de base en cuisine diététique
40- M ADEN Hugues	Alphabétisation
41- M AGBOGBE Nestor	Réadaptation à base communautaire
42- Mme AHOGA CODO Nadège	Accompagnement social personnalisé de l'enfant
43- M AINA Mensah Coffi André	Méthodologie de recherche qualitative
44- Mme ANANI Isabelle	Justice juvénile et réparatrice
45- M ATAKLA Emile Zinsou	Elaboration de projet
46-M ATCHOUTA Ayélodjou Roger	Recherche quantitative
47- M ATODJINOU M. Candide	Statistique et Démographie
48- M COMAHOUE Franck	Devoir médico-social
49- M DADEGNON K. Aimé	Statistique sociale
50- Mme De SOUZA pélagie	Sociologie et anthropologie générale
51- M DJEIGO Michel	Méthodologie d'intervention
52- Mme DJIMA Fatahou	Psychopédagogie
53- M DJOGBEDE Léopold	Histoire et organisation du service social
54-M DOSSA Urbain	Gestion axée sur les résultats
55- Mme DOSSOU ADELOUI	Droit des personnes et de la famille
56- M EKPINSE Emile	Technique de rédaction administrative
57- Mme FATOMBI Joséphine	Autres politiques
58- M GNINGLA Daniel Prudencio	Utilisation de support comptable
59- M HOUANGNI Corneille	Gestion axée sur les résultats
60- M HOUESSOU Mahounan Modeste	Psychologie du développement humain
61- M HOUNGBEME Jean Luc	Economie du développement
62- M HOUNGBO Christian	Economie sociale et solidaire
63- Mme HOUNKPATIN Ella Ayaba	Introduction au droit
64- M IDRISSOU Soulé	Etude du milieu
65- M IKO AFE Fidèle	Justice juvénile
66- Mme KINSOU Lysette Carine	Santé familiale et DSSR
67- Dr KPENONHOUN Joel	Psychologie sociale
68- Mme LAOUROU Christelle	Economie familiale et sociale
69- Mme MARCOS Awa Simone	Droit du travail
70- Mme MIDJESSO Roméo	Etude du code de l'Enfant
71- Mme NAHUM T. Lucrèce	Management des services sociaux
72- M ODODE Adélanan Akanni	Comptabilité générale
73- Mme OGA Armelle	Sociologie de la famille
74- Mme SESSOU HINSON Fidélia	Devoir social
75- M SOSSOU Janvier	Technique d'animation de groupe restreints
76- Mme TCHIBOZO Pauline	Intervention d'aide à la personne
77- M TONI Ezin Mathias	Politique en faveur du jeune
78- Mme VOGLOZIN HINSON A. A	Gestion des Ressources Humaines
79- M YELOME Mardochée	Psychologie du couple

Le Doyen

Professeur Josué Delinnin Georges AVAKOUDJO

CAMPUS UNIVERSITAIRE CHAMP DE FOIRE
01B.P. 188 Cotonou – Tél : (229) 21 30 25 13 / 21 30 40 95 – Fax : (229) 21 30 40 96 – e-mail : fss_cotonou@yahoo.fr.

Par délibération, la Faculté des Sciences de la Santé de Cotonou a arrêté que les opinions émises dans cette thèse n'engagent que son auteur

SOMMAIRE

LISTE DU PERSONNEL ENSEIGNANT iii
SOMMAIRE ii
ACTION DE GRÂCES iv
DÉDICACE iv
REMERCIEMENTS viii
HOMMAGES xvii
LISTE DES ABRÉVIATIONS, ACRONYMES ET DES SIGLES xx
LISTE DES TABLEAUX – ENCADRÉS ET DIAGRAMME xxiii
LISTE DES FIGURES xxv
INTRODUCTION 1
1. GÉNÉRALITÉS 5
2. CADRE, MATÉRIEL ET MÉTHODES D'ÉTUDE 42
3. RÉSULTATS 53
4. DISCUSSION 71
CONCLUSION 82
SUGGESTIONS 84
RÉFÉRENCES 87
ANNEXES 95
TABLE DES MATIÈRES 121

ACTION DE GRÂCES

Je rends toute grâce à mon Père Céleste, Le ROI des Rois,

OLÙGBÉJÀ mi, ATOFARATI BI OKÉ, ATOBIJU, ALAGBARA L'ORUN ATI L'AYE, IMOLE NINU OKUNKUN AYE.

Celui à qui appartiennent les colonnes de la terre, et qui y a posé le monde. Pour toutes ces années où Tu as été et continueras d'être mon havre, ma forteresse, mon rempart, ma défense, ma paix, ma joie, mon espérance, mon salut, mon meilleur ami, mon tout ; toutes les fibres de mon être te remercient et chantent Ta Gloire !

Et même si je comprenais dix milles langues, elles ne suffiraient pas pour Te témoigner l'ampleur et la profondeur de ma reconnaissance, YAHWEH.

Ta parole déclare que ceux qui se confient en Toi, renouvellent leur force, ils prennent le vol comme des aigles, ils courent et ne se lassent point, ils marchent et ne se fatiguent point, PÈRE, mon parcours académique est une preuve de cette promesse.

Soit donc glorifié au travers de ce travail !

« Il y a dans le cœur de l'homme beaucoup de projets, mais c'est le dessein de L'ÉTERNEL qui s'accomplit »

Proverbes 19 : 21 LSG

AMEN !

DÉDICACE

- À mes très chers et bien-aimés parents
- À ma tante et mère Félicité
- À mes frères et sœur aînés Carl, Josué, et Viva
- À mon amie Marleine et mes amis Louis, Emmanuel et Elisée

À chacun, je suis très reconnaissante.

REMERCIEMENTS

À ma précieuse tante adorée, **CODJO Félicité**,

Plus qu'une tante, tu es véritablement ma maman. Depuis ma tendre enfance, tu veilles sur moi, tu me couves, tu me construis, tu me couvres d'amour, de tendresse, de soins de tous ordres, bien plus que je ne peux en citer. Tu fais également preuve de fermeté et de rigueur lorsque cela est nécessaire. Sans toi, celle que je suis aujourd'hui n'existerait pas. Je te dois si tant que je ne puis compter.

Comment te le rendre ? Seul le Tout Puissant le peut.

Tu as arrosé sans mesure, ainsi seras-tu arrosée !

À mon exceptionnel frère aîné, **KPADONOU Carl Anaël Elisée**,

Tu es le meilleur grand-frère qui soit. Bien que je sois souvent difficile avec toi, jamais tu n'as manqué de patience envers moi. My broda, mon confident, mon pasteur, mon coach de vie, mon coach sportif, mon portefeuille secours, mon motivateur et j'en passe.

Jamais mes mots ne suffiront pour t'exprimer l'étendue de mon amour, de mon admiration pour toi et de ma reconnaissance envers toi.

Tu es et demeureras une lumière et un exemple pour moi.

Mon âme exalte l'Éternel de t'avoir pour grand-frère !

À mes très chers et bien-aimés parents, **KPADONOU G. Toussaint et FIOSSI KPADONOU A. Émilie,**

Vous avez su respecter l'ordonnance du Seigneur qui dit ceci « Instruis l'enfant selon la voie qu'il doit suivre ; Et quand il sera vieux, il ne s'en détournera pas ». En plus de m'avoir donné la vie, vous m'avez enseignée bien des valeurs et des principes, et vous avez donné le maximum en votre pouvoir pour cela. Recevez ma reconnaissance, mon amour et ma déférence les plus profonds.

Maman, merci pour cet amour de l'excellence du travail que tu m'as transmis, pour cette éthique de vie, ton perfectionnisme dans toutes choses entreprises et ta rigueur qui sont pour moi des principes de vie. Merci pour toute l'aide, la guidance, les conseils et ta disponibilité sans faille et de tous ordres depuis le début de ce parcours et pendant la réalisation de ce travail, my dear mother. Merci d'être ma Mère.

Papa, merci pour ce sens de l'humeur que tu as, bien que pas toujours compris. Maintes et maintes fois, il m'a été dit « tu ressembles à ton Père ». Que ces mots demeurent une réalité pour toutes les choses positives en toi, je te remercie d'être mon Père.

De simples mots ne sauraient exprimer l'étendue de mes sentiments à vos égards.

Que Le Seigneur vous récompense, vous accorde pleine santé, longévité, et qu'Il m'accorde la grâce de vous témoigner l'honneur qui vous est dû mes bien-aimés parents !

- À mon autre merveilleux frère aîné, **TOHO Sélidji A. Josué,** et à ma merveilleuse sœur aînée, **SESSOU TOHO Dagbé Viva,**

  Les liens qui nous unissent sont plus forts que ceux de sang. Je ne puis compter le nombre de fois où vous avez été pour moi, chacun individuellement et ensemble, une source indéfectible d'amour, de soutien et de force. Ce dernier tournant de mon cursus n'a pas fait exception, vous m'avez relevé bien de fois, lorsque j'étais à terre. Ce travail, vous y avez contribué d'une manière dont je ne saurais en décrire l'importance, tant elle est grande. Recevez l'expression de mon amour et de ma reconnaissance les plus profonds.

  Plaise au Tout-puissant de nous maintenir unis dans Son amour !

- À mon cher ami **DOSSOU A. Y. Louis Rey,** ton amitié a été, toutes ces années, un véritable réconfort et une grâce pour moi, je ne saurais te remercier suffisamment pour ta présence, ton soutien, ton encouragement, tes prières. Tu m'as aidé à connaitre la véritable source de toutes choses : Dieu. Tu demeures là dans les bons et les mauvais moments, cet accomplissement est également le tient, il couronne le nombre d'années d'amitié précieuse et profonde qui nous uni. Je suis reconnaissante pour les nombreuses années restantes à venir.

  À travers vents et marées, my wonderful friend !

- À mon amie et sœur, **LAOUROU Mondukpè F. Marleine,** dans les pleurs, les angoisses, les paniques, les fou-rires, les joies, tu as été présente tout au long des années. Les mots ne sauraient décrire la profondeur de ma reconnaissance et de mon amour pour toi.

  Ma gracieuse et splendide sœur de tous les temps, seul l'Éternel peut te récompenser pour tout !

- À mon cher ami **HOUNHOUEDO Fènou Emmanuel, (alias Cravellus dalton),** ces dernières années, ton amitié et ta présence consistante m'ont été des plus grands biens. Tu es un cheerleader, une oreille attentive, doté d'une intelligence émotionnelle des plus hautes altitudes. Jour après jour, mois après mois, année après année, tu demeures fidèle ami. Par ce travail, je t'exprime toute mon affection et ma gratitude les plus sincères et denses, du fond du cœur.

  Que Le Seigneur soit ton partage, my own crab !

To **HOUETO Elisée J-D. Akpénamahu,**
First my monitor, then my friend and advisor. Right from the beginning of this journey you have been present, always available, encouraging and challenging through your words, your actions, your care, your prayers, your exhortations and through the entirety of your wonderful one-of-a-kind person. The same was applied during the realization of this work, receive here the expression of my deepest gratitude and attachment.

May the grace of the lord continue to dwell upon you, my friend!

Au Dr **ESSOU Michel Darius**, pour ton soutien indéfectible et ta présence tout au long de ce processus. Tu es l'un de mes amis les plus grands et je t'en remercie très sincèrement.

Demeure béni !

À **ZANNOU Vianney**, pour ton amitié, ta fraternité, tes conseils, ta disponibilité, ton soutien, les opportunités offertes, ta présence, gratitude sur gratitude. Tu as toujours fait preuve d'une grande ténacité, reçois mon admiration et ma profonde affection.

Semper fidelis !

À mon ami **GLEGBETO Jaurès** et mes amies de longues dates, **SALAMI A. Folashadé Nadiath, GBEDEY Lorisse, DOSSOU Murielle Ionée,** merci pour l'accompagnement.

Succès, paix et joie !

À **DJAGALY Leyla H. et AZONKPOEDJRE S. Christelle,** mes sœurs et amies du trio ADK, la route a été longue et semée d'embûches. Mais la finalité sera belle, par la grâce du Tout-Puissant, qu'IL lui plaise de nous garder unies dans son amour. Amen !

Réussite et joie !

À **OUNSOUNGAN Pons et KASSEHIN Claude,** mes compagnons de lutte, sans vous, cette aventure aurait certainement été rallongée pour moi. Pour votre amitié, vos égards envers moi et votre bonne humeur, à jamais merci ! Ces nuits blanches, vaines n'ont point été.

Réussite et joie !

- À **GBAGUIDI Gilles Fréjus, KENOUKON F. Frédérico, ASSAN Mirabelle, EDAH Crespin, ONIFADE Mohamed Kayodé, ATINDEHOU Aimée et ADJAZOUNHOUE Alexis,** et **aux autres membres du groupe de stage 3, « G3 »** pendant 4 ans pratiquement, jour après jour, votre présence et votre amitié m'ont permis de tenir le coup, quand bien même, des fois, ça se présentait trop dur. Ce lien de famille ne saurait être défait. Grâce et bonheur accompagne chacun de vous, tous les jours de sa vie et de sa carrière !

  Brillantes carrières !

- À **AHOUNOU Donald Gloria,** mon cher et précieux ami, je suis comblée de te connaitre et de partager ce lien fort qui nous uni, ta persévérance, ta détermination, et tes valeurs humaines te distinguent. Ton calme particulièrement imperturbable devant les situations les plus difficiles à été et continue d'être une véritable inspiration pour moi. Je prie que cette si belle amitié perdure.
  « L'homme toujours zen »

  Reçois mon affection la plus distingué, bénédictions et brillante carrière !

- À **HOUGNI Fiacre,** mon cher ami, ces mois passés à te côtoyer m'ont particulièrement marqué. En peu de temps, nous avons tissés des liens étroits. Je te remercie pour ta présence et pour la merveilleuse personne que tu es, bourrée d'altruisme et d'amour pour ton prochain. Tu es toujours prêt à aider sans attente spécifique.

  Reçois mon affection et ma reconnaissance, que grâce et bonheur t'accompagnent. Brillante carrière !

- À **OKE Viviane Durojaiyé, FABI Janice et KORA Sarah,** merci à vous, d'avoir rendu mon stage d'internat aussi mémorable. Chacune à votre manière, a touché mon cœur et avec vous j'ai vécu de beaux moments de sororité. Ce fut un bouquet d'émotions, de partage, de fous rires, de joie, de moments gastronomiques fabuleux, de fusion d'habitudes culinaires, d'étonnement et parfois de prises de têtes pendant ces mois de collocation que nous avons eu à partager ensemble loin de nos familles. Avec vous, j'ai réellement appris à vivre en communauté. Ces souvenirs, sont à jamais gravés dans ma mémoire. Plaise à Dieu, que nous puissions encore en partager d'aussi beaux.

  Recevez mon affection et ma reconnaissance pour ces moments partagés mes chères sœurs. Brillantes carrières !

Aux autres membres de mon groupe de stage d'internat, cette année passée à vos côtés m'a fait grandir sur plusieurs plans. Les appréhensions de l'inconnu du début, ont rapidement laissé place à une fascination et à une joie de découvrir chacun de vous sous un nouveau jour. L'internat bien qu'éprouvant et parfois frôlant « l'enfer », malgré ses nombreux bas a grâce à vous laissé en moi un souvenir merveilleux. Et à ce jour, cette étape franchie me manque parfois, pas à cause de la charge de travail, mais du fait de notre cohabitation « 24/7 »

Plaise à Dieu que nous conservions ces liens, brillante carrière chères/chers compagnes/compagnons de lutte. Que Dieu vous garde !

À **ADELEYE Raodath, KPADONOU Guy, NODICHAO Mariam, DOSSA Abigaël et TIDJANI Abdou-Robby, SODJINOU Martial Magloire** et **ZOSSOU Yoann Mardochée**, mes ami(e)s, à divers moments de ma vie, votre amour manifeste envers moi a su toucher mon cœur, parfois dur. Je vous remercie pour tout.

Abondance et surabondance seront vôtres !

Au Dr **KASSEHIN Urbain,** merci pour toute votre sollicitude à mon égard au long des années, tant de choses que je ne puis les énumérer. Merci mon cher Tonton.

Je vous souhaite le meilleur, profonde reconnaissance !

Au **Dr KOUTANGNI Morel**, cher aîné, c'est lors de ma première année à la faculté, que je fis votre connaissance. Vous n'avez ménagé aucun effort lors de la réalisation de ce travail. Vous avez été d'une aide cruciale, ce travail ne serait pas ce qu'il est, sans votre touche.

Profonde admiration et gratitude infinie !

Au **Dr KOUTANGNI Oswald**, tu as décortiqué et apporté un regard critique à chaque volet de ce travail, il est autant le tien qu'il est le mien.

Be utterly blessed and rendered what you have done for me!

Aux **Dr AGBANLINSOU Arnaud Coffi et Mr GOUSSANOU Yannique**, chers grands frères, vous m'avez pris sous votre aile comme si j'étais de votre famille de sang. Les mots ne sauraient suffire pour exprimer ma reconnaissance.

Profonde admiration et reconnaissance !

À **ZINSOU DEBALY Max,** merci pour ton travail, ta disponibilité, ta simplicité et ton accompagnement. Tu as été cardinal dans l'aboutissement de ce travail.

Sincères remerciements !

- Au Dr **SEWANOU-OZA Hillary,** chère « big sis », depuis plusieurs années tu es un exemple pour moi. Pour ta joie de vivre, tes conseils, ton affection, tes encouragements et ta personne.

  Mes remerciements les plus affectueux !

- À **KUEVIDJEN Alice Kekely** et **ADJAGBA Grâce Adjokè**, mes jeunes "sœurs du labo". Je rends grâce à Dieu d'avoir fait se croiser nos chemins ces derniers mois. Vous avez été de véritables sœurs. Avec beaucoup d'amour, je vous dis merci !

  Sincères remerciements !

- Au Docteurs **DIESSONGO Safiatou Nodouma** et **SIDIBE BOLY Kadidjatou**, chères aînés, nos chalenges similaires au cours de ces derniers mois nous ont rapprochées. Que de reconnaissance ! Sincère gratitude, pour tous ces moments passés ensemble. Les encouragements mutuels, la chaleur avec laquelle vous m'avez accueillie. *Barka* ! Désormais, me voici introduite dans la communauté burkinabé !

  Au plaisir de prochaines retrouvailles !

- Aux Docteurs **SISSOKO OUATTARA Assétou**, **HAÏDARA Abdourahamane, ILBOUDO Arnaud Landry, TUO Alice, COULIBALY Désirée, GOULAI BI YOU Étienne, NIKIEMA Romuald, Dr LADJOUAN Yézid**, chacun de vous, a, à sa manière été d'une grande aide dans l'accomplissement de ce travail. Vous m'avez accueillie et pris sous vos ailes comme votre jeune sœur, avec beaucoup de chaleur, de bonne humeur, de conseils et j'en passe. Je chéris ces moments passés à vos côtés et vous suis très reconnaissante. Je suis comblée que nos chemins se soient croisés, recevez toute mon affection et ma gratitude chers et précieux ainés !

  À jamais vous êtes gravés dans ma mémoire !

- Aux Docteurs **TONI Wilfried** (votre excellence du savoir médical et pour ce témoignage vivant de Christ en toutes choses), **GBESSI Emmanuel** (cette rigueur dans l'être et le savoir), **KOUANOU Délice** et à tous mes autres moniteurs au fil des années, sans vous, ce parcours aurait sans nul doute été rallongé. Mes mots ne sauraient suffire pour vous témoigner ma gratitude et mon profond respect. Votre excellence du travail m'a marqué à jamais.

  Merci pour votre passion et la transmission du savoir, soyez abondamment bénis et récompensés !

- Aux Docteurs **MIDETE Jean-Patrice, DOSSOU Septime, IDRISSOU Moucharaf et AKOWANOU Hyasmine,**

  Sincères remerciements !

- Aux Docteurs **PADONOU Régis et AKIFEWA Farouk,** chers frères aînés, votre orientation au fil des années et votre transmission technique de Microsoft Word entre autres domaines d'excellence, m'ont facilité la réalisation de ce document. Ainsi qu'au **Dr KPADONOU Perez,** mon autre frère ainé, pour l'excellence incarnée et les conseils répétés.

  Recevez toute ma gratitude et mes remerciements, abondances de bénédictions !

- À **Mme ESSEGNON Germaine, Messieurs FAVI Cédric et CAMARA Louthy,** peu de moments passées en vos compagnies, mais chaque échange avec vous fut un bonheur. Je vous remercie pour la gentillesse dont vous n'avez cessé de faire preuve envers moi, chacun d'entre vous tient une place remplie d'appréciation dans mon cœur.

  Sincères remerciements, abondances de bénédictions !

- À **Mr Jacques**, le meilleur imprimeur ! Merci pour cette joie que vous partagez, je me rappel d'un jour particulier en 5ème année de médecine, à quelques instants d'une composition fatidique de pédiatrie, buchant le maximum possible à quelque mètre de vous, au niveau de l'Évé nommé après vous. Je sentais la panique et le ciel s'effondrer sur moi, tant il y'avait à apprendre et peu de temps restant. Dans ce désaroi total de cette dernière ligne droite vous avez perçu cette détresse et m'avez dit « ne t'inquiète pas, ça va bien se passer, tu as déjà ton diplôme, le reste n'est que formalité, tu vas t'en sortir Michèle ». Ces mots m'ont donné le boost nécéssaire et je vous en suis reconnaissante à ce jour.

  Soyez récompensé, croissance sur croissance, de gloire en gloire, sincères remerciements !

- À **Mme CHALLA**, ma maman de la neurochirurgie, votre tendresse et votre affection ont été un véritable réconfort pour moi.

  Soyez récompensée !

- À **Messieurs Éric et Tanguy**,

  Merci !

- Au **Dr CAKPO SODJIEDO Annicette,** pour les enseignements de divers ordres que vous m'avez donnés,

  Sincères remerciements !

- Au **Dr KOUWANOU Luc,** pour les enseignements d'ordre spirituel et l'accompagnement,

  Sincères remerciements !

- Au Dr **LALEYE Maurel Xavier,** pour tes conseils et ta spontanéité.

  Merci !

- À **SOGLO Godwin**

  Merci !

- À **ADJAGBA Anicet Kafui et HOUNDJI Daris Jean-Baptiste** mes « frangins », je suis reconnaissante pour votre présence

  Merci !

- Aux autres **facilitateurs et étudiants de la classe ECODIS**

  Merci !

- À **YEDOMONHAN Audace, DODO Angelo, HOUNMENOU Ange, ADJAÏ Odilon** et à mes autres merveilleux **cadets du groupe de stage n° 3 en Médecine 3** de l'année académique 2022-2023

  Merci !

- À **tout ceux que je n'ai pas cités ici et qui ont, de près ou de loin, contribué** à ce processus de formation et à ce travail,

  Recevez mes remerciements les plus profonds !

HOMMAGES

À tous nos Maitres de la Faculté des Sciences de la Santé de Cotonou

Chers Maitres, nous vous rendons hommage, pour votre dévouement et votre passion inlassable à transmettre le savoir. Vos efforts inestimables forgent les esprits, ouvrent des horizons et donnent naissance à des professionnels de santé compétents et bienveillants.

Merci pour votre précieuse contribution au prestige de notre école. Veuillez trouver ici, l'expression de notre considération la plus profonde.

Hommage respectueux.

À notre Cher Maître et Père, Professeur LALEYE Anatole

Très cher Père et Maître, nous manquons de formulation pour vous exprimer toute l'étendue de notre admiration pour vous et de notre reconnaissance. Vous incarnez respect, simplicité, convivialité, humour, sens de l'éthique et du travail. Votre main a été sur ce travail depuis sa genèse, jusqu'au stade actuel. Votre accueil paternel constitue un honneur et une bénédiction. Nous vous prions de trouver ici, cher Maitre, le témoignage de notre profonde estime, de nos sincères remerciements et de notre reconnaissance.

Hommage respectueux, profonde déférence et gratitude infinie.

À notre Maître et Directeur de thèse, MCA AZONBAKIN Simon A.

Très cher Maitre, nous sommes honorée d'avoir fait ce travail sous votre aile. Vos conseils éclairés, votre disponibilité et votre expertise, ont été essentiels pour la conduite et la finalisation de ce travail. Vous suscitez admiration de par votre convivialité, votre simplicité et votre supervision attentive. Nous vous prions de bien vouloir trouver ici, cher Maitre, le témoignage de notre profonde estime et nos sincères remerciements.

Hommage respectueux, profonde déférence et gratitude.

À notre Maître et co-directeur de thèse, Dr ADJAGBA Marius

Cher Maître, vous n'avez pas hésité un seul instant à accepter de diriger ce travail. Nous avons beaucoup appris sous votre mentorat. Nous sommes fière d'avoir eu la grâce de travailler à vos côtés et de bénéficier de votre précieux enseignement. Votre convivialité et votre nature apaisante nous ont édifiée. Chère Maître, daignez trouver ici, l'expression de notre gratitude et notre admiration.

Hommage respectueux, pleine déférence et gratitude.

Au Président du Jury

Excellence Président du jury, nous sommes très reconnaissante de l'honneur que vous nous faites, en acceptant de juger ce travail, malgré vos multiples occupations. Toutes vos recommandations ont été utilisées pour parfaire ce travail. Veuillez trouver ici, cher Maître, l'expression de notre profonde gratitude.

Hommage respectueux.

Aux Honorables Membres du Jury, Pr HINSON Vikkey et MCA AZONBAKIN Simon,

Nous sommes très sensible à l'honneur que vous nous faites en acceptant de siéger dans notre jury de soutenance de thèse. Sincères remerciements pour vos suggestions, remarques et critiques. Nous les avons pris judicieusement en compte pour parfaire ce document. Veuillez recevoir l'expression de notre sincère gratitude.

Hommage respectueux.

LISTE DES ABRÉVIATIONS, ACRONYMES ET DES SIGLES

A	: Adénine
ABI	: Applied Biosystems
ADN	: Acide Désoxyribonucléique (DNA)
ADNc	: Acide Désoxyribonucléique complémentaire
ADNmt	: Acide Désoxyribonucléique mitochondrial
ARN	: Acide Ribonucléique (RNA)
BPC	: Bonnes Pratiques Cliniques
C	: Cytosine
CODIS	: Combined DNA Index
CPD	: Pouvoir combiné d'exclusion
CPE	: Pouvoir combiné de discrimination
CSPro7.3	: Census and Survey Processing System version 7.3
Datp	: Deoxyadenosine triphosphate
Dctp	: Deoxycytidine triphosphate
dGTP	: Deoxyguanosine triphosphate
DNA	: Deoxyribonucleic acid (ADN)
Dntp	: Désoxyribo-Nucléotides-Tri-Phosphates
dTTP	: Deoxythymidine triphosphate
EDAS	: Échelles de Dépression, d'Anxiété et de Stress
FSS	: Faculté des Sciences de la Santé
FTA	: Fast Technology for Analysis of Nucleic Acids
G	: Guanine
He	: Hétérozygotie attendue
Ho	: Hétérozygotie observée
ISBA	: Institut des Sciences Biomédicales Appliquées
LHBRCGM	: Laboratoire d'Histologie Biologie de la Reproduction
Nm	: Nanométre
Nt	: Nucléotides
Pb	: Paire de base
PCR	: Polymerase Chain Reaction (Réaction de polymérisation en chaine)
PD	: Pouvoir Discriminant
PE	: Pouvoir ou Probabilité Excluant
Ph	: Potentiel Hydrogène

PIC/ICP	: Polymorphic information content (Contenu des informations sur le polymorphisme)
PM	: Probability of Match (Probabilité de correspondance)
qPCR	: PCR Quantitative
RT-PCR	: Reverse transcription polymerase chain reaction
SNP	: Single Nucleotide Polymorphism (Polymorphisme mononucléotidique)
SPSS	: Statistical Package for Social Sciences
STR	: Short Tandem Repeats
T	: Thymine
Taq polymérase	: Thermus aquaticus DNA polymerase I
TE	: Tris-EDTA (Ethylene-diamine-tetra-acetic acid)
TPI	: Typical Paternity Index (Indice de paternité typique)
UAC	: Université d'Abomey-Calavi
UV	: Rayons ultraviolets
VNTR	: Variable Number of Tandem Repeats
X-STR	: X-chromosome short tandem repeat

LISTE DES TABLEAUX – ENCADRÉS ET DIAGRAMME

Tableau I : Fréquences alléliques de la population béninoise par STR de 2008-2024 _58

Tableau II : Paramètres médico-légaux des STR dans le cadre de leur identification __62

Tableau III : Principales variables renseignées par les demandeurs du test de paternité au laboratoire de cytogénétique de la FSS Cotonou au cours la collecte prospective de juin-octobre 2024 _____65

Tableau IV : Questions du score Échelles de Dépression, d'Anxiété et de Stress (EDAS 21) _____108

Tableau V : Questions de l'EDAS-21 correspondant à la dépression, à l'anxiété et au stress _____109

Tableau VI : Interprétation du niveau de dépression, d'anxiété et de stress selon le score EDAS _____109

Encadré 1 : Verbatim pour exprimer la situation de la demande de test de HO, avant le résultat _____69

Encadré 2 : Verbatim pour exprimer la situation après le résultat du test demandé par HO _____69

Diagramme 1 : Diagramme de flux_____54

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : Nomenclature des allèles _____7
Figure 2 : Situation de l'ADN _____11
Figure 3 : Structure de l'ADN montrant les détails d'une double hélice _____12
Figure 4 : Schéma de la réaction de PCR _____19
Figure 5 : Image du ABI Prism 310_____20
Figure 6 : Image de l'interface du GENE MAPPER ID V 3.2._____20
Figure 7 : Kit d'identification des STR inclus dans le kit d'amplification PCR AmpFlSTR Identifiler, co-amplifiés et analysés simultanément par électrophorèse capillaire ou sur gel avec les systèmes ABI PRISM montrant la séquence standard des 15 STR _____23
Figure 8 : 15 STR en position sur leurs chromosomes en format de Caryotype _____25
Figure 9 : Degré de polymorphisme des STR les plus et les moins polymorphes_____55
Figure 10 : Pourcentage d'allèles portés par la population béninoise sur le STR D13S317 _____56
Figure 11 : Répartition des pourcentages des allèles de la population béninoise sur le STR TPOX _____56
Figure 12 : Prépondérance allélique et pourcentage de portage au sein de la population béninoise du STR D18S51 le plus polymorphe _____57
Figure 13 : Graphique combiné -Histogramme groupé pour les allèles et courbe pour les fréquences- (Représentation des fréquences alléliques par STR) de la population béninoise par STR de 2008-2024_____61
Figure 14 : Barres empilées représentant les paramètres médico-légaux et capacités d'identification des STR_____63
Figure 15 : Répartition de la tranche d'âge des enquêtés de la collecte prospective de juin-octobre 2024_____64
Figure 16 : Répartition des sujets _____67
Figure 17 : Répartition des types de relation entre les co-parents en cas de paternité confirmée au laboratoire de cytogénétique de la FSS Cotonou au cours de la collecte de juin-octobre 2024 _____68
Figure 18 : Répartition des types de relation entre les co-parents en cas de paternité infirmée au laboratoire de cytogénétique de la FSS Cotonou au cours de la collecte de juin-octobre 2024 _____68

INTRODUCTION

De nombreuses études relatives à la génétique des populations ont été réalisées au fil des années. Elles ont dévoilé un déséquilibre important entre les groupes biogéographiques, à travers les continents étudiés. En effet, tenant compte d'un nombre raisonnable de marqueurs génétiques et de populations étudiées , il a été possible en Europe, de prédire avec suffisamment de précision, l'origine géographique d'un individu [1]. L'un de ces marqueurs génétique sont les Short Tandem Repeats (STR), qui sont composés de courtes séquences répétées d'ADN, aussi connus sous le nom de microsatellites, et qui témoignent particulièrement de la grande diversité humaine [2,3]. Ils impliquent une unité répétitive de 1 à 10 paires de base (pb), formant des séries d'une longueur allant jusqu'à 100 nucléotides (nt) [4]. Ils sont très utiles, notamment dans l'analyse des liaisons génétiques (entre populations de différentes régions) et dans l'identification des individus (empreinte génétique).

En Afrique, il existe un manque d'informations sur ses populations africaines, introduit non seulement des biais dans les études biomédicales, notamment de pharmacogénétique, mais entraîne également un manque d'informations essentielles à la compréhension de l'évolution humaine à l'échelle locale et mondiale [5].

Les études portant sur la diversité génétique en Afrique ayant utilisé les STR, sont peu nombreuses. Nous pouvons citer, celles réalisées au Maroc par El Ossmani et al. (2007) [6] ; Bouabdellah et al. (2008) [7] et Dahbi et al. (2023) [8] ; au Gabon par Lendoye et al (2023) [9]; en Guinée-Bissau par Gonçalves et al. (2002) [10] et au Bénin par Azonbakin et al. (2020) [11].

En 2020, l'étude menée au sein de la population béninoise a concerné un total de 251 individus d'origine béninoise. La fréquence des allèles microsatellites a été calculée, et une vue globale des paramètres génétiques de la population béninoise a été analysée. Cependant, la taille réduite de l'échantillon, ne permettait pas de généraliser les résultats à toute la population béninoise.

Par ailleurs, l'utilisation des STR permet de réaliser des tests de filiation, utilisés pour confirmer ou réfuter une paternité suspectée ou questionnée [12].

La demande du test de filiation est motivée par l'existence de doutes quant à la paternité de l'individu, un résultat inattendu ou indésirable peut, en effet, avoir des impacts non seulement sur l'individu concerné, mais aussi sur toute une ou plusieurs famille(s), au travers des relations intrafamiliales et extrafamiliales ; la structure sociale s'en trouve mêlée. Il naît des sentiments et ressentiments psychologiques perturbés, du stress, de l'angoisse et une charge émotionnelle importante.

Les questions de recherches que nous nous sommes posées sont les suivantes :

- quel est le profil génétique de la population béninoise ?
- quels sont les déterminants psycho-sociologiques du test de paternité de cette même population ?

Pour répondre à ces questions, nous nous sommes fixés les objectifs suivants :

Objectifs de recherche

Objectif général

Étudier la diversité génétique de la population béninoise à l'aide de 15 STR, et l'aspect psycho-social lié au test de filiation.

Objectifs spécifiques

Il s'agit, de façon spécifique de :

1) Décrire les caractéristiques socio-démographiques des demandeurs de test ADN ;
2) Présenter la fréquence des allèles par microsatellites au sein de la population béninoise ;
3) Décrire l'aspect psychosocial (dépression, anxiété, stress, représentation sociale) autour de la demande de test ADN.

Pour ce travail de recherche, nous nous sommes appuyés sur trois hypothèses de base.

Hypothèses de recherche

1) La population béninoise a sa propre identité génétique, à travers une grande diversité génétique ;
2) La description des fréquences alléliques les plus répandues au sein de la population béninoise pourrait permettre la création d'un kit spécifique à celle-ci, possédant moins de 15 systèmes de STR
3) La demande des tests ADN est associée à des situations sociales particulières, avec des conséquences perturbatrices sur le psychisme des individus concernés.

I. GÉNÉRALITÉS

I.1. DÉFINITION DE CONCEPTS

Les termes utilisés dans le document, ont été définis dans ce paragraphe, dans le sens où on doit les comprendre dans cette étude.

- **Acide désoxyribonucléique (ADN)**

L'ADN est le support de l'information génétique. C'est une longue molécule, habituellement assemblée en chromosomes. Elle encode l'information génétique sous la forme d'une double hélice, dont la cohésion est assurée par des liaisons entre les paires de bases [13].

- **Allèle**

On définit par allèle, l'ensemble des gènes situés en un même locus, agissant sur un même caractère élémentaire, et ayant la même action sur ce caractère. En un même locus, il y a autant d'allèles qu'il y a de modalités d'action sur le caractère concerné [13].

C'est l'une des deux ou plusieurs versions d'une séquence d'ADN à un emplacement génomique donné. Un individu hérite de deux allèles, un de chaque parent, pour tout emplacement génomique donné où une telle variation existe. Si les deux allèles sont identiques, l'individu est homozygote pour cet allèle (figure 1). Si les allèles sont différents, l'individu est hétérozygote [14].

- **Locus**

Le locus est l'emplacement spécifique d'un gène sur un chromosome.[15].

Chaque individu possède pour chaque locus, deux gènes transmis : l'un par son père, l'autre par sa mère. Il transmet à son tour à chacun de ses descendants, la copie d'un des deux gènes qu'il possède en chaque locus.

Le locus est ainsi l'unité insécable de transmission de l'information héréditaire. Les gènes situés en un même locus sont dits « homologues » [16].

- **Homozygote**

Un individu est dit homozygote pour un certain locus, si les deux gènes qu'il possède en ce locus appartiennent à la même classe d'allélisme ; c'est à dire qu'ils ont la même action sur le caractère concerné [13].

- **Hétérozygote**

Un individu est dit hétérozygote pour un certain locus, si les deux gènes qu'il possède en ce locus n'appartiennent pas à la même classe d'allélisme, c'est-à-dire n'ont pas la même action sur le caractère concerné [13].

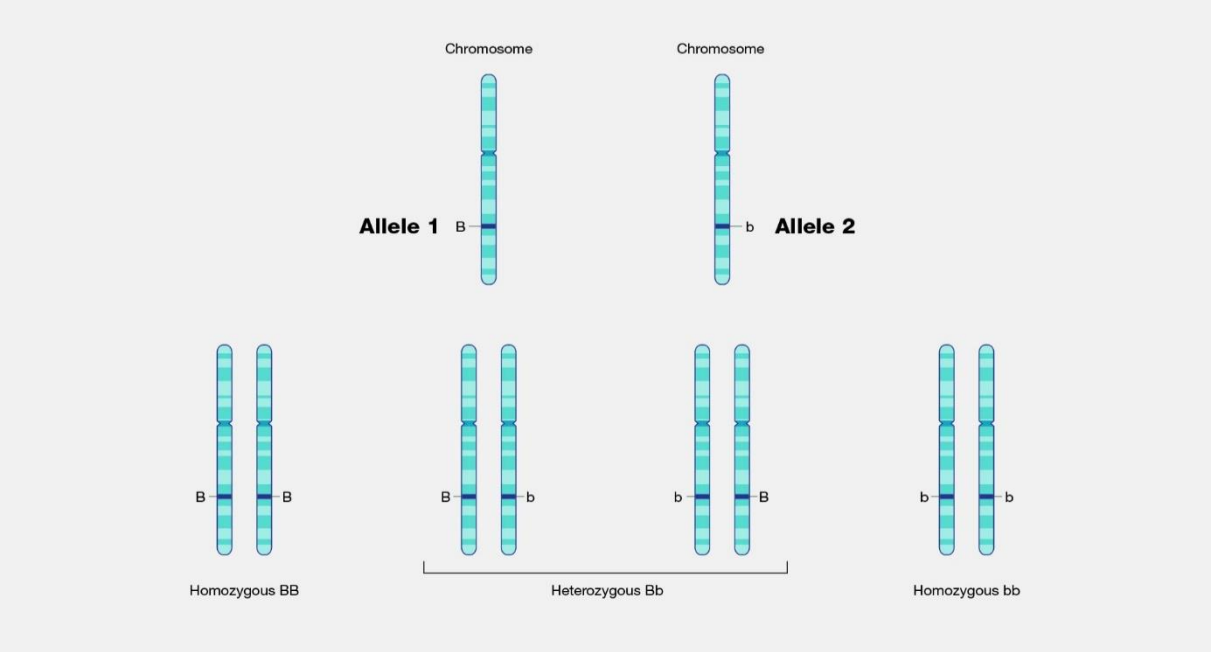


Figure I : Nomenclature des allèles [14]

- **Cellule**

La cellule est l'unité morpho-fonctionnelle de base de tout organisme vivant. Elle est constituée d'une membrane plasmique entourant un cytoplasme contenant les organites et le noyau. Ce noyau contient l'ADN, support de l'information génétique [13].

- **Chromosome**

Le chromosome est un ensemble d'éléments filiformes situé dans le noyau de la cellule vivante, qui existe en nombre constant (23 paires chez l'être humain). Différents types

d'organismes ont différents nombres de chromosomes [13]. Il est constitué d'ensembles filiformes de gènes et d'autre matériel génétique dans le noyau d'une cellule.

- Code génétique

Le code génétique fait référence aux instructions contenues dans un gène, qui indiquent à une cellule comment fabriquer une protéine spécifique. Le code de chaque gène utilise les quatre bases nucléotidiques de l'ADN, que sont l'adénine (A), la cytosine (C), la guanine (G) et la thymine (T). Cela s'effectue de différentes manières pour épeler les « codons » à trois lettres qui précisent quel acide aminé est nécessaire à chaque position au sein d'une protéine [17].

- Diversité

Les différents types d'organismes qui existent au sein d'une communauté ou d'un système écologique sont variables [13].

- Équation de Hardy-Weinberg

L'équation de Hardy-Weinberg est une équation mathématique qui peut être utilisée pour calculer la variation génétique d'une population à l'équilibre.

L'équation est une expression du principe connu sous le nom d'équilibre de Hardy-Weinberg, selon lequel le degré de variation génétique dans une population restera constant d'une génération à l'autre, en l'absence de facteurs perturbateurs.

Dans les études de génétique des populations, cette équation permet de mesurer la différence entre les fréquences de génotypes observées et les fréquences prédites dans une population donnée [18].

- Fréquence allélique

C'est la proportion d'un allèle spécifique, ou la variation du code ADN, par rapport à d'autres allèles possibles à la même position dans le code dans une population donnée, ou dans certains cas, une espèce entière. Les informations sur la fréquence des allèles sont utilisées dans les domaines de la génomique, de la génétique des populations et de la génétique clinique, pour aider à interpréter le potentiel de liens entre la présence d'allèles

spécifiques et les « résultats » observés, tels que les traits physiques ou les risques de maladie [16].

- **Gène**

Les gènes sont des fragments d'ADN emmagasinés dans le noyau cellulaire. Ils constituent l'unité fonctionnelle et physique de l'hérédité transmise d'un parent à son enfant. Ce sont des recettes pour la fabrication de protéines. Chaque gène est composé de plusieurs milliers de mots codes. Les cellules de chaque personne contiennent le même ensemble unique et complet de gènes [19].

- **Génome**

C'est l'ensemble du matériel génétique d'un individu ou d'une espèce, encodé dans son ADN. Chez l'humain, ce matériel génétique est organisé sous la forme de chromosomes. Le génome désigne l'ensemble des gènes que possède un individu [13].

- **Génomique**

Ce mot désigne la science qui étudie le génome [13]. C'est aussi l'adjectif issu de génome, qui désigne l'ensemble du matériel génétique d'un individu ou d'une espèce, encodé dans son ADN. Chez l'humain, ce matériel génétique est organisé sous la forme de chromosomes.

- **Génétique**

La génétique des populations représente un domaine de la biologie qui étudie, pour une population, la composition et les changements dans la composition, liés aux gènes, résultant du fonctionnement de divers facteurs, dont la sélection naturelle. Les généticiens des populations, développent des modèles mathématiques abstraits de la dynamique de la fréquence des gènes, extraient des prédictions sur les modèles probables de variation génétique, dans les populations réelles et testent les prédictions par rapport à des données empiriques [20].

- **Panmixie**

Reproduction de l'espèce humaine par des unions faites au hasard, en l'absence de sélection naturelle [21].

- **Polymorphisme génétique**

Il s'agit de la coexistence de plusieurs allèles d'un gène dans une population. En général, on admet qu'un gène est polymorphe lorsque la fréquence de son allèle le moins courant est d'au moins 1% [22].

- **Polymorphisme mononucléotidique (Single Nucleotide Polymorphism ou SNP)**

Le SNP indique les formes les plus communes de mutations, qui consistent en une modification dans un nucléotide, n'importe où dans le génome. Pour être considéré comme un SNP, ce changement dans un nucléotide doit être observé dans plus de 1% de la population [15,22].

- **Profil génétique**

Le profil génétique est un ensemble de renseignements sur les gènes d'un individu [13].

- **STR (Short Tandem Repeats)**

Ce terme est également connu sous le nom de microsatellites ou répétitions de séquences simples. Il s'agit de courtes séquences d'ADN répétées en tandem, qui impliquent une unité répétitive de 1 à 10 pb, formant des séries d'une longueur allant jusqu'à 100 nucléotides (nt) [4].

I.2. ACIDE DÉSOXYRIBONUCLÉIQUE (ADN)

I.2.1. Structure

L'ADN constitue la molécule support de l'information génétique héréditaire.

Chaque être vivant, a le privilège d'être unique, distinct de ses congénères. Il est l'expression de l'information codée par son génome : la longue molécule d'ADN contenue dans le noyau de chacune de ses cellules. C'est sur ce principe que repose l'identification d'un individu et son application directe, le contrôle de filiation [23].

L'ADN est situé dans le noyau ; où il forme une double hélice. Cette hélice s'entoure de protéines, les histones, pour former des nucléosomes. Ces nucléosomes forment des « chapelets de perles » qui s'enroulent de manière compacte pour former le chromosome [24].

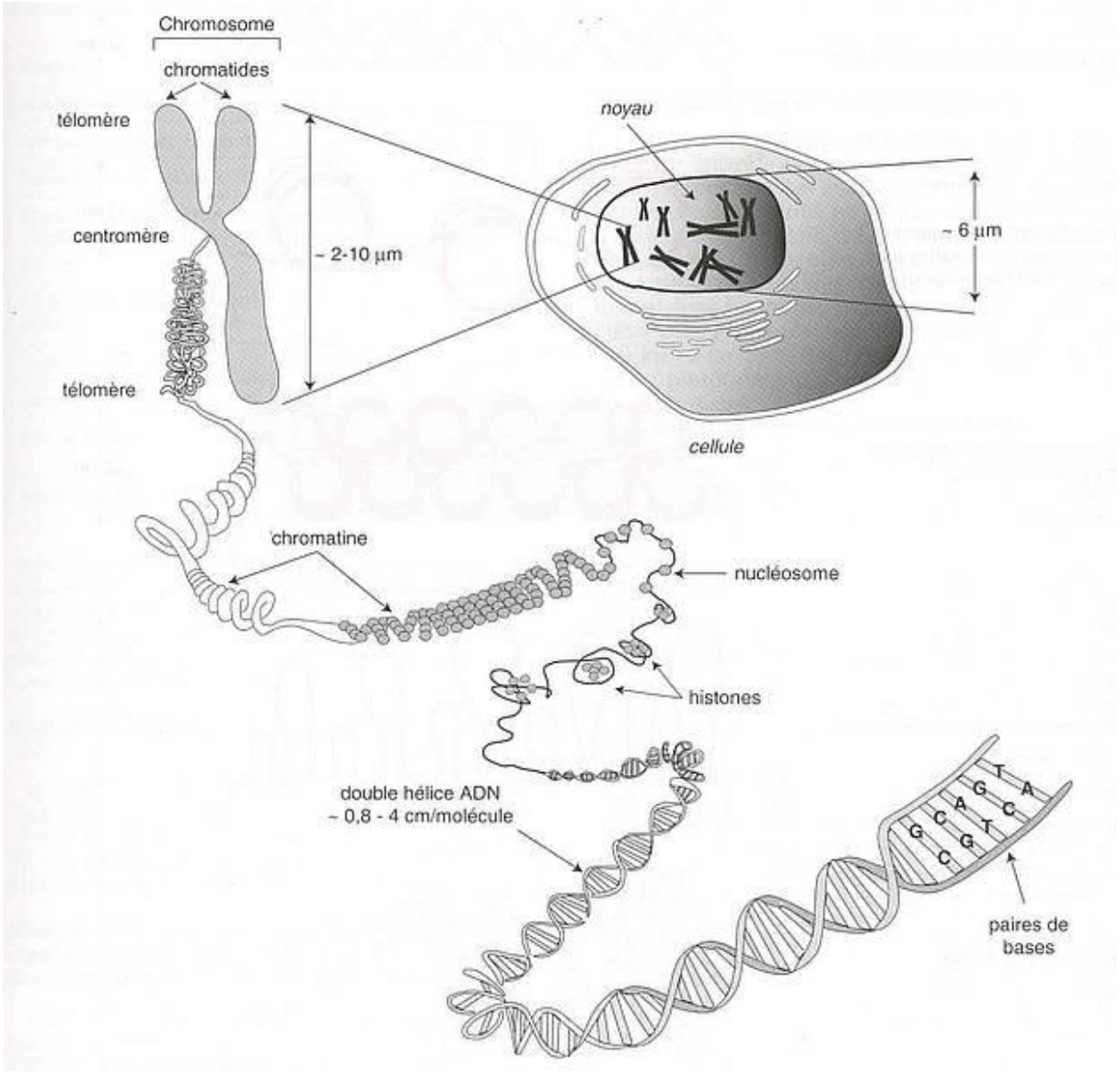


Figure 2 : Situation de l'ADN [23]

L'ADN est composé de séquences de nucléotides ; on parle de polymère de nucléotides, ou encore de polynucléotides. Chaque nucléotide est constitué de trois éléments liés entre eux [24] : un groupe phosphate lié à un sucre, le désoxyribose, lui-même lié à une base

azotée. Il existe quatre bases azotées différentes que sont l'adénine, la cytosine, la guanine et la thymine.

Ces quatre bases azotées assurent la variabilité de la molécule d'ADN, ainsi que la complémentarité des deux brins (confer figure 2). Les bases azotées sont complémentaires deux à deux (figure 3), une purique, l'adénine (A) ou la guanine (G) s'associant toujours à une pyrimidique, la cytosine (C) ou la thymine (T). Les bases azotées complémentaires sont reliées entre-elles par des liaisons hydrogène.

L'ADN est donc composé de deux brins se faisant face, et formant une double hélice [24]. En face d'une adénine, il y a toujours une thymine ; en face d'une cytosine, il y a toujours une guanine.

Les deux brins antiparallèles d'ADN sont étroitement reliés entre eux par des liaisons hydrogène (également appelées « ponts hydrogènes » ou encore simplement « liaisons H » ou « ponts H »), formées entre les bases complémentaires A-T et G-C.

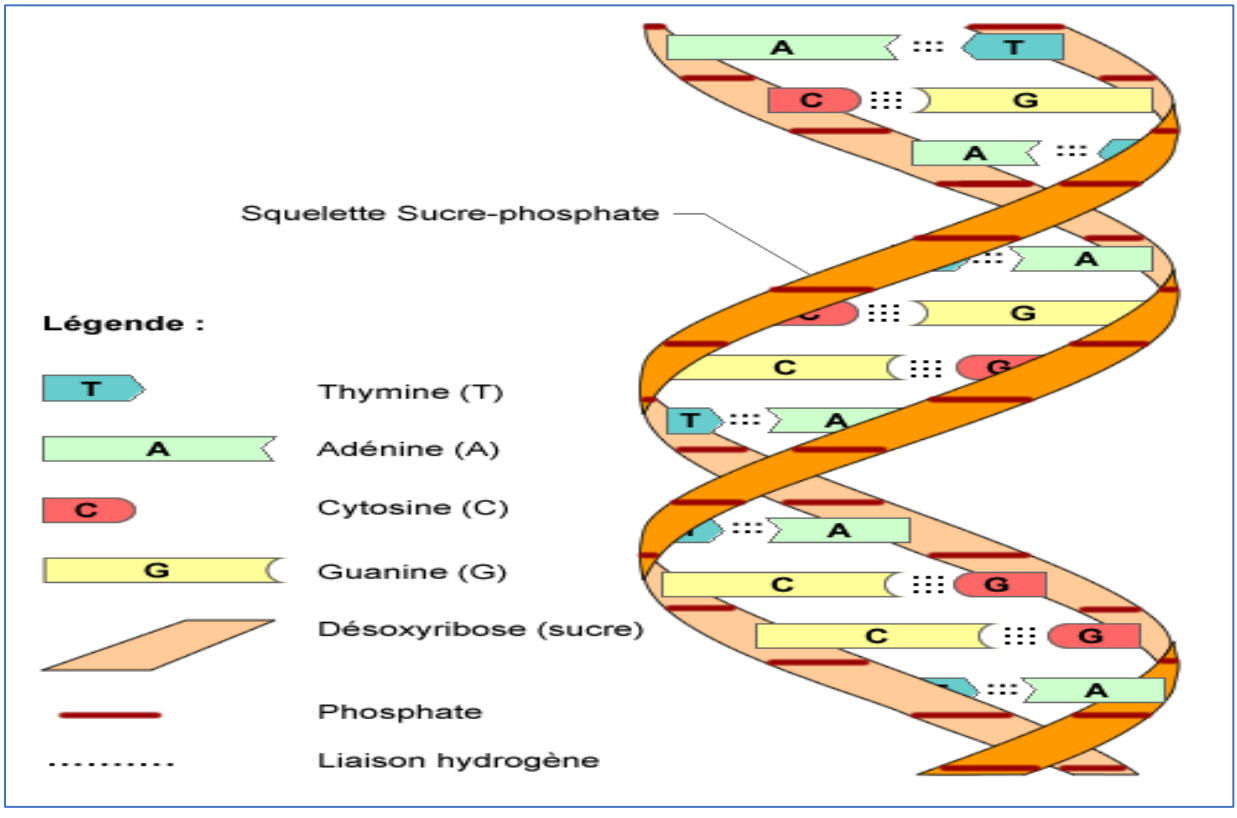


Figure 3 : Structure de l'ADN montrant les détails d'une double hélice [24]

Grâce à l'alternance des 4 bases azotées A, C, T, G, toutes ces séquences constituent un message codé, portant les informations génétiques. En effet, l'ordre, la nature, et le nombre de nucléotides déterminent l'information génétique. Le lien entre l'information génétique, et les caractères de l'organisme (le phénotype), est gouverné par le code génétique [24].

Un gène correspond à une région de l'ADN qui code la biosynthèse d'une protéine : « un gène, une protéine ». Cependant, les cellules n'expriment pas tous les gènes qu'elles possèdent. Pour leur simple survie, elles doivent exprimer au minimum les gènes codant les protéines nécessaires au fonctionnement de la cellule (protéines d'entretien ou de ménage).

Sur la longue molécule d'ADN, support de l'hérédité, on distingue des régions qui codent pour des protéines (les gènes) et d'autres régions non codantes. Dans ces dernières, il existe des régions appelées microsatellites qui sont constituées de répétitions de séquences de 2, 3 ou 4 nucléotides. On estime entre 50 000 à 100 000 le nombre de microsatellites dans le génome.

1.2.2. Polymorphisme de l'ADN

Un grand pourcentage de l'ADN, soit environ plus de 99 %, est semblable chez les êtres humains, mais seulement 1 à 2 % est traduit. En effet, une bonne partie du génome humain est constitué de séquences non traduites, connues sous le terme d'ADN poubelle.

La plus grande partie de cet ADN, dont on ne connait pas la fonction précise, est formée d'unités répétitives, c'est-à-dire de séquences identiques, d'un nombre variable de paires de base, qui sont propres à la personne [25].

Un marqueur génétique est défini par plusieurs critères :

- Sa transmission héréditaire ;
- Son caractère stable au cours de la vie d'un individu ;
- Son taux d'hétérozygotie ;
- Son grand polymorphisme ;
- Son pouvoir de discrimination [25].

Dans la pratique, comme seulement quelques fragments, concrètement les plus polymorphes. Il existe une multitude de types de polymorphisme, mais ceux utilisés habituellement en analyse légale sont les polymorphismes de longueur [25].

C'est au niveau des régions non codantes que se trouvent des différences de séquences définissant les polymorphismes inter-individus. Les régions polymorphes sont des séquences variables sur des loci (pluriel de locus) précis du génome. Ces variations définissent les allèles qui, une fois combinés, constituent l'empreinte génétique d'un individu [26].

Deux principaux types de polymorphismes se distinguent [25] :

- Le polymorphisme de séquence, portant sur un seul nucléotide ou les SNP bases dans la séquence du génome. Sur la totalité des polymorphismes rencontrés dans le génome humain. Les SNP représentent environ 90%.
- Le polymorphisme de longueur, se déclinant en mini, micro et macro-satellites.

    - Macro-satellites

Les motifs répétés sont ici très longs, équivalents à plusieurs centaines de kilobases. Ils sont généralement localisés dans les régions centromères. Leur taille importante ne permet pas une amplification par PCR.

Par conséquent, l'analyse de ces marqueurs génétiques n'est pas utilisée, par manque de sensibilité sur les résultats obtenus.

- Minisatellites ou Variable Number of Tandem Repeats (VNTR)

Les minisatellites sont des séquences répétées de plusieurs milliers de bases. Leur localisation est principalement télomérique. Du fait de leur longueur, et de même que pour les macro satellites, ce type de polymorphisme n'a pas d'utilité dans les tests d'empreintes génétique.

- Microsatellites ou STR

Les Short Tandem Repeats (STR) sont des répétitions qui peuvent atteindre 100 pb de longueur. L'exceptionnel pouvoir discriminant des marqueurs microsatellites leur a permis

de conquérir de nombreux domaines comme la médecine légale, la génétique des populations ou encore la biologie de la conservation.

Ils constituent une riche source de marqueurs hautement polymorphes et sont par conséquent, devenus les marqueurs de choix pour l'identification humaine [27].

Il est hautement improbable que, mis à part les jumeaux identiques, deux personnes présentent le même profil génétique, compte tenu du nombre de marqueurs utilisés [27].

I.2.3. Méthodes d'analyse du génome

Il existe de nombreuses méthodes d'étude du génome. La plupart sont basés sur le principe de complémentarité du duplex d'ADN. Parmi ces méthodes, on peut citer, la PCR, le séquençage de Sanger, le séquençage de nouvelle génération et autres. Nous allons décrire la technique d'étude des microsatellites. Les méthodes d'étude des microsatellites sont reproductibles, automatisables et très précises, donc fiables et efficaces. Les techniques de biologie moléculaire mises en œuvre permettent d'effectuer les étapes indispensables à l'analyse [23].

- **Première étape : extraction de l'ADN**

L'ADN peut être extrait à partir de toute cellule nuclée comme les globules blancs du sang, les cellules du frottis oral, de la racine des cheveux entre autres. Cependant, la prise de sang est la technique la plus utilisée pour obtenir de l'ADN, car elle offre un bon compromis entre facilité du prélèvement, fiabilité de l'échantillon et automatisation des résultats [24,28].

Cet ADN peut être conservé plusieurs années et être réutilisé pour d'autres études. L'extraction est une technique permettant d'isoler l'ADN des cellules ou des tissus. Il existe plusieurs procédés d'extraction d'ADN, certains sont automatiques et la plupart, manuels. Parmi les techniques manuelles, citons celle au phénol-chloroforme, qui est le gold standard, car il donne un rendement satisfaisant pour un matériel génétique de bonne qualité.

Le procédé classique est l'extraction par le couple phénol-chloroforme. Le phénol est un excellent agent dénaturant des protéines ; il permet de séparer efficacement les protéines et

les acides nucléiques. Il est ensuite éliminé par l'extraction avec du chloroforme (non miscible avec l'eau).

La séparation des phases aqueuse et organique, peut se faire par centrifugation. La phase aqueuse contient les acides nucléiques. Des traitements par des agents clivant les protéines (protéolyse) peuvent être nécessaires.

Les acides nucléiques peuvent être finalement récupérés sous forme solide à la suite de précipitation par l'alcool éthylique ou par l'alcool isopropylique [29].

L'ADN ainsi extrait peut ensuite être utilisé pour des recherches de biologie moléculaire, telles que le séquençage, la PCR ou le clonage. Il existe différents protocoles pour extraire l'ADN, qui suivent approximativement le même schéma de principe :

- **Deuxième étape : contrôle de l'extraction par dosage de la concentration d'ADN (quantification)**

Une fois que l'ADN a été isolé et préparé, il faut déterminer la quantité avec laquelle travailler, avant de pouvoir l'utiliser pour un test de PCR ou de séquençage. Il existe plusieurs méthodes pour quantifier l'ADN, parmi lesquelles les plus couramment utilisées sont l'absorbance UV et la fluorescence. La méthode d'absorbance des rayons UV est largement utilisée pour quantifier l'ADN en raison de sa rapidité, de sa simplicité et de sa capacité à fournir des informations sur la qualité de l'échantillon. L'absorbance est mesurée à 260/280 nm 280nm et le rapport permet d'apprécier la quantité et la qualité du matériel génétique [30,31].

- **Troisième étape : amplification des microsatellites de l'ADN par PCR**

La réaction de polymérisation en chaîne ou Polymerase Chain Reaction (PCR) est une technique de biologie moléculaire assurant l'amplification in vitro d'un fragment d'ADN jusqu'à un milliard de fois [32] .

Cette technique peut s'apparenter à une "photocopie" en un très grand nombre d'exemplaires d'un fragment d'ADN contenant les microsatellites à analyser.

La taille de l'amplifiat varie en fonction du nombre de répétitions de séquences de nucléotides. À chaque taille possible, correspond un allèle du microsatellite [33].

Principe

La PCR est basée sur le mécanisme de réplication de l'ADN in vivo : l'ADN bicaténaire est déroulé en ADN monocaténaire, puis dupliqué et réenroulé, selon des cycles répétitifs comprenant les trois étapes suivantes [34] :

- **Dénaturation** de l'ADN par fusion à haute température pour convertir l'ADN bicaténaire en ADN monocaténaire. Cette étape est réalisée à une température comprise entre 93 et 96°C.
- **Hybridation** à l'ADN cible de deux oligonucléotides utilisés comme amorces. Cette hybridation a lieu à une température comprise entre 55 et 65°C.
- **Elongation ou extension** de la chaine d'ADN par addition de nucléotides à partir des amorces, en utilisant l'ADN polymérase comme catalyseur en présence d'ions Mg2+. La température optimale de travail de l'ADN polymérase est de 72°C.

Théoriquement, après 20 cycles PCR, en supposant une efficacité de 100% de la PCR, il y aura une amplification d'un facteur de la séquence d'ADN cible initiale, soit 1 048 576 copies de la matrice initiale. On comprend qu'on atteint là des sommets jusqu'alors inégalés en manière de puissance de détection. Dans la pratique, on considère qu'un protocole PCR de 35 à 40 cycles d'amplification permet d'obtenir entre 100 000 et 1 000 000 de copies d'une séquence d'ADN cible [34].

Automatisation

Le développement des blocs de température qui peuvent augmenter et abaisser rapidement leur température de matière automatisée et programmée : thermocycleurs ou machines PCR (chauffages et refroidissement par fluides, résistances électriques ou semi-conducteurs) [34].

- **Acteurs**

Les acteurs de la PCR sont :

- **L'ADN**

Avant la réaction de PCR, l'ADN est extrait à partir de l'échantillon que l'on veut analyser (salive, cheveux, cellules, fossile, entre autres). Puis, cet extrait purifié en ADN, contenant le fragment d'ADN que l'on souhaite amplifier, peut être utilisé en PCR.

- **Les deux amorces**

Ce sont des fragments courts d'ADN, capables de s'hybrider de façon spécifique, grâce à la complémentarité des bases, sur l'un des deux brins d'ADN. Les amorces sont choisies de façon à encadrer la séquence d'ADN à amplifier.

- **Les Désoxyribo-Nucléotides-Tri-Phosphates (dATP, dCTP, dGTP, dTTP)**

Les dNTPs (Désoxyribonucléotides-Tri-Phosphates) sont des molécules de base, qui constituent l'ADN, utilisés par la Taq polymérase pour la synthèse du nouveau brin d'ADN complémentaire.

- **L'enzyme Taq polymérase**

L'enzyme utilisée est une polymérase, elle peut synthétiser un nouveau brin d'ADN à partir du brin d'ADN matrice après s'être fixée à une amorce.

- **Le milieu réactionnel**

Le milieu réactionnel de la PCR comporte l'ADN à amplifier, les dNTPs, les deux amorces, la Taq polymérase, un tampon et des ions magnésium ($MgCl_2$). Ces deux derniers composants définissent un milieu avec un pH optimal et une concentration saline optimale pour le bon fonctionnement de l'enzyme [33].

La réaction de PCR est schématisée par la figure 4.

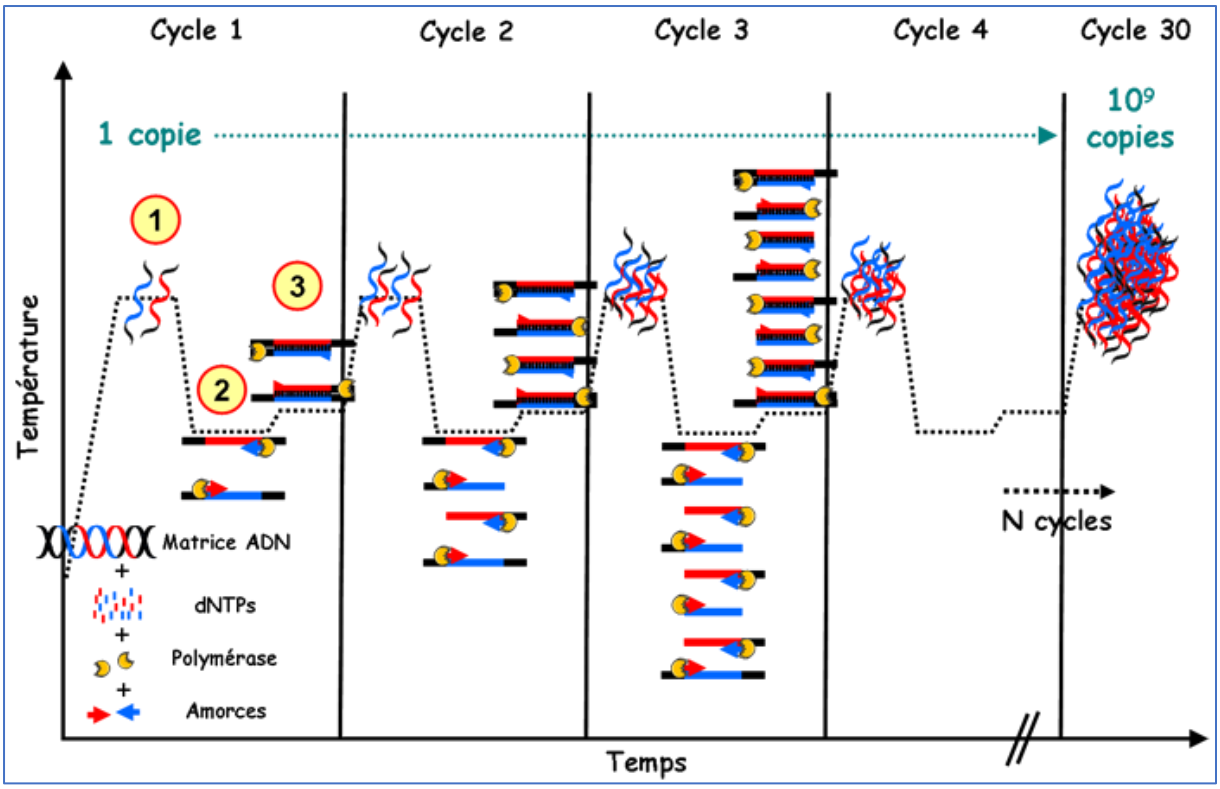


Figure 4 : Schéma de la réaction de PCR [33]

- **Quatrième étape : séparation des différents allèles par électrophorèse capillaire**

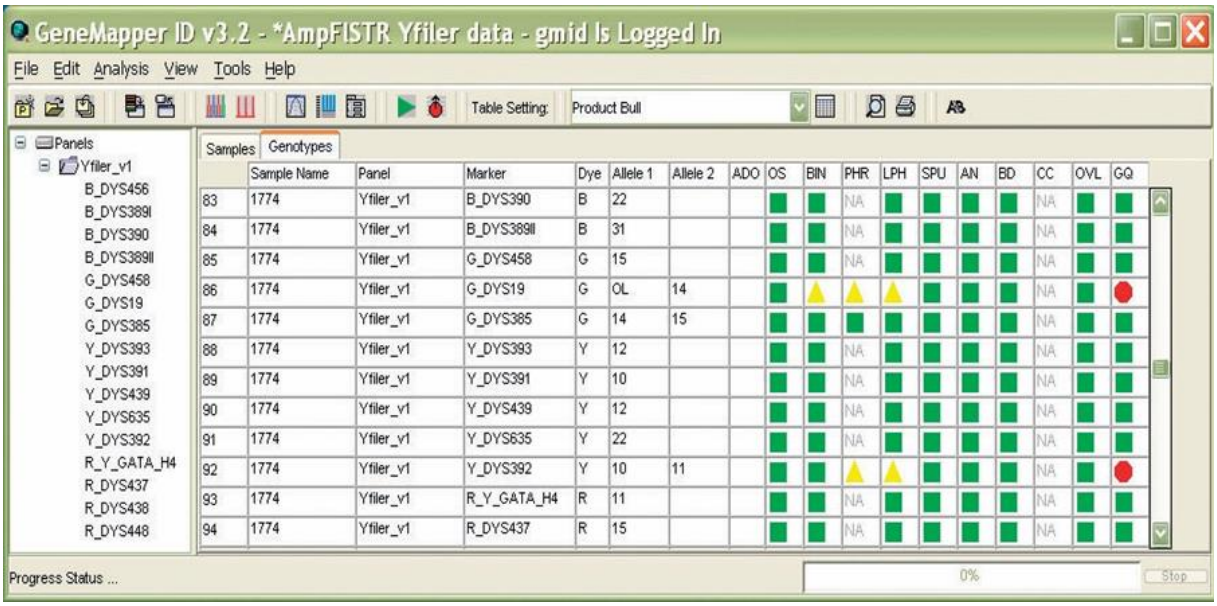
Ces amplifiats sont séparés en fonction de leur taille. Toutes les données sont intégrées par un ordinateur muni d'un logiciel d'analyse.

- **Cinquième étape : génotypage, analyse et interprétation**

Cette étape se fait par un Analyseur Génétique ABI Prism 310 (figure 5). Les informations sont ensuite transmises à un ordinateur qui les collecte et les fait traiter/analyser par un logiciel spécifique, le Gene Mapper ID V 3.2 (figure 6). Le manipulateur s'occupe, par la suite, de l'interprétation.



Figure 5 : Image du ABI Prism 310 [35]



	Sample Name	Panel	Marker	Dye	Allele 1	Allele 2	ADO	OS	BIN	PHR	LPH	SPU	AN	BD	CC	OVL	GQ
83	1774	Yfiler_v1	B_DYS390	B	22					NA					NA		
84	1774	Yfiler_v1	B_DYS389II	B	31					NA					NA		
85	1774	Yfiler_v1	G_DYS458	G	15					NA					NA		
86	1774	Yfiler_v1	G_DYS19	G	OL	14									NA		
87	1774	Yfiler_v1	G_DYS385	G	14	15									NA		
88	1774	Yfiler_v1	Y_DYS393	Y	12					NA					NA		
89	1774	Yfiler_v1	Y_DYS391	Y	10					NA					NA		
90	1774	Yfiler_v1	Y_DYS439	Y	12					NA					NA		
91	1774	Yfiler_v1	Y_DYS635	Y	22					NA					NA		
92	1774	Yfiler_v1	Y_DYS392	Y	10	11									NA		
93	1774	Yfiler_v1	R_Y_GATA_H4	R	11					NA					NA		
94	1774	Yfiler_v1	R_DYS437	R	15					NA					NA		

Figure 6 : Image de l'interface du GENE MAPPER ID V 3.2. [36]

I.3. MICROSATELLITES OU SHORT TANDEM REPEATS (STR)

I.3.1. Description des STR

Les STR (ou microsatellites ou répétitions de séquences simples) sont de courtes séquences d'ADN répétées en tandem qui impliquent une unité répétitive de 1 à 6 pb (paire de base), formant des séries d'une longueur allant jusqu'à 100 nucléotides (nt) [3].

Les STR sont très fréquents sur le génome humain. Ils apparaissent de manière dispersée, plus ou moins uniformément dans tout le génome humain ; représentant environ 3 % du génome total [3]. Cependant, leur répartition au sein des chromosomes n'est pas tout à fait uniforme. La grande majorité des STR se trouvent dans les régions non codantes, alors que seulement environ 8 % d'entre eux se trouvent dans les régions codantes. Par ailleurs, leurs densités varient légèrement selon les chromosomes. En moyenne, un STR se produit pour 2000 pb dans le génome humain. Le locus STR est nommé, par exemple, D3S1266, où D représente l'ADN, 3 signifie le chromosome 3 sur lequel se situe le locus STR, S représente STR et 1266 est l'identifiant unique.

1.3.2. Types de STR

On distingue deux types de STR : les STR des chromosomes sexuels et les STR autosomiques.

- **STR des chromosomes sexuels**

Tandis qu'un STR autosomique fait référence à un marqueur sur « un chromosome non impliqué dans la détermination du sexe », un STR du chromosome X (X-STR) est « le marqueur trouvé sur le chromosome X qui peut parfois être utile pour aborder l'analyse de parenté » [37] . L'utilisation du profilage ADN des X-STR est jugée importante pour compléter le profilage ADN des STR autosomiques, en particulier dans les cas complexes de parenté (en situation complexes (personnes disparues et de catastrophes de masse par exemple) ce qui permet d'obtenir des résultats de STR autosomiques peu concluants ou moins informatifs. En effet, les marqueurs STR situés sur le chromosome X contiennent des informations génétiques des deux sexes avec un mode de transmission unique. En revanche, le chromosome Y [38] et l'ADN mitochondrial (ADNmt) ne contiennent respectivement que des informations génétiques provenant de la lignée masculine et féminine [37]. Reconnaissant les applications potentielles des marqueurs X-STR dans les enquêtes médico-légales, des chercheurs ont établi un résumé comprenant des tests de paternité en trios et en duos, des tests de parenté complexes incluant une paternité déficiente, des cas incestueux reliant des parentés ayant des liens de sang et des tests de

maternité. Il a été indiqué que l'analyse X-STR peut identifier l'ADN féminin dans le mélange d'expositions masculines et féminines (par exemple la coloration mixte du sperme et des ongles) plus efficacement que celui des STR autosomiques, considérant que « les allèles » féminins ne peuvent être complètement inclus dans la composante mâle si par hasard, une femme est homozygote à tous les loci. De plus, l'analyse X-STR peut potentiellement fournir des informations sur des anomalies génétiques telles que le syndrome de Klinefelter et le syndrome d'Ullrich-Turner, qui peuvent être utilisés comme renseignements médico-légaux pour affiner la recherche d'individus en l'absence de profils ADN de comparaison [37].

- **STR autosomiques**

Ce sont eux qui nous intéressent dans ce travail. Selon le laboratoire, différents nombres sont utilisés allant de 7 à 24. Ceux utilisés lors de l'élaboration de ce travail sont au nombre de 15 à savoir D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D5S818 et FGA (confer figure 7).

Locus Designation	Chromosome Location	Alleles included in Identifiler® Allelic Ladder
D8S1179	8	8-19
D21S11	21q11.2-q21	24, 24.2, 25-28, 28.2, 29, 29.2, 30, 30.2, 31, 31.2, 32, 32.2, 33, 33.2, 34, 34.2, 35, 35.2, 36-38
D7S820	7q11.21-22	6-15
CSF1P0	5q33.3-34	6-15
D3S1358	3p	12-19
TH01	11p15.5	4-9, 9.3, 10, 11, 13.3
D13S317	13q22-31	8-15
D16S539	16q24-qter	5, 8-15
D2S1338	2q35-37.1	15-28
D19S433	19q12-13.1	9-12, 12.2, 13, 13.2, 14, 14.2, 15, 15.2, 16, 16.2, 17, 17.2
vWA	12p12-pter	11-24
TPOX	2p23-2per	6-13
D18S51	18q21.3	7, 9, 10, 10.2, 11-13, 13.2, 14, 14.2, 15-27
Amelogenin	X: p22.1-22.3 Y: p11.2	X, Y
D5S818	5q21-31	7-16
FGA	4q28	17-26, 26.2, 27-30, 30.2, 31.2, 32.2, 33.2, 42.2, 43.2, 44.2, 45.2, 46.2, 47.2, 48.2, 50.2, 51.2

Figure 7 : Kit d'identification des STR inclus dans le kit d'amplification PCR AmpFlSTR Identifiler, co-amplifiés et analysés simultanément par électrophorèse capillaire ou sur gel avec les systèmes ABI PRISM montrant la séquence standard des 15 STR [39].

I.3.3. Moyens d'étude des STR

Les STR sont étudiés à partir de deux moyens : la PCR et le séquençage.

Ils ont été détaillés plus haut (I.2.3. Méthodes d'analyse du génome).

I.3.4. Classification des STR

Sur la base de différentes unités répétitives, les STR sont classés en différents types :

- D'une part, selon la longueur de l'unité de répétition majeure, les STR sont classés en répétitions mono, di, tri, tétra, penta et hexa nucléotidique.

  Le nombre total de chacun des types, diminue à mesure que la taille de l'unité de répétition augmente. Les STR les plus courants dans le génome humain sont les répétitions de dinucléotides.
- De l'autre part, selon la structure des répétitions, les STR sont classés en répétitions parfaites (répétitions simples), contenant une seule unité répétitive, et en répétitions imparfaites (répétitions composées), constituées de répétitions de composition différente.

I.3.5. Caractéristiques des STR

Les microsatellites sont hypervariables ; sur un locus, ils montrent souvent des dizaines d'allèles différents l'un de l'autre dans le nombre de répétitions. Ils ont une taille relativement petite et, par conséquent, sont facilement amplifiés par PCR [40]. Des milliers de microsatellites polymorphes ont été caractérisés dans l'ADN humain [27].

Les STR présentent donc deux propriétés qui en font des marqueurs d'empreintes génétiques fort utiles :

- il en existe de nombreuses variations possibles dans la population ;
- il est facile d'identifier les variations présentes dans un échantillon donné d'ADN à l'aide des techniques permettant d'en déterminer la longueur.

Les STR sont des marqueurs particulièrement puissants. En effet, ils sont très abondants dans le génome humain et hautement informatifs, parce qu'ils présentent de nombreux allèles, certains avec une distribution géographique spécifique. Ils sont, de plus, faciles à identifier et à interpréter par PCR.

I.3.6. Nomenclature des STR

La nomenclature des loci STR étudiés dans les profils génétiques, est construite de manière très spécifique (figure 8) :

- La première lettre, le D, est l'abréviation de DNA (ADN) ;
- Le second élément est le numéro du chromosome portant la séquence ;
- La lettre en troisième position définit la géolocalisation précise sur le chromosome : S pour une séquence d'ADN unique, Z pour une localisation multiple sur un même chromosome, ou F pour une localisation multiple sur des chromosomes homologues ;
- Le dernier nombre confère un caractère unique au locus mais n'apporte aucune information sur la portion chromosomique concernée. Certains loci ne suivent pas cette nomenclature et leur dénomination correspond à un sigle inventé par l'équipe l'ayant découvert [25].

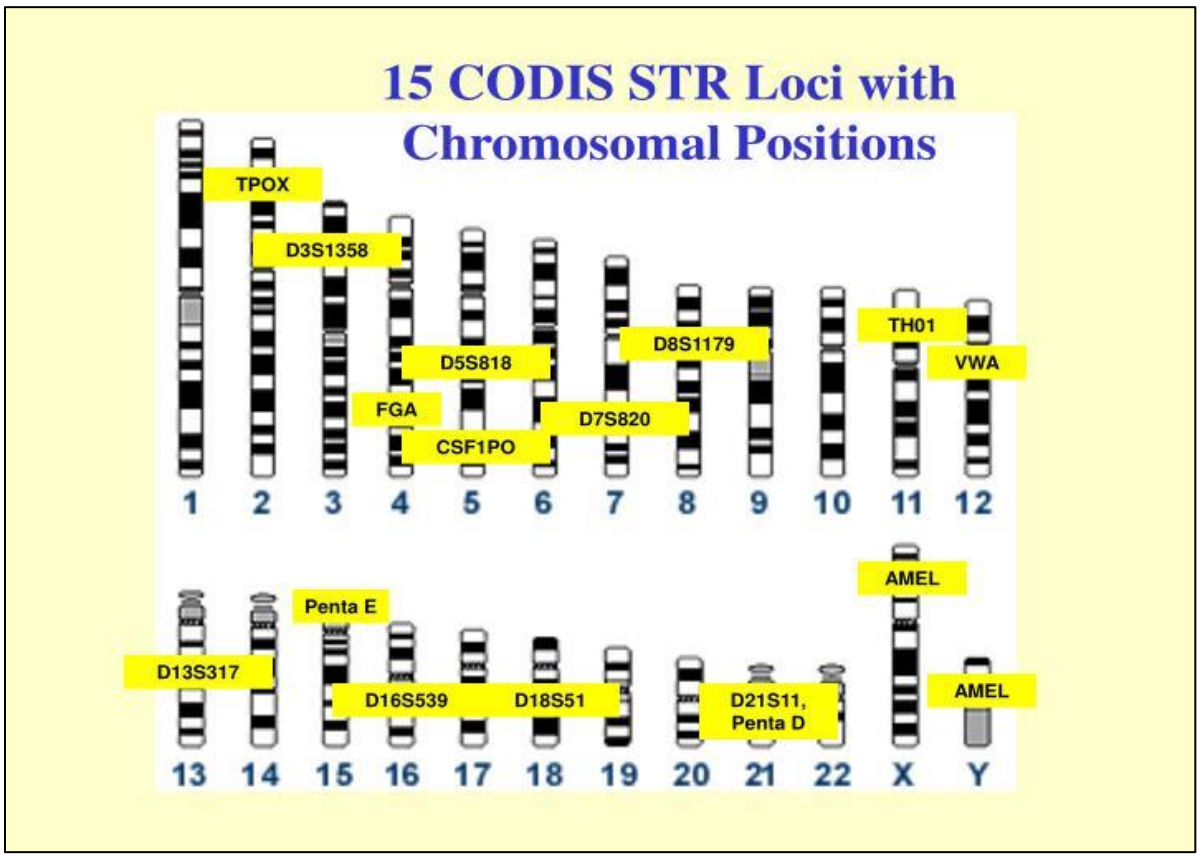


Figure 8 : 15 STR en position sur leurs chromosomes en format de Caryotype [41]

I.3.7. Utilités des STR

Les STR ont des propriétés telles que l'abondance, la codominance, le polymorphisme et la neutralité (ils sont presque sélectivement neutres). En outre, les STR contiennent des fragments d'ADN suffisamment petits pour être amplifiés par PCR et séparés dans un milieu à haute résolution [4].

Avec la disponibilité de nouvelles technologies, telles que les séquenceurs capillaires à haut débit ou de spectrographie de masse, le dimensionnement des allèles est rendu plus aisé dans l'analyse des STR, qui sont largement utilisés dans la recherche scientifique et appliquée.

Les STR sont extrêmement utiles dans des applications telles que :

1) la construction de cartes génétiques ;
2) la localisation des gènes ;
3) L'analyse des liaisons génétiques (entre populations de différentes régions, ainsi que la route de migration des peuples anciens) ;
4) l'identification des individus (empreinte digitale) ;
5) le diagnostic des maladies (la médecine prédictive) ;
6) la reconstruction de l'histoire de la migration et de l'évolution des espèces [4] ;
7) l'évaluation de la diversité biologique à différents niveaux d'organisation biologique ;
8) les tests de paternité ;
9) la génétique des populations.

Néanmoins, l'application des STR à la génétique des populations nécessite une compréhension plus détaillée du processus de mutation des STR [4].

Le taux de mutation des STR est très élevé : les séquences d'ADN uniques dans un génome présentent un taux de mutation très faible (environ 10 à 9 nt par génération), alors que les taux de mutation dans les séquences STR sont de plusieurs ordres de grandeur plus élevés, pouvant aller de 10^{-6} à 10^{-2} nt par génération. Il existe apparemment une grande variation des taux de mutation entre les locus. Une étude a montré que dans les loci STR humains

non pathogènes, les répétitions de dinucléotides affichent le taux de mutation le plus élevé, tandis que celles des STR tétra nucléotidiques sont de 50 % inférieures en termes de mutation. Néanmoins, les taux de mutation des répétitions tri nucléotidiques associées à une maladie dépassent de quatre à sept fois la valeur normale [4].

La différence de taille entre deux allèles STR différents peut être informative : plus la différence est grande, plus le nombre d'événements de mutation est élevé. Il existe donc une « mémoire » des événements de mutation passés.

Autrement dit, lorsqu'une mutation se produit, le nouveau mutant est lié à l'allèle dont il est issu. La prévalence de différents événements mutationnels peut varier considérablement d'un groupe à l'autre. Ainsi, ignorer la possibilité que le même type allélique trouvé chez différents individus ou population, puisse être dérivé de différents processus évolutifs, pourrait conduire à des estimations biaisées de la structure génétique.

Par conséquent, il est très important de connaître en détail le processus de mutation des STR avant de les appliquer aux études de génétique des populations [4,42].

À l'heure actuelle, les loci STR sont utilisés pour révéler les relations entre les populations de différentes régions, ainsi que la route de migration des peuples anciens.

I.3.8. Études sur les STR en Afrique

La revue de littérature nous a permis de trouver quelques études similaires.

- En 2002, Gonçalves et al., ont étudié un échantillon de 100 hommes non apparentés, en bonne santé, en Guinée-Bissau, saisi pour 15 STR. Ces hommes ont été soumis à un entretien afin de recueillir leur consentement éclairé et de vérifier leur origine ethnique. En fonction de leurs groupes ethniques, les sujets ont été codés comme suit : Bijago´s (de l'archipel de Bijago), Balanta, Felupe, Mansonca, Susso et Mandinga.

  Les résultats montraient qu'il n'y avait pas de différences significatives sur les fréquences alléliques entre les différents groupes ethniques, ce qui était attendu en raison de la petite taille de l'échantillon pour chaque groupe.

  La population guinéenne était en équilibre de Hardy-Weinberg pour tous les loci. Elle a présenté des différences significatives par rapport aux Afro-américains aux loci D21S11,

Penta E, CSF1PO, Penta D et TPO, et aux Mozambicains aux loci D3S1358, D21S11, CSF1PO D8S1179, FGA, TH01 et TPO (dans tous les cas, un test G, utilisant la méthode de Fisher, $p < 0,01$).

Il existait néanmoins des caractéristiques intéressantes liées à des allèles spécifiques qui n'ont pas été rapportées dans une enquête au Mozambique mais qui apparaissent dans les espèces caucasoïdes ou nord-africaines. Tel était le cas de l'allèle 13 de D3S1358 et de l'allèle 29.2 de D21S11, qui ont été rapportés avec une faible fréquence chez les individus caucasoïdes des États-Unis et les Berbères, mais pas au Mozambique ou chez les Afro-américains. En Guinée-Bissau, le premier allèle a été trouvé exclusivement chez deux groupes ethniques, les Bijago et les Felupe et le dernier chez les Bijago et les Beafadas. L'allèle 7 de D7S820, apparu chez les Susso de Guinée-Bissau, n'a pas été signalé au Mozambique, mais chez les caucasoïdes. L'allèle 12 de VWA est apparu chez les Mandingues et les Peuls, deux groupes ethniques connus pour être historiquement liés aux Nord-Africains. Il est absent chez les autres Africains mais est apparu dans les populations de Madère et des Açores.

Enfin, l'allèle 21 de VWA a été trouvé chez les Mandingues et les Bijago, absent dans d'autres populations africaines. Il apparait au Maroc, aux Açores et chez d'autres caucasoïdes. Les nouveaux systèmes Penta E et Penta D inclus dans le kit Promega se sont révélés être de bons marqueurs pour les tests de paternité (PD ¼ 0 : 983 et 0,969, respectivement) [10].

- En 2007, El Ossmani et al., ont étudié la population arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer, à travers un échantillon de prélèvements sanguins de 387 individus arabophones adultes sains, non apparentés et dont les 4 grands-parents sont nés dans la même région. Ces individus ont été recrutés sur la base d'une enquête linguistique réalisée sur le terrain. Un entretien préalable avec les individus avait permis de confirmer une répartition homogène de leurs origines sur l'ensemble de la région.

  Les critères de sélection des systèmes génétiques ont pris en compte : (i) l'étendue de leur polymorphisme conditionnant leur capacité à différencier les populations humaines entre

elles, (ii) la connaissance validée de leur modalité de transmission génétique, (iii) l'action éventuelle de la sélection naturelle sur certains d'entre eux, (iv) la possibilité de mettre en œuvre des méthodes d'exploration validées et maîtrisées, et enfin (v) l'existence de données bibliographiques "exploitables" pour de nombreuses populations en vue de comparaison. L'association de nouveaux systèmes génétiques afin d'évaluer leurs possibilités d'utilisation en anthropologie génétique, a été faite dans le cas des 15 STR du kit Identifiler de l'étude (TPOX, D3S1358, FGA, D5S818, CSF1PO, D7S820, D8S1179, TH01, VWA, D13S317, D16S539, D18S51 et D21S11).

Les résultats montraient une population génétiquement très diversifiée avec des hétérozygoties allant de 0,672 pour les loci D5S818 et TPOX, à 0,879 au niveau du locus D2S1338. La population étudiée était présente en équilibre de Hardy-Weinberg pour tous les loci, à l'exception des deux loci D16S539 et FGA dont la divergence constatée par rapport à l'état d'équilibre s'est révélée significative, même après l'application de la correction de Bonferroni.

Les loci D18S51et D21S11 étaient les plus polymorphes avec 13 allèles. En effet, ces deux loci présentaient les pouvoirs discriminants les plus forts, soit respectivement 0,961 et 0,948. L'allèle qui présentait la fréquence la plus élevée (0,419) a été rencontré au niveau du locus D5S818 (12 répétitions). Ce locus a par ailleurs présenté le pouvoir d'exclusion le plus faible à côté du locus TPOX (0,387). En effet, les nombres d'allèles au niveau de ces deux loci étaient respectivement de 7 et 8.

Ces résultats confirmaient le potentiel discriminant important de ces marqueurs, avec une valeur importante au niveau du système D18S51, concordant avec les résultats de Shepard et Herrara (2005), sortis d'une étude réalisée dans la population iranienne. Ceci témoigne de la fiabilité de l'usage de ces marqueurs, non pas seulement en matière d'identification des individus, mais surtout pour quantifier les affinités génétiques entre les populations humaines.

Il a été trouvé que 13 des 15 loci étudiés, ont montré une population en équilibre génétique. Cependant, la distribution des fréquences alléliques des loci D16S539 et FGA s'est présentée déviée de l'état d'équilibre [6].

- En 2020, Azonbakin et al., ont mené une étude portant sur un groupe de 251 personnes nées de parents béninois, enregistrées, à Cotonou, dans le Laboratoire d'Histologie, Biologie de la Reproduction, Cytogénétique et Génétique médicale (Unité de Biologie Humaine) de la Faculté des Sciences de la Santé de l'Université d'Abomey-Calavi. L'étude a eu lieu sur une population abordée dans le test de filiation, en bonne santé, sans aucun lien parental entre eux, originaires de toutes les régions du Bénin, sans distinction d'origine ethnique ou de langue.

  Les résultats montraient que l'allèle 12 avait la fréquence la plus élevée (0,452) au locus D13S317. La population béninoise s'est montrée très diversifiée avec des valeurs d'hétérozygotie allant de 0,63 au locus D13S317 à 0,89 au D2S1338. Le pouvoir d'exclusion des locus variait de 0,33 (pour le locus D13S317) à 0,78 (pour le locus D2S1338). Selon 9 des 15 loci étudiés (sauf D21S11, D7S820, D18S51, THO1, D5S818 et FGA), la population béninoise se situe en équilibre Hardy-Weinberg. Le locus D18S51 semblait être le plus polymorphe (26 allèles) et possédait le plus fort pouvoir discriminant (0,99),) ainsi que le contenu informatif du polymorphisme (0,92). Le locus D13S317 était le moins polymorphe (7 allèles) et possédait le plus faible pouvoir discriminant et le contenu informatif sur le polymorphisme respectivement à 0,75 et 0,63. Le pouvoir d'exclusion combiné des STR était de l'ordre de 0,9999 et le pouvoir de discrimination combiné était supérieur à 0,9999999999 [11].

- En 2023, Dahbi et al., ont caractérisé la population berbérophone du Souss (Maroc), basée sur les STR autosomiques. Dans cette étude, le système d'amplification PCR AmpFlSTR Identifiler a été utilisé pour établir les fréquences alléliques et les paramètres statistiques de 15 STR autosomiques chez 150 individus berbérophones non apparentés en bonne santé du Souss. Les relations génétiques entre le Souss (l'une des plus anciennes zones d'établissement humain d'Afrique du Nord situé au sud du Maroc), et d'autres populations

de référence, sur la base de l'ensemble de données recueillies, ainsi que des données de population précédemment publiées, ont été explorées. Les résultats montraient que dans la population berbérophone du Souss, un total de 210 allèles a été détecté pour ces 15 locus STR, avec des fréquences alléliques correspondantes allant de 0,003 à 0,367. Le locus le plus polymorphe était D18S51 avec 23 allèles et le moins polymorphe était D8S1179 avec 08 allèles. L'hétérozygotie observée de D5S818 et de CSF1PO s'est avérée faible, soit 0,687. Les autres loci STR ont montré des valeurs élevées allant de 0,707 pour D16S539 à 0,887 pour D8S1179. Grâce à la correction de Bonferroni, un écart significatif par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg a été détecté pour trois marqueurs : TH01, VWA et D18S51. Les valeurs les plus élevées de PIC et PD ont été observées au locus D18S51 (0,883 et 0,972, respectivement), tandis que les valeurs les plus faibles ont été observées au locus CSF1PO (0,700 et 0,889, respectivement). Les PM variaient de 0,028 au locus D18S51 à 0,111 au locus CSF1PO. Les valeurs les plus élevées de TPI et de PE observées au locus D8S1179 étaient respectivement de 4,412 et 0,768, tandis que les valeurs les plus basses des deux paramètres étaient respectivement de 1,596 et 0,408 aux locus D5S818 et CSF1PO. Les 15 STR testés présentaient un polymorphisme important avec des pouvoirs de discrimination élevés (PD > 0,890) et d'exclusion (PE > 0,400). Les valeurs combinées du pouvoir de discrimination (CPD) et du pouvoir combiné d'exclusion (CPE) étaient respectivement de 0,99999999999999998687 et 0,99999873. D'un point de vue médico-légal, cette étude a révélé un polymorphisme élevé des marqueurs sélectionnés (PIC ≥ 0,700), de sorte que l'utilisation combinée du 15 STR s'avère très efficace pour discriminer les individus (CPD > 99 %) et exclure une fausse paternité (CPE > 99%). Ces observations confortent la pertinence de ces 15 loci pour les cas médico-légaux dans la population du Souss, c'est-à-dire l'identification des personnes et l'évaluation de la paternité [8].

- En 2023, Lendoye et al., ont étudié les fréquences alléliques de 22 loci de répétitions courtes en tandem et schémas tri-alléliques de Penta D et TPOX identifiés dans la population gabonaise. Au total, 115 sujets non apparentés issus de 39 familles, ont été

inclus. Ont été examinés pour le test de paternité, 115 sujets non apparentés de 39 familles au DNA-LAB Gabon situé à Libreville. Ont été inclus 42 enfants, 39 pères présumés et 34 mères. Les fréquences alléliques des 22 loci STR ont été analysées. Les résultats ont révélé que sur les 22 STR testés, onze étaient hautement polymorphes, tandis que les autres loci avaient moins de dix allèles. Les loci les plus polymorphes étaient D21S11 (16 allèles) et FGA (17 allèles), tandis que les loci D3S1358 et TH01 étaient moins polymorphes, avec seulement cinq allèles chacun. Des écarts par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg ont été observés dans les loci TPOX, D3S1358, CSFPO et D7S820 [9].

I.4. CONCEPTS DE BASE EN GÉNÉTIQUE DE LA POPULATION

La revue de la littérature a permis de renseigner ces concepts [43–47].

I.4.1. Données des populations

Les calculs statistiques des ADN médico-légaux font appel à des modèles théoriques pour décrire les informations sur la population. Un modèle important en génétique des populations est le principe ou l'équilibre de Hardy-Weinberg, qui relie les fréquences alléliques aux fréquences génotypiques. La validation du modèle peut être effectuée en collectant des données auprès de divers groupes de population et en examinant ces données avec divers tests statistiques, pour évaluer la corrélation des données du monde réel avec le modèle de population.

Afin d'évaluer la fréquence ou la rareté d'un allèle particulier et d'une combinaison d'allèles, des données sont recueillies auprès de groupes représentatifs d'individus. Il est possible de gérer un petit sous-ensemble de la population et de prédire de manière fiable les fréquences des allèles et des génotypes dans l'ensemble de la population. La clé est de collecter des informations auprès d'un nombre suffisant d'individus pour estimer de manière fiable, la fréquence des allèles majeurs pour un locus génétique.

En abordant le sujet des problèmes de génétique des populations dans la criminalistique de l'ADN, Lander [48], de l'institut Whitehead de recherche biomédicale, a déclaré en 1989 que la détermination précise des fréquences des génotypes dépend de quatre hypothèses sous-jacentes :

1) La population correcte a été identifiée ;
2) L'échantillon est suffisamment grand pour que les fréquences observées représentent avec précision les véritables fréquences de la population ;
3) L'échantillon est véritablement sélectionné de manière aléatoire ;
4) La population est mélangée de manière homogène de sorte que chaque locus est dans l'équilibre de Hardy-Weinberg et les loci sont, ensemble en équilibre de liaison [46,47].

I.4.2. Génération d'une base de données ADN d'une population [45–48]

L'objectif principal de la génération d'une base de données de population est de trouver tous les allèles « communs » et d'échantillonner ces allèles plusieurs fois, afin d'estimer, de manière fiable, la fréquence des allèles présents dans la population considérée [42–45].
Les diverses notions évoquées ci-dessus seront utilisées lors de la réalisation de la présente étude basée sur les STR et appliquée à la génétique de la population béninoise. Cela permettra d'avoir une meilleure idée de la carte d'identité génétique de la population béninoise. Cette information qui pourrait s'avérer capitale pour une approche non seulement diagnostique, mais aussi thérapeutique plus efficace et plus adaptée, en particulier face à l'émergence de pathologies qui étaient par le passé peu fréquentes. On dénombre (en effet, de plus en plus précocement, de maladies héréditaires et congénitales) au sein de la population béninoise.

I.4.3. Définition des principaux indicateurs utilisés

Dans l'analyse des données génétiques de population, plusieurs indicateurs statistiques jouent un rôle essentiel pour évaluer la performance et l'informativité des marqueurs génétiques. On les identifie en particulier, dans des domaines comme la médecine légale, la médecine prédictive, les tests de paternité et la génétique des populations. Ces indicateurs permettent de déterminer dans quelle mesure les marqueurs peuvent distinguer des individus ou établir des relations biologiques [42,43].

Le pouvoir de discrimination (PD), introduit par Fisher en 1951, est un indicateur qui mesure la capacité d'un marqueur génétique à distinguer deux individus choisis au hasard

dans une population. Un PD élevé signifie que le marqueur est très informatif et qu'il est capable de différencier avec précision des individus génétiquement distincts. Ce concept est crucial en médecine légale, où l'objectif est d'identifier des individus à partir de leur ADN.

L'indice de paternité (PI), quant à lui, évalue la probabilité que les marqueurs génétiques d'un enfant soient compatibles avec ceux du père présumé, en le comparant à un homme aléatoire de la population. Cet indicateur est couramment utilisé dans les tests de paternité pour confirmer ou infirmer la relation biologique entre l'enfant et le père présumé.

Le pouvoir d'exclusion (PE) est un autre indicateur essentiel, utilisé principalement dans les tests de parenté. Il exprime la probabilité qu'un marqueur génétique puisse exclure un homme en tant que père biologique s'il ne l'est pas réellement. Un PE élevé signifie que le marqueur est efficace pour éliminer les faux pères.

Pour chacun de ces trois indicateurs – **PD, PI et PE** –, une version combinée peut être calculée lorsque plusieurs STR sont utilisés. Cela est fait en retranchant de I la multiplication (I-) des valeurs obtenues pour chaque locus, afin de tenir compte de l'ensemble des informations génétiques. Les versions combinées sont désignées par « pouvoir de discrimination combiné » (CPD), « pouvoir d'exclusion combiné » (CPE) et « indice de paternité combiné » (CPI). Ces versions combinées permettent de mieux évaluer la capacité globale d'un ensemble de marqueurs, à fournir des informations robustes et fiables.

En plus de ces indicateurs, les mesures d'**hétérozygotie observée** (Ho) et d'**hétérozygotie attendue** (He), sont largement utilisées pour quantifier la diversité génétique au sein d'une population. L'hétérozygotie observée (Ho) représente la proportion d'individus dans une population, qui sont hétérozygotes à un locus donné, c'est-à-dire ceux qui possèdent deux allèles différents. L'hétérozygotie attendue (He), en revanche, est la proportion d'hétérozygotes prévue selon la théorie de l'équilibre de Hardy-Weinberg, qui décrit la distribution des allèles dans une population idéale et stable (voir section suivante).

Le **Polymorphism Information Content (PIC)** est une mesure utilisée en génétique pour évaluer la diversité génétique d'un locus particulier au sein d'une population. Il permet de quantifier l'informativité d'un marqueur polymorphique, c'est-à-dire sa capacité à se différencier entre les différents génotypes présents dans une population donnée. Le PIC prend en compte à la fois le nombre d'allèles présents à un locus et la fréquence de ces allèles. Un PIC élevé indique qu'un locus est très polymorphe, avec de nombreux allèles répartis de manière relativement égale, ce qui en fait un marqueur génétique plus informatif pour des études de variation génétique, de sélection génomique ou de parenté.

En somme, ces indicateurs permettent d'obtenir une évaluation complète de la qualité des données ADN dans des études de population, offrant des mesures précises de la diversité génétique et de la fiabilité des conclusions tirées, que ce soit pour identifier des individus ou pour établir des liens biologiques entre eux.

I.4.4. Équilibre de Hardy-Weinberg

L'équilibre de Hardy-Weinberg est un principe fondamental en génétique des populations, qui décrit la manière dont les fréquences des allèles et des génotypes se comportent d'une génération à l'autre dans une population idéale. En 1908, Godfrey Harold Hardy et Wilhelm Weinberg, ont décrit indépendamment ce modèle qui repose sur l'hypothèse que, sous certaines conditions, les fréquences des allèles (versions alternatives d'un gène) et des génotypes (combinaisons spécifiques d'allèles chez un individu), restent constantes au fil des générations, sans c'est-à-dire qu'il n'y a pas de changement évolutif [18,41,45].

I.4.4.I. Conditions nécessaires pour l'équilibre de Hardy-Weinberg

Pour qu'une population soit en équilibre de Hardy-Weinberg, plusieurs conditions doivent être réunies :

1) Taille infinie de la population : la population doit être suffisamment grande pour éviter les effets du hasard (dérive génétique) ;
2) Absence de mutations : il ne doit pas avoir de modifications dans l'ADN qui changeraient les allèles ;

3) Absence de migration : il ne doit pas avoir d'entrée ou de sortie d'individus (flux de gènes) dans la population ;
4) Absence de sélection naturelle : tous les génotypes doivent avoir les mêmes chances de survie et de reproduction ;
5) Accouplement aléatoire : les individus doivent se reproduire de manière aléatoire, sans préférence pour un partenaire particulier basé sur le génotype.

I.4.4.2. Formule de Hardy-Weinberg

L'équilibre est mathématiquement exprimé pour un STR à deux allèles. Il s'agit d'une équation mathématique qui peut être utilisée pour calculer la variation génétique d'une population à l'équilibre qui restera constante d'une génération à l'autre, en l'absence de facteurs perturbateurs.

Pour explorer l'équation de Hardy-Weinberg, nous pouvons examiner un locus génétique simple dans lequel se trouvent deux allèles, A et a. L'équation de Hardy-Weinberg s'exprime comme suit [18] :

$p^2 + 2pq + q^2 = 1$

Dans l'équation :

- p est la fréquence de l'allèle « A » ;
- q est la fréquence de l'allèle « a » dans la population ;
- p^2 représente la fréquence du génotype homozygote AA ;
- q^2 représente la fréquence du génotype homozygote aa ;
- 2pq représente la fréquence du génotype hétérozygote Aa.

La somme des fréquences alléliques de tous les allèles au locus doit être égale à 1, donc $p + q = 1$. Si les fréquences alléliques p et q sont connues, alors les fréquences des trois génotypes (AA, aa, Aa), peuvent être calculées à l'aide de la méthode de Hardy-Weinberg. Dans les études de génétique des populations, l'équation de Hardy-Weinberg peut être utilisée pour apprécier si les fréquences de génotypes observées dans une population, diffèrent des fréquences prédites par l'équation [18]. Ces fréquences doivent rester constantes d'une génération à l'autre tant que les conditions de l'équilibre sont respectées.

I.4.4.3. Importance du modèle de Hardy-Weinberg

Ce modèle sert de référence en génétique des populations. Lorsqu'une population s'écarte de cet équilibre, cela suggère que l'une ou plusieurs des hypothèses de base (comme la sélection naturelle, les mutations, la migration, ou la dérive génétique) influencent les fréquences des allèles [42–44]. Ainsi, l'équilibre de Hardy-Weinberg est utilisé pour détecter des forces évolutives en action ou pour étudier des événements comme le flux de gènes, les goulots d'étranglement démographiques et les sélections naturelles agissant sur des populations.

I.5. APERÇU DE L'ASPECT PSYCHO-SOCIAL DES TESTS DE FILIATION

I.5.1. Besoin de demande de test d'ADN

Ce test s'avère pertinent dans certaines situations sociales. On peut citer entre autres :

1) **La reconnaissance volontaire de paternité** : pour attester la réelle paternité, avec la fierté inhérente pour un individu, un parent ou une famille, ou dans une situation d'enfant posthume.
2) **La paternité contestée** : pour révéler la vérité de façon objective et scientifique dans les situations où la paternité est désavouée ou discutée par plusieurs présumés pères. Dans ces conditions, la juridiction intervient (procédure judiciaire). Le juge ordonne le test et envoie des réquisitions aux personnes impliquées.
3) **La demande des parents** : une mère qui ne sait vraiment pas qui est le père de son enfant, peut faire recours au test d'ADN, pour obtenir la lumière.

I.5.2. Aspect psychosocial du test ADN

Les tests généalogiques, permettent de connaître l'origine géographique des ancêtres d'un individu. Si, au départ, ils semblent ludiques, leurs conséquences pour une personne, ou sa famille, sont souvent mal évaluées.

Une question fondamentale est de savoir pourquoi faire un test de paternité. Un test de paternité permet d'affirmer ou de réfuter une paternité soupçonnée.

Le résultat d'un test de paternité peut avoir des conséquences familiales, juridiques ou psychiques sur lesquelles nous souhaitons attirer une certaine attention. D'un point de vue juridique par exemple, la demande d'un test de paternité est souvent liée à des enjeux légaux importants liés à la vie familiale (filiation, entre autres) et aux droits des individus concernés (droits de succession, entre autres). Le résultat peut provoquer des changements concernant les droits de rente, de legs et d'héritage, ainsi que de nationalité pour un enfant [49].

Psychologiquement et socialement, un résultat inattendu ou indésirable peut avoir des effets sur l'individu concerné ainsi que sur les relations familiales et la structure sociale. Un doute sur la paternité peut provoquer un stress mental et une charge émotionnelle intense. Les résultats obtenus peuvent avoir un effet dévastateur, parfois irréversible, pour une famille [49], pour plusieurs familles.

Les résultats de tests ADN plongent parfois le sujet concerné dans un véritable état de sidération, voire de décompensation psychiatrique. Les analyses génétiques se généralisent, parfois pour venir au secours de la paix des familles, parfois au risque de la faire voler en éclats, avec tous les inconvénients sur le plan psychologique et social. C'est cela qui justifie que l'usage des tests de filiation n'est autorisé que sur décision de justice, à des fins médicales, ou pour raison de recherches scientifiques. Car, lorsque la vérité fait jour, la sacro-sainte famille peut voler en éclats [12].

Il y'a des demandes de mères, qui entendent obliger le géniteur de leur enfant à les aider financièrement, ou à établir leur honorabilité ; mais aussi celles de pères, qui veulent s'assurer d'une paternité ou qui ne veulent pas ou plus l'assumer.

Dérangement dans les relations familiales

- Sentiments de doute et de méfiance

La demande d'un test ADN peut engendrer des sentiments de doute sur la légitimité de la paternité. La confiance au sein du couple des deux coparents ou du couple restructuré autour d'un parent impliqué, est mise à mal.

- Tensions familiales et impact sur les relations familiales

La demande d'un test peut provoquer des tensions ou des conflits entre les membres de la famille, surtout si elle est perçue comme une remise en question des liens affectifs et de la fidélité. Les résultats peuvent influencer durablement la dynamique familiale.

- Violences

Une attitude violente ou un comportement violent peut s'installer entre coparents, entre enfant impliqué et parents.

Conséquences et impact psychologiques

- Stress et anxiété

L'attente du résultat génère une anxiété/angoisse qui peut s'amplifier ou s'apaiser à l'annonce du résultat. Les relations familiales s'en trouvent perturbées.

- Stigmatisation

Un enfant pour qui l'identification filiale révélée est différente de celle portée jusque-là peut être stigmatisé et se sentir désagrégé. Sa mère est couverte d'opprobre si elle avait fait usage de faux volontairement ou non. Un père interpellé dès le début qui a toujours fui sa responsabilité peut être rejeté par son enfant qu'il avait réfuté depuis sa naissance. La stigmatisation est multiple et variée.

- Identité et appartenance

Les résultats du test peuvent avoir un impact sur le sentiment d'identité et d'appartenance, notamment pour l'enfant concerné, qui pourrait se sentir rejeté, déstabilisé ou brusquement adulé par les résultats. Sa vie et ses projets de vie pourront s'en trouver bouleversés dans un sens ou l'autre.

De nombreuses démarches proviennent de personnes plus âgées, de frères et sœurs dont le père est décédé. Ils s'interrogent sur leurs origines réciproques et exigent des tests de fratrie. D'autres s'enquièrent de savoir si une personne est bien la tante ou l'oncle, le neveu ou la nièce, le cousin ou la cousine, sans oublier les jeunes gens qui sollicitent des laboratoires, afin de connaître ou de vérifier l'identité de leur père biologique. Un enfant sur trente ne serait pas celui du père déclaré, selon une étude publiée dans la revue The Lancet [50]. Le doute est permis, la réponse est maintenant aisée.

Reconnaissons un certain aspect pratique peu positif du test. On note ;

- Une invasivité ou intrusivité perçue par le prélèvement pour le test ADN, bien que simple. Ce prélèvement est une atteinte à l'intégrité de l'organisme et du psychisme
- Un stress d'attente : le temps de latence pour obtenir le résultat est assez stressant.

Le test ADN apporte des clarifications fondamentales. Cependant, il est important de prendre en compte les aspects psychologiques et sociaux associés à cette démarche et d'instituer l'accompagnement nécessaire.

I.5.3. Gestion de l'inconfort psychologique

Il s'avère indispensable de savoir gérer l'inconfort psychologique induit par les avatars de toute demande de test de paternité. Il faut une communication ouverte, un soutien psychologique et un encadrement juridique.

- **Communication ouverte**

Il est nécessaire de discuter ouvertement et honnêtement à propos des raisons et des attentes liées au test.

- **Soutien psychologique**

Il est bien des fois, indispensable de consulter un psychologue ou un psychiatre pour gérer l'état de santé mentale lié à la situation.

- **Encadrement juridique**

Il convient de se faire conseiller par un avocat spécialisé en droit de la famille pour comprendre les implications légales, surtout en cas de conflit ou en situation de réalisation de test de paternité en post mortem. Il est souvent question de prise de responsabilité pour l'enfant dont l'identité est à décrypter ou qui se retrouve face à une question d'héritage en chefferie, en richesse ou en remboursement de dettes.

I.5.4. Tests ADN et représentation sociale

En Afrique, spécifiquement au Bénin, quand une femme ou jeune fille déclare à un homme Alpha peu engagé, ou à la famille de ce dernier, qu'elle porte un fœtus d'Alpha, on entend la réponse courante suivante, à elle adressée : « à la naissance, une simple vue du bébé, permettra d'identifier des traits physiques indéniables caractéristiques de la famille ». Car

dans la représentation culturelle béninoise, le sang a son langage et le sang reconnait le sang, stipule l'adage populaire.

2. CADRE, MATÉRIEL ET MÉTHODES D'ÉTUDE

2.1. CADRE D'ÉTUDE

La présente étude s'est déroulée dans le Laboratoire d'Histologie Biologie de la Reproduction Cytogénétique et Génétique médicale –Unité de Biologie Humaine, à la Faculté des Sciences de la Santé (FSS) de l'Université d'Abomey-Calavi (UAC).

2.1.1. Le Bénin

La République du Bénin est située en Afrique de l'Ouest. Elle est bordée au nord par le fleuve Niger, au Sud par l'Océan Atlantique, au Nord-Ouest par le Burkina-Faso, à l'Ouest par le Togo et à l'Est par le Nigéria.

Elle s'étend sur une longueur de 700 km, de l'Océan Atlantique jusqu'au fleuve Niger ; sa largeur varie de 125 km le long de la côte à 325 km à la latitude de Tanguiéta [51].

En 2024, la superficie du Bénin se chiffre à 114 763 km². Le pays est divisé en 12 départements. Sa population est estimée à 13 751 291 habitants, inégalement répartis sur le territoire national, avec une forte densité de 738 000 habitants à Cotonou [51,52].

2.1.2. La ville de Cotonou

La ville de Cotonou est la capitale économique de la République du Bénin. C'est la plus grande ville du pays avec une superficie de 79 km², et 143 quartiers regroupés en 13 arrondissements [47].

2.1.3. Le Laboratoire d'Histologie Biologie de la Reproduction Cytogénétique et Génétique médicale (LHBRCGM) -Unité de Biologie Humaine

Le LHBRCGM de la FSS-UAC, situé dans l'enceinte de l'Institut des Sciences Biomédicales Appliquées (ISBA), a servi de cadre pour cette étude.

L'ensemble Histologie, Biologie de la Reproduction, Cytogénétique et Génétique médicale, forme l'unité de Biologie Humaine au sein de la FSS. Le laboratoire contient plusieurs salles, dédiées à des applications diverses :

- Une salle contenant des centrifugeuses et des hottes, où sont réalisées les extractions d'ADN et la préparation des milieux de culture ;

- Une salle de microscopie conventionnelle ;
- Une salle de cytogénétique moléculaire ;
- Une salle polyvalente.

C'est dans ce laboratoire qu'ont été réalisés, le recueil de sang pour extractions d'ADN, la quantification de l'ADN, l'amplification par PCR et le génotypage.

2.2. MATÉRIEL D'ÉTUDE

Outils de collecte

➢ **Première phase**

Nous avons utilisé un logiciel informatique dénommé CS Pro 7.3., dans lequel nous avons encodé les résultats des tests ADN de la banque de données physique du laboratoire.

➢ **Deuxième phase**

Pour la 2ème phase, nous avons utilisé un guide d'entretien qui nous a permis de :

- Documenter les profils sociodémographiques ;
- Renseigner les données relatives à la prise de décision de la réalisation du test ;
- Apprécier le retentissement sur les relations (i) entre partenaires, (ii) entre parents et enfant(s), avant et après le test ;
- Renseigner les paramètres témoignant de retentissements psychologiques des participants qui ont été enrôlés en prospectif.

Les questionnaires dédiés à cet effet sont en annexe.

2.3. MÉTHODES D'ÉTUDE

2.3.1. Type d'étude et période d'étude

Notre étude est transversale mixte, convergente parallèle, à visée descriptive et analytique avec une collecte bidirectionnelle (rétrospective et prospective) des données.

2.3.2. Population d'étude

- **Partie rétrospective**

Il s'est agi d'individus de nationalité béninoise, ayant effectué un test de paternité au laboratoire de cytogénétique de Cotonou de 2008 à 2024. Les dossiers ont été dépouillés et les données collectées par un encodage numérique de juin à août 2024.

- **Partie prospective**

Il s'est agi d'individus admis pour test de paternité durant la période d'étude allant de juin à octobre 2024 et qui ont accepté de participer à l'étude via un questionnaire avant et après le test.

➢ **Critères d'éligibilité**

- **Critères d'inclusion**

Ont été incluses dans l'étude, les personnes :

1) De nationalité béninoise ;
2) Ayant réalisées un test de filiation au laboratoire de cytogénétique de la FSS ;
3) Ayant consenties à participer à l'étude.
4) Ayant une filiation confirmée (volet génétique)

- **Critères de non -inclusion**

N'ont pas été incluses dans l'étude, les personnes dont la nationalité était un objet de doute.

- **Critère d'exclusion** (volet génétique)

Ayant une filiation infirmée

2.3.3. Échantillonnage

- **Pour le volet rétrospectif (génétique)**

Nous avons effectué un regroupement exhaustif de tous les résultats de tests de filiation disponibles au laboratoire de 2008-2024.

- **Pour le volet prospectif (psychologique et social)**

Il s'est agi d'un échantillonnage par commodité de 20 personnes pour chacun des volets.

2.3.4. Variables

Deux types de variables ont été considérées dans l'étude : quantitatives et qualitatives.

➢ **Variables quantitatives**

Il s'agit de variables dépendantes et de variables indépendantes.

- Les **variables dépendantes** de cette étude ont été le résultat du test ADN et la fréquence des allèles par séquence de STR des individus appartenant à la population béninoise ;
- Les **variables indépendantes** de l'étude sont :
  - Socio-démographiques : l'âge, le sexe, l'ethnie.
  - Psychologiques : retentissement sur le moral ; vécu émotionnel, du processus de la recherche au résultat ADN ; plus précisément les troubles anxiodépressifs et le stress.

    Ces troubles ont été évalués grâce à l'échelle de dépression, d'anxiété et de stress (EDAS-21) [53] . Elle comporte vingt-et-une (21) questions, dont les réponses sont définies sur une échelle de Likert à quatre niveaux :

    – 0 : « Ne s'applique pas du tout à moi »
    – 1 : « S'applique un peu à moi, ou une partie du temps »
    – 2 : « S'applique beaucoup à moi, ou une bonne partie du temps »
    – 3 : « S'applique entièrement à moi, ou la grande majorité du temps »

Il y a une série de 7 questions par trouble :

– 2 ; 4 ; 7 ; 9 ; 15 ; 19 et 20, sont relatives à l'anxiété ;
– 3 ; 5 ; 10 ;13 ; 16 ;17 et 21, concernent la dépression ;
– 1 ; 6 ; 8 ; 11 ; 12 ; 14 et 18, sont celles liées au stress.

Les notes obtenues à chaque question sont additionnées, puis multipliées par 2 et le résultat est comparé aux valeurs suivantes :

- Interprétation de l'anxiété
  - De 0 à 7 : Résultat normal
  - De 8 à 9 : Anxiété légère
  - De 10 à 14 : Anxiété modérée
  - De 15 à 19 : Anxiété grave
  - ≥ 20 : Anxiété extrêmement grave
- Interprétation de la dépression
  - De 0 à 9 : Résultat normal
  - De 10 à 13 : Dépression légère
  - De 14 à 20 : Dépression modérée
  - De 21 à 27 : Dépression grave
  - ≥ 28 : Dépression extrêmement grave
- Interprétation du stress
  - De 0 à 14 : Résultat normal
  - De 15 à 18 : Stress léger
  - De 19 à 25 : Stress modéré
  - De 26 à 33 : Stress grave
  - ≥ 34 : Stress extrêmement grave

Une image du score a été mis en Annexe.

➢ **Variables qualitatives**

Il s'agissait des verbatims relatés par les demandeurs du test, en vue de l'appréciation des motifs, motivations, et des conséquences relationnelles entre les partenaires, le ou les parent(s) et l'enfant ou les enfants, depuis la décision de la demande du test ADN, jusqu'à l'obtention du résultat.

➢ Opérationnalisation des variables

- Variables dépendantes
    - Résultats du Test ADN

C'est le moyen le plus fiable pour confirmer le rapport biologique entre deux individus. Les techniques d'identification d'ADN permettent à l'Unité d'expertise génétique, de réaliser des tests de filiation.

Ce test permet d'établir avec un degré de fiabilité très élevé (plus de 99,9 %) le lien de parenté d'un enfant avec son père biologique et/ou sa mère biologique. Le test de parenté le plus demandé est le test de paternité, par lequel un père présumé, est examiné, afin de confirmer s'il est le père biologique d'un enfant ou non. Les modalités sont d'ordre binaire, soit la filiation est confirmée, soit elle est infirmée.

- Fréquence allélique par séquence de 15 STR

Il s'agit de la proportion d'un allèle spécifique, ou la variation du code ADN, par rapport à d'autres allèles possibles à la même position dans le code dans une population donnée, ou dans certains cas, dans une espèce entière. Dans la présente étude, la fréquence allélique par est en rapport à 15 systèmes de STR au sein de la population béninoise.

Les modalités sont les chiffres des allèles le plus répétés pour :

D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D19S433, vWa, TPOX, D18S51, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D5S818 et FGA.

- Variables indépendantes

VARIABLES	DÉFINITIONS OPÉRATOIRES	MODALITÉS
Âge	L'âge révolu au moment de l'enquête.	Nombre en année
Sexe	Le sexe biologique du sujet.	• Masculin • Féminin
Ethnie	Le groupe ethnique d'appartenance du demandeur	• Fon et apparentés • Adja et apparentés • Yoruba ou nago et apparentés • Dendi et apparentés

VARIABLES	DÉFINITIONS OPÉRATOIRES	MODALITÉS
		• Bariba et apparentés • Peulh et apparentés
Statut conjugal en lien avec le présumé co-parent au moment de la conception	La situation matrimoniale lors de la conception, avec le présumé co-parent de l'enfant dont la filiation est en voie d'être prouvée	• Célibataire • Marié(e) • Divorcé(e) • Union de fait • Aventure / relation sans lendemain
Statut conjugal en lien avec le présumé co-parent au moment du test	La situation matrimoniale, au moment de la réalisation du test, avec le présumé co-parent de l'enfant dont la filiation est en voie d'être prouvée,	• Célibataire • Marié(e) • Divorcé(e) • Union de fait • Séparés
Religion	Le groupe religieux d'appartenance du demandeur.	• Chrétienne • Musulmane • Endogène • Athéisme • Autre
Anxiété	L'anxiété est un état émotionnel pénible et désagréable de nervosité et de malaise. Elle peut être anticipée avant une menace, persister après qu'une menace soit passée ou survenir sans menace identifiable selon le DSM-5-TR. Elle est déterminée par l'échelle EDAS-21 [53]	• Normal • Léger • Modéré • Grave • Extrêmement grave
Dépression	La dépression (également appelée dépression majeure, trouble dépressif majeur ou dépression clinique) est un trouble de l'humeur courant mais grave. Elle provoque des symptômes graves qui affectent la façon dont une personne se sent, pense et gère ses activités quotidiennes, comme dormir, manger ou travailler. Elle est déterminée par l'échelle EDAS-21 [53]	• Normal • Léger • Modéré • Grave • Extrêmement grave
Stress	Le trouble de stress aigu est une brève période de souvenirs intrusifs survenant dans les 4 semaines suivant un événement traumatique accablant. Il est déterminé par l'échelle EDAS-21 [53]	• Normal • Léger • Modéré • Grave

VARIABLES	DÉFINITIONS OPÉRATOIRES	MODALITÉS
		• Extrêmement grave
Prise de décision de la réalisation du test	Les informations relatives au demandeur du test ADN, les motifs, motivations.	Réponse ouverte
Relations entre partenaires avant et après le test	L'appréciation de la nature de la relation entre les 2 coparents avant la demande du test, et après.	Réponse ouverte
Vécu après le résultat du test ADN et prévisions pour le futur	L'appréciation du ressenti des deux parties après l'annonce des résultats ainsi que des prévisions envisagées par eux (individuellement, entre eux, et entre eux et l'enfant ou les enfants concernés)	Réponse ouverte dans chacun des cas que le test soit positif (filiation confirmée) ou négatif (filiation infirmée) adressée : ○ À la mère ○ Au père

2.3.5. Technique et déroulement de la collecte

La collecte s'est déroulée en deux phases différentes :

- **Première phase**

Dans un premier temps nous avons effectué un encodage actif qui a constitué à enregistrer des résultats de tests ADN de la banque de données du laboratoire, d'un format physique (papier) a un format (digital) numérisé dans le logiciel dénommé CS Pro 7.3.

Avant l'obtention des résultats contenant les séquences STR, il est opportun de parler du processus aboutissant à cela.

Il s'agissait à la base d'un prélèvement de 5ml de sang veineux périphérique en accord avec la méthode d'extraction conventionnelle phénol-chloroforme.

Une quantification et une amplification de l'ADN ont ensuite été faites, à l'aide du KIT Quantifiler®.

Les différents STR dont : D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D5S818, FGA, ont été amplifiés simultanément.

Le produit d'amplification a été séparé par électrophorèse capillaire sur un Séquenceur ABI 310 XL.

Les données de l'analyse génétique ont été traitées par un logiciel spécifique ; le "Gene Mapper ID V 3.2.".

- **Deuxième phase**

Elle a constitué en un entretien semi-structuré avec les demandeurs de tests de filiation. Cet entretien a constitué en une discussion flexible, guidée par les séries de questions contenues dans un guide d'entretien.

Le guide d'entretien contenait :

- D'une part, une série de questions lues, améliorées et suggérées par des socio-anthropologues.
- D'autre part, un score permettant l'appréciation de l'étendu du retentissement du processus de test ADN sur la psyché, qui a été soumis aux participants qui ont été enrôlés à partir du mois de juin 2024.

  Pour ce faire, nous avons eu recours à l'utilisation d'un score nommé EDAS-21 (Échelles de Dépression, d'Anxiété et de Stress) qui a été validé par des experts béninois en Psychiatrie [53].

  Ce score comporte 21 items de notation ; il est présent dans les Annexes.

2.3.6. Traitement et analyse des données

- **Pour le volet génétique**

Les résultats encodés dans le logiciel informatique CS Pro 7.3., ont été analysés par des tests statistiques. L'analyse des données a été faite en utilisant le logiciel « R version 4.4.1 », pour estimer les fréquences alléliques, l'hétérozygotie, l'homozygotie et le test de Hardy-Weinberg [54].

Des paramètres médico-légaux tels que le pouvoir discriminant (PD), le pouvoir d'exclusion (PE), le contenu informatif du polymorphisme (ICP) ont étés calculés à l'aide du logiciel "R" selon John Butler [44,45].

- Pour le volet psychosocial

Les données collectées à l'aide du questionnaire ont été analysés par des tests statistiques, dans le logiciel statistique SPSS pour Windows (Statistical Package for Social Sciences), dans sa version 27.

2.4. DIFFICULTÉS

Nous avons rencontré plusieurs difficultés, dont nous listons quelques-unes ici.

1) La difficulté essentielle a résidé dans la recherche d'assurance à 100% de l'appartenance béninoise de l'échantillon cible.
2) Pour l'entretien des cibles secondaires, les démarches administratives parfois longues nous ont retardé dans l'obtention des données que nous recherchions.
3) Les sujets impliqués étaient trop préoccupés psychiquement et socialement, pour nous accorder l'attention indispensable à un entretien. Nous n'avons eu que 20 personnes pour l'entretien psychologique comme social.

2.5. ASPECTS ÉTHIQUES ET RÉGLEMENTAIRES

La présente étude, réalisée dans le cadre des travaux académiques, a été conduite dans le strict respect des règles de bonnes pratiques cliniques (BPC). Le consentement libre et éclairé des patients a été obtenu par écrit. La confidentialité a été rigoureusement respectée au cours de la collecte des données. Les informations obtenues dans le cadre de cette étude ont été traitées dans l'anonymat stricte.

La fiche de consentement libre a été mise en Annexe.

3. RÉSULTATS

3.I. RÉSULTATS DU VOLET GÉNÉTIQUE

Au total I 181 tests de filiation ont été réalisés durant la période d'étude.

Les analyses statistiques ont été réalisées sur les sujets ayant un résultat positif, soit N = 664 (confer diagramme de flux).

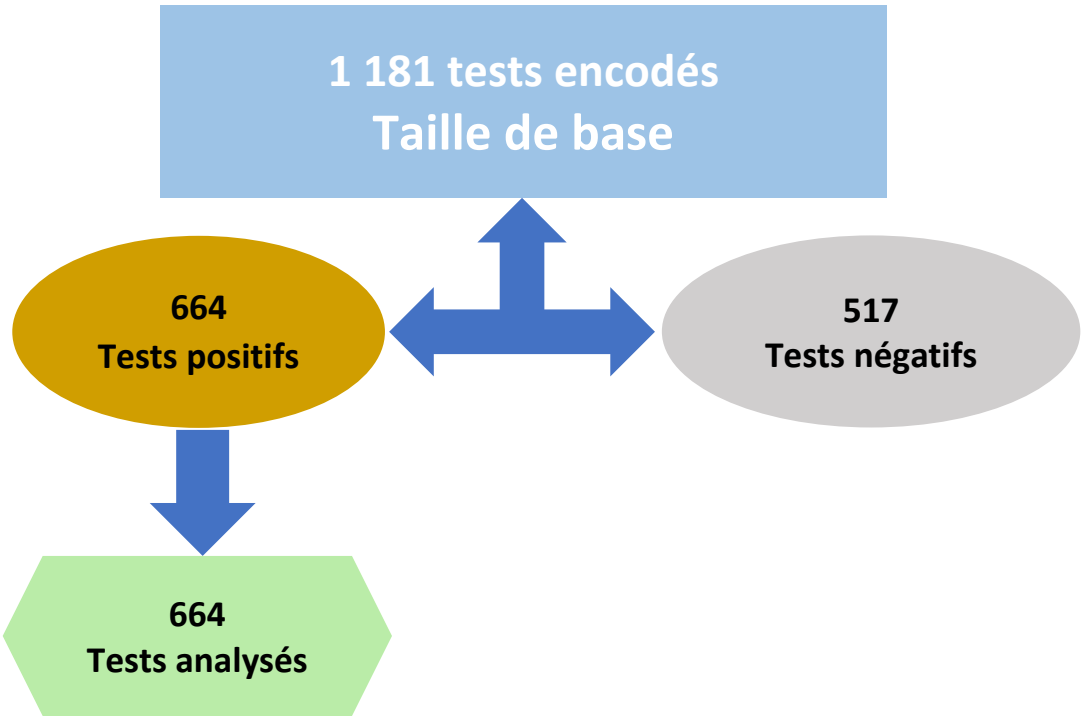


Diagramme I : Diagramme de flux

3.I.I. Polymorphisme des STR

La présente étude a utilisé le kit AmpFLSTR™ Identifiler™ Direct PCR Amplification Kit (Référence : 4467831) qui analyse 15 marqueurs microsatellites ou STR. Une disparité notable est observée en termes de polymorphisme entre ces différents STR, c'est-à-dire leur capacité à présenter de multiples allèles dans une population donnée. Le nombre d'allèles varie considérablement : les STR les moins polymorphes, tels que TPOX et D13S317, présentent chacun (9 allèles), tandis que le STR D18S51, qui est le plus polymorphe, compte jusqu'à (30 allèles), suivi par le FGA avec (27 allèles), comme le montre la figure 9.

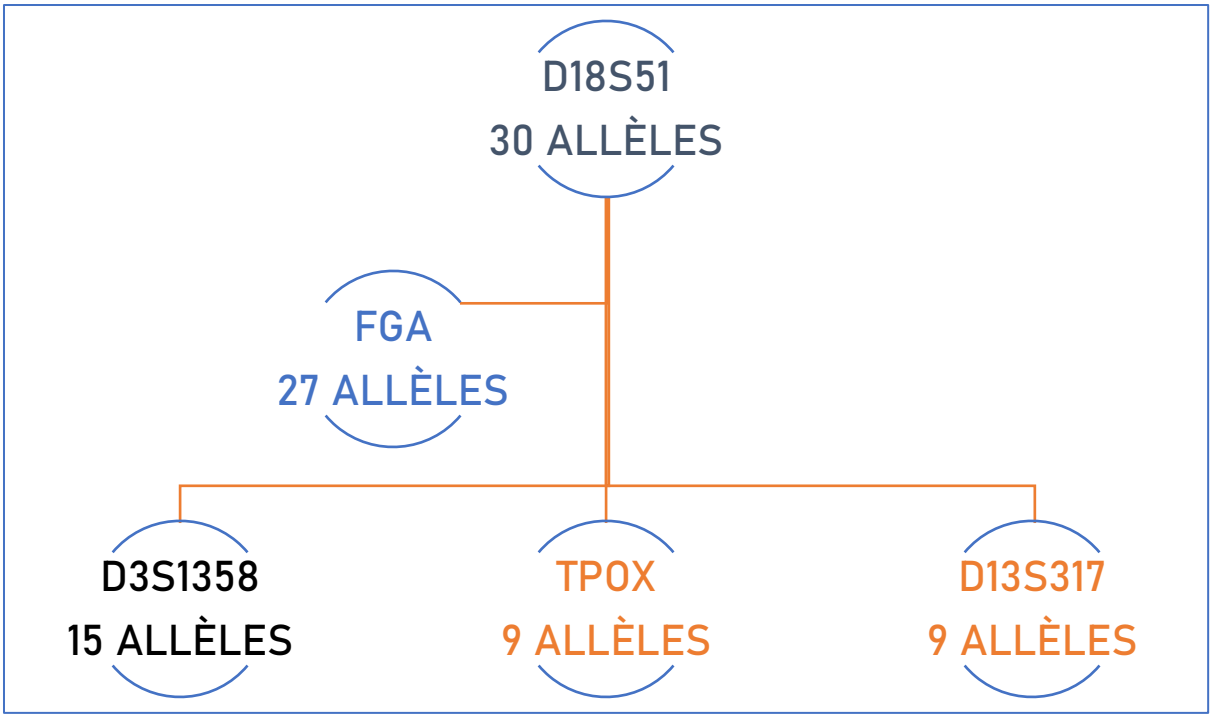


Figure 9 : Degré de polymorphisme des STR les plus et les moins polymorphes

Le nombre d'allèles ne dépasse pas 15, pour la majorité des STR (10 des 15 microsatellites),

Parmi les STR les moins polymorphes, la population béninoise montre une plus grande homogénéité au niveau du STR D13S317, où neuf béninois sur vingt (45%) possèdent l'allèle 12.

Cet allèle est suivi par l'allèle 11, présent chez environ 30% de la population, et l'allèle 13, retrouvé chez environ 20% (confer figure 10).

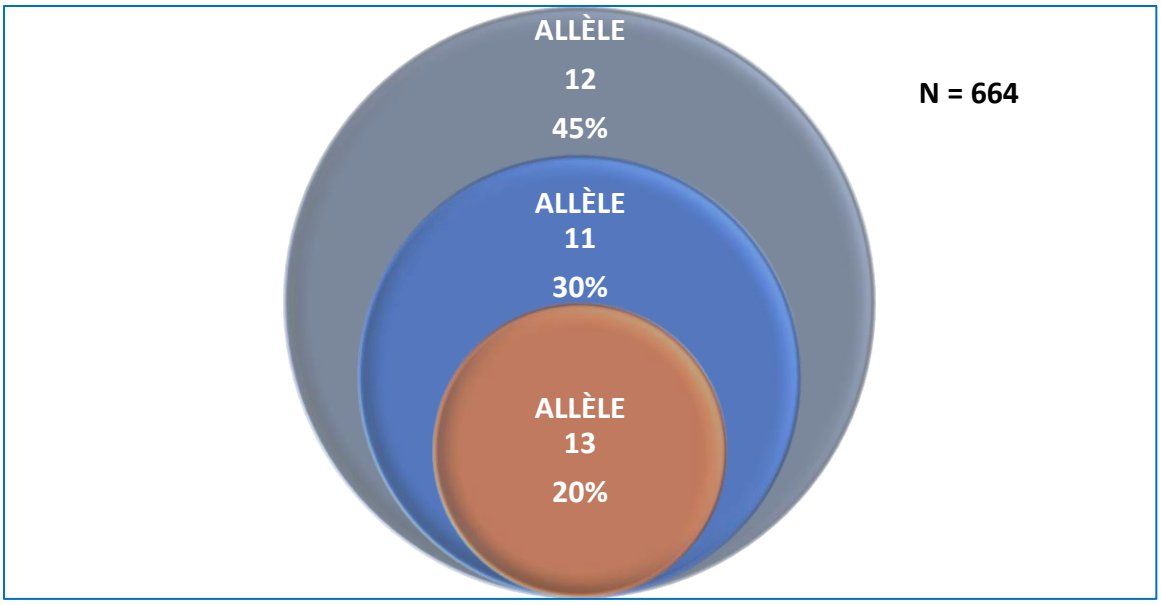


Figure 10 *:* Pourcentage d'allèles portés par la population béninoise sur le STR D13S317

Concernant le STR TPOX, les allèles 7 et 8 sont les plus fréquents, chacun étant présent chez environ 30% de la population, ce qui signifie que ces deux allèles combinés sont partagés par 60% des individus (confer figure 11).

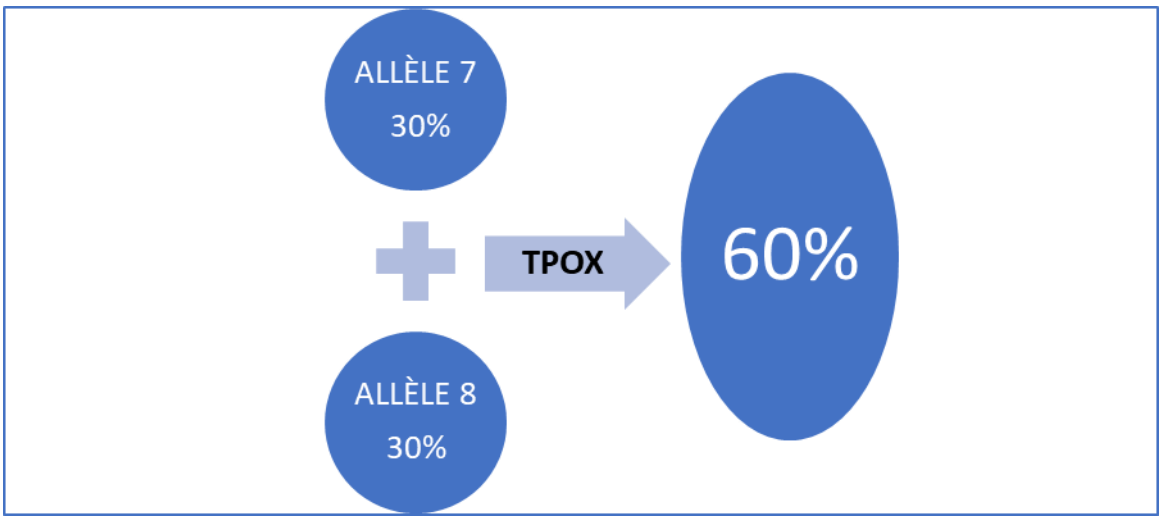


Figure 11 : Répartition des pourcentages des allèles de la population béninoise sur le STR TPOX

En revanche, le STR D18S51, bien que le plus polymorphe, avec 30 allèles, montre une certaine prépondérance de l'allèle 18, qui est porté par 12% de la population béninoise (confer figure 12).

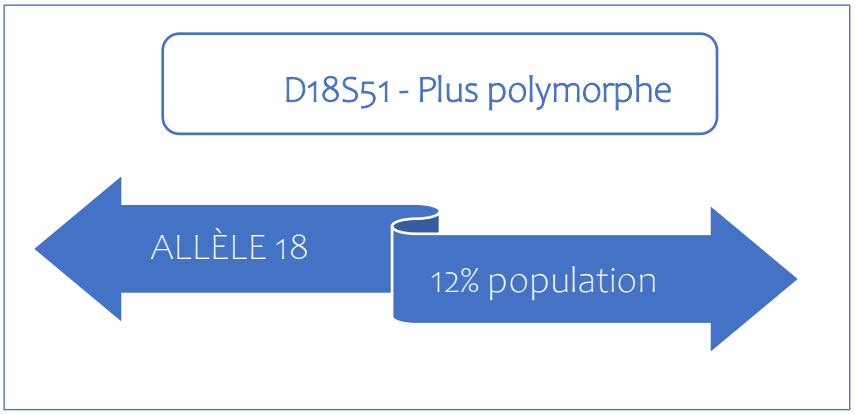


Figure 12 : Prépondérance allélique et pourcentage de portage au sein de la population béninoise du STR D18S51 le plus polymorphe

Les fréquences alléliques sont détaillées dans le tableau I.

Tableau I (1/3) : Fréquences alléliques de la population béninoise par STR de 2008-2024

ALLÈLES	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D3S1358	THO1	D13S317	D16S539	DS21338	D5S818	FGA
0,0	0.003	0.003	0.005	0.006	0.003	0.003	0.003	0.005	0.003	0.003	0.006	0.003	0.006	0.003	0.008
1,2					0.001										
5,0							0.056			0.005					
5,2			0.002												
5,3										0.105					
6,0			0.002				0.023			0.011					
6,3										0.421					
7,0			0.184	0.076			0.281			0.038		0.021			
7,3										0.225					
8,0	0.010		0.031	0.072			0.270			0.023	0.007	0.203		0.087	
8,2			0.081												
8,3										0.109					
9,0	0.012		0.014	0.047	0.008		0.105			0.029	0.005	0.169		0.011	
9,2			0.301					0.001							
9,3										0.030					
10,0	0.022		0.252	0.238	0.106		0.209	0.002			0.018	0.245		0.061	
10,2				0.023	0.005			0.001							
11,0	0.094		0.099	0.209	0.140		0.048		0.002		0.270	0.178		0.195	
11,1					0.001										
11,2					0.047			0.038							
12,0	0.150		0.028	0.264	0.245	0.004	0.005	0.014	0.014		0.443	0.142		0.365	
12,2				0.001	0.063			0.020				0.009			
13,0	0.354			0.054	0.166	0.019		0.014	0.056		0.200	0.028		0.248	
13,2					0.069			0.038							
14,0	0.237		0.004	0.010	0.058	0.092		0.013	0.243		0.050	0.002		0.025	

Tableau II (2/3) : Fréquences alléliques de la population béninoise par STR de 2008-2024

ALLÈLES	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D3S1358	THO1	D13S317	D16S539	DS21338	D5S818	FGA
14,2					0.045			0.126							
15,0	0.090				0.010	0.203		0.026	0.161		0.002	0.001	0.003	0.004	
15,2					0.023	0.258		0.123	0.286						
15,3									0.001						
16,0	0.020				0.001	0.075		0.038	0.015				0.047	0.002	
16,2					0.008			0.057	0.168						
17,0	0.005					0.169		0.122	0.016				0.080		
17,2					0.002	0.001		0.010	0.025						
18,0	0.005					0.084		0.120	0.006				0.035		0.002
18,2						0.053		0.008	0.002						0.013
19,0						0.026		0.076	0.002				0.134		0.078
19,2								0.020							0.009
20,0						0.014		0.052					0.064		0.038
20,2								0.026							0.004
21,0						0.002		0.015					0.160		0.087
21,2								0.014							0.005
22,0								0.008					0.195		0.178
22,2								0.011							0.008
23,0													0.122		0.194
23,2								0.001							0.011
24,0								0.002					0.076		0.122

Tableau III (3/3) : Fréquences alléliques de la population béninoise par STR de 2008-2024

ALLÈLES	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D3S1358	THO1	D13S317	D16S539	DS21338	D5S818	FGA
24,2															0.006
25,0								0.001					0.061		0.093
25,2		0.002													0.002
26,0		0.002											0.017		0.046
26,2		0.042													0.004
27,0		0.002													0.048
27,2		0.242													0.004
28,0		0.029													0.025
28,2		0.166													0.003
29,0		0.023													0.011
29,2		0.157													
30,0		0.032													0.001
30,2		0.088													
31,0		0.037													
31,2		0.029													0.002
32,0		0.033													
32,2		0.030													
33,0		0.019													
33,2		0.012													
34,0		0.013													
34,2		0.026													
35,0		0.008													
35,2		0.003													
36,0		0.003													
46,2															0.001

La figure 13 illustre les fréquences alléliques en fonction de chaque système STR

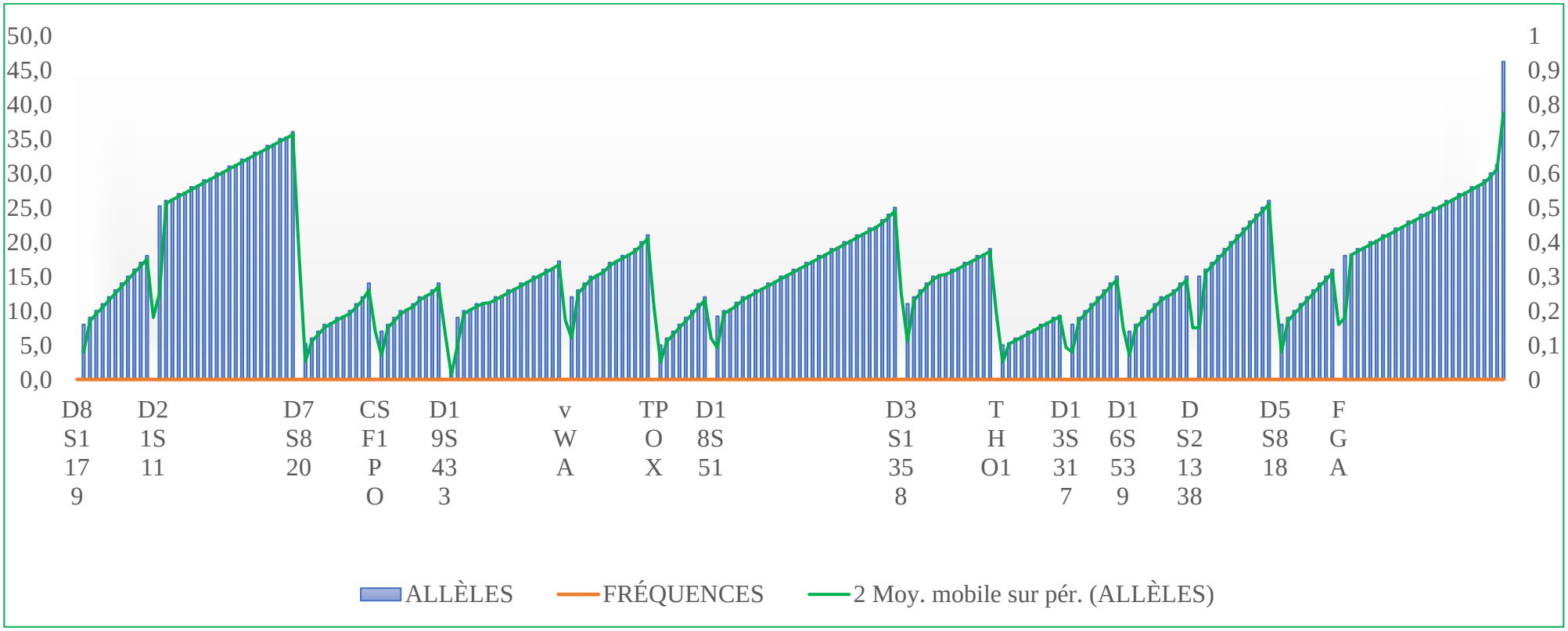


Figure 13 : Graphique combiné -Histogramme groupé pour les allèles et courbe pour les fréquences- (Représentation des fréquences alléliques par STR) de la population béninoise par STR de 2008-2024

3.1.2. Capacité d'identification des STR

Le tableau II contient les paramètres médico-légaux utiles dans l'identification des STR

Tableau IV : Paramètres médico-légaux des STR dans le cadre de leur identification

	PIC	PD	PE	H	h	PI	MI	HWE (P)
D8S1179	0.748	0.882	0.559	0.778	0.222	2.252	0.208	**0.055**
D2IS11	0.860	0.962	0.738	0.872	0.128	3.895	0.109	0.000
D7S820	0.765	0.901	0.588	0.794	0.206	2.425	0.208	0.000
CSF1PO	0.789	0.920	0.624	0.814	0.186	2.681	0.227	0.000
D19S433	0.851	0.958	0.723	0.864	0.136	3.685	0.132	**0.008**
vWA	0.820	0.941	0.673	0.839	0.161	3.108	0.179	0.000
TPOX	0.756	0.896	0.576	0.788	0.212	2.354	0.278	0.000
D18S51	0.915	0.986	0.837	0.920	0.080	6.257	0.083	0.000
D3S1358	0.772	0.909	0.600	0.800	0.200	2.503	0.167	0.000
THO1	0.715	0.836	0.502	0.745	0.255	1.963	0.227	0.000
D13S317	0.636	0.760	0.410	0.688	0.312	1.603	0.278	0.000
D16S539	0.791	0.926	0.632	0.817	0.183	2.737	0.227	0.000
DS21338	0.868	0.968	0.754	0.880	0.120	4.156	0.192	0.000
D5S818	0.718	0.857	0.519	0.755	0.245	2.043	0.250	**0.015**
FGA	0.876	0.971	0.767	0.886	0.114	4.395	0.093	0.000

PIC : Polymorphism Information Content

PD : Power of Discrimination

PE : Power of Exclusion

H : Heterozygosity

h : Homozygosity

PI : Paternity Index

MI: Minimum Allele Frequencies

HWE : Hardy-Weinberg Equilibrium

Le PIC (Polymorphism Information Content), Contenu des informations sur le polymorphisme, varie de 0.636 sur le D13S317 à 0.915 sur le D18S51.

Le PD (Power of Discrimination), Pouvoir Discriminant varie de 0.760 sur le D13S317 à 0.986 sur le D18S51.

Le PE (Power of Exclusion), Pouvoir d'exclusion varie de (0.410) sur le D13S317 à 0.837 sur le D18S51.

Le H (Heterozygosity), l'hétérozygotie varie de 0.688 sur le D13S317 à 0.920 sur le D18S51 ;

Le h (homozygosity), l'homozygotie varie de 0.080 sur le D18S51 à 0.312 sur le D13S317 ;

Le PI (Paternity Index), l'index de paternité varie de 1.603 sur le D13S317 à 6.257 sur le D18S51 ;

Le MI (Minimum Allele Frequency), la fréquence allélique minimale varie de 0.083 sur le D18S51 à 0.278 sur le TPOX ;

Le HWE (Hardy-Weinberg Equilibrium), l'équilibre de Hardy-Weinberg varie de 0 sur les STR (D21S11, D7S820, CSF1PO, vWA, TPOX, D18S51, D3S1358, THO1, D13S317, FGA) à 0.055 sur le D8S1179. Le D8S1179 apparait donc comme étant le seul STR en équilibre de Hardy-Weinberg à 0.055, avec une valeur de p = 0.05.

Le pouvoir de discrimination combiné (CPD), le pouvoir d'exclusion combiné (CPE) et l'indice de paternité combiné (CPI) sont tous égaux à 1.

La figure 14 illustre les paramètres médico-légaux et les capacités d'identification des STR.

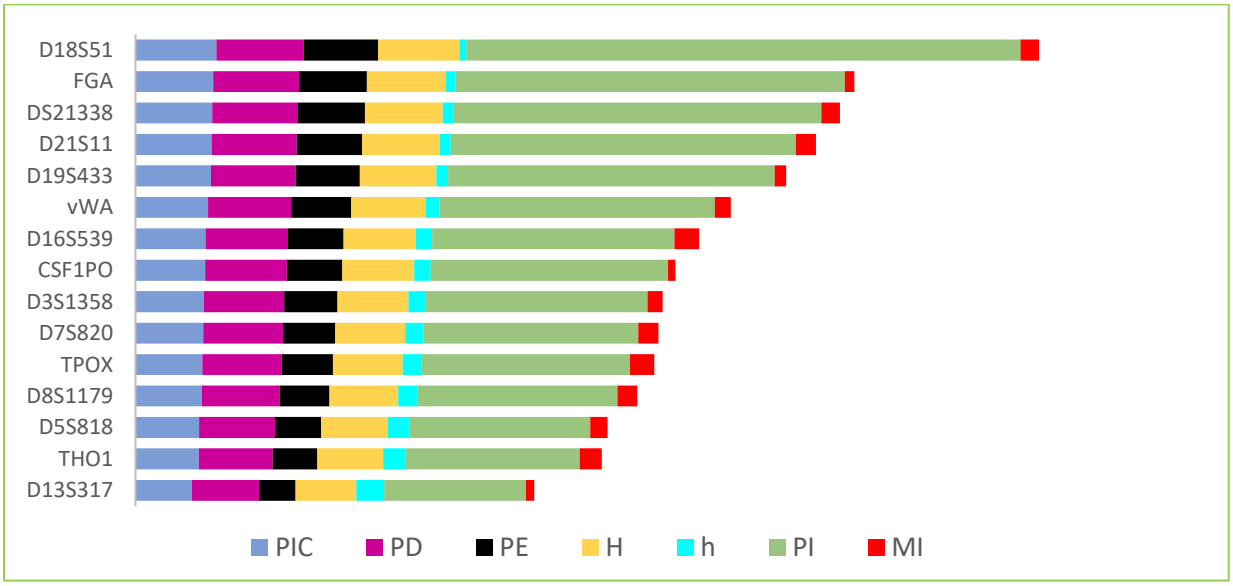


Figure 14 : Barres empilées représentant les paramètres médico-légaux et capacités d'identification des STR

3.2. RÉSULTATS DU VOLET PSYCHOSOCIAL

Nous avons eu à interviewer 20 sujets demandeurs de test, pour recenser divers facteurs du volet psychologique et sociologique.

Pour les résultats, nous avons fait une projection en pourcentage.

3.2.1. Variables sociodémographiques des demandeurs de test de paternité

Les demandeurs de test sont de tranches d'âges variées (confer figure 15), avec des extrêmes allant de 19 à 70 ans, une moyenne de 31 ans.

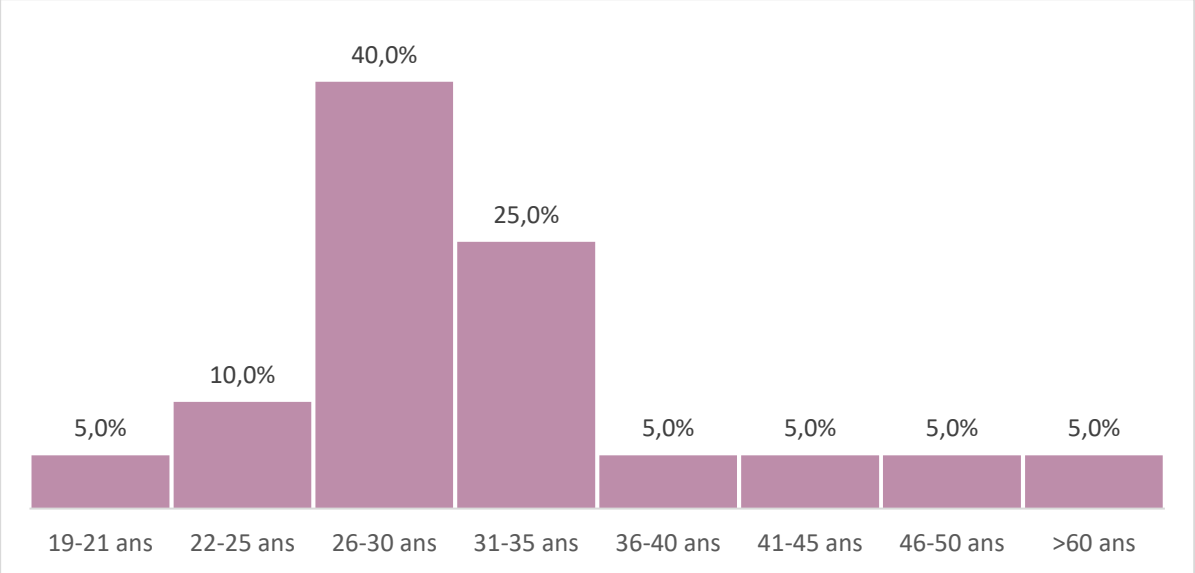


Figure 15 : Répartition de la tranche d'âge des enquêtés de la collecte prospective de juin-octobre 2024

Les autres variables renseignées par les demandeurs reçus en entretien avant et après le test sont détaillées dans le tableau III (le pourcentage est réalisé par projection).

Tableau V : Principales variables renseignées par les demandeurs du test de paternité au laboratoire de cytogénétique de la FSS Cotonou au cours la collecte prospective de juin-octobre 2024

Statut matrimonial entre les supposés coparents avant le test	
Marié légalement et religieusement	5,0%
Marié légalement	10,0%
Concubinage	50,0%
Relation passagère	35,0%
Raison de la demande	
Soupçon d'infidélité de la mère par le présumé père	76,9%
Désir de reconnaissance de paternité	15,5%
Comportement étrange de l'enfant	7,7%
Projet envisagé pour les enfants concernés par le test négatif	
Garde impossible	44.4%
S'en occuper soi même	22.2%
Pas de décision	22.2%
Blocage dans la relation filiale	11.1%
Projet envisagé par la mère et le père présumé en situation de test de paternité négatif	
Réorganiser sa vie	33.3%
Être plus prudent dans les relations futures	33.3%
Pas de décision	33.3%

À propos du projet commun envisagé pour le futur du couple des demandeurs de test de paternité du laboratoire de cytogénétique de la FSS Cotonou au cours de la collecte prospective de juin-octobre 2024, deux tiers des demandeurs dont le test était négatif n'avaient pas de projet de couple, et le tiers restant était déjà séparé.

3.2.2. Volet psychologique

Parmi ces 20 personnes, l'étude a révélé des situations de stress, d'anxiété et de dépression (confer figure 16) :

- Dépression

L'étude a révélé :

- 3 cas sans signes de dépression ;
- I cas de dépression grave.

- **Anxiété**

Il a été retrouvé :

- I cas sans aucun signe d'anxiété ;
- I cas présentant des signes d'anxiété légère ;
- I cas présentant des signes d'anxiété modérée ;
- I cas présentant des signes d'anxiété extrêmement grave.

- **Stress**

Au cours de l'étude, il s'est dégagé :

- 2 cas ne présentant pas de signes de stress ;
- 7 cas présentant des signes stress léger ;
- I cas présentant des signes stress modéré.

En résumé, l'état de santé mentale s'est révélé normal (sans signes ou avec des signes minimes de dépression, d'anxiété ou de stress), dans I I situations, soit 55% des personnes interrogées.

Parmi les résultats objectivant des troubles, il y avait majoritairement ceux avec des signes de stress léger : 7 personnes/20 soit une extrapolation de 35%

Les troubles les plus graves objectivés étaient une dépression grave et une anxiété extrêmement grave. Une même personne présente parfois deux symptômes.

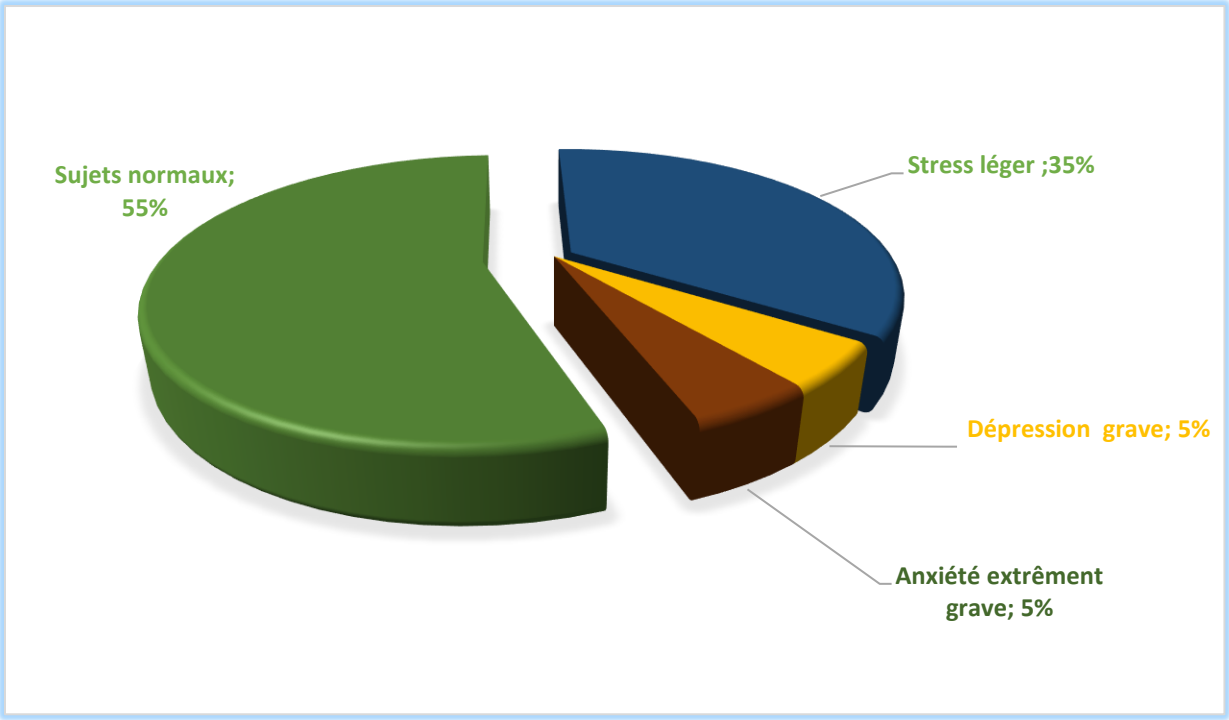
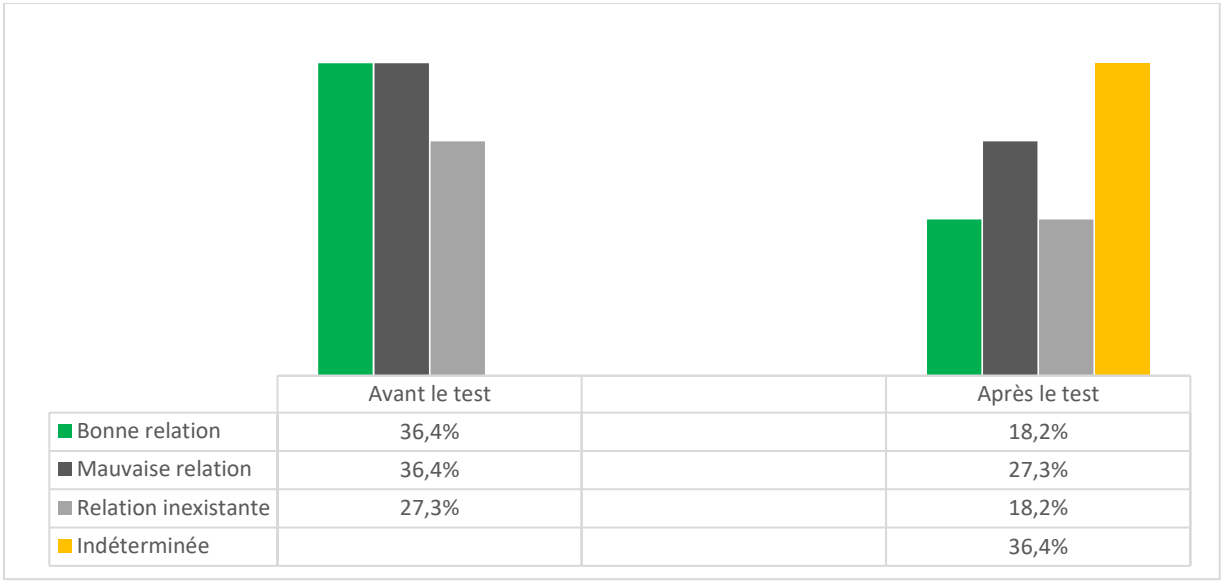


Figure 16 : Répartition des sujets selon les signes et la gravité de stress, de dépression et d'anxiété au cours de l'entretien en 2024.

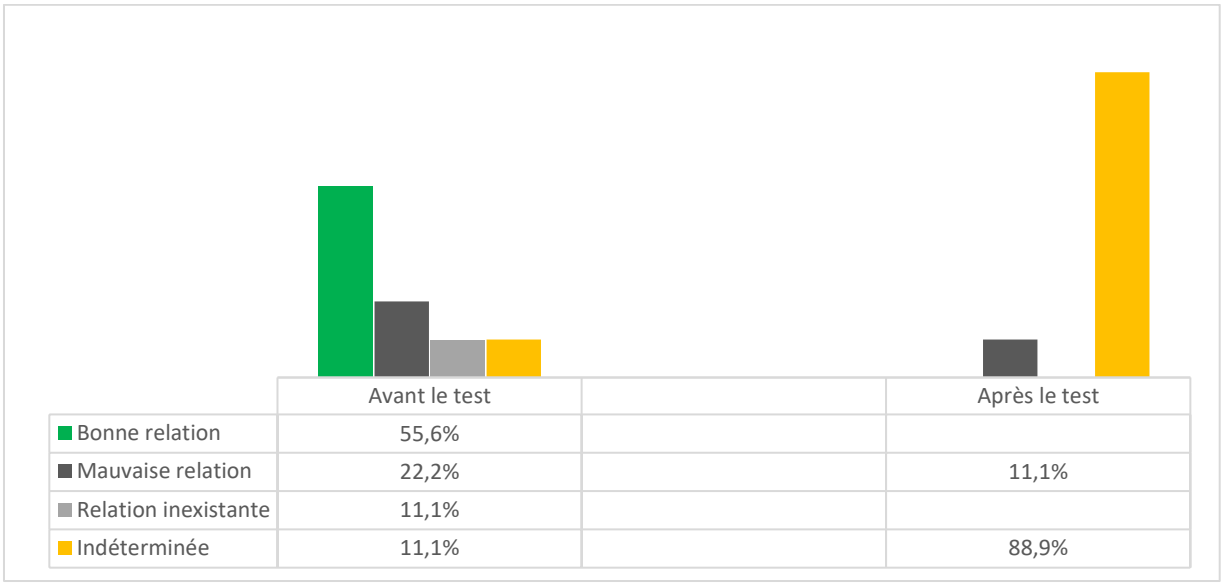
3.2.3. Vécu et ressentiments psychosociaux

Divers types de relation affective ont été recensés, en fonction du résultat du test (confer figures 17 et 18).



	Avant le test		Après le test
Bonne relation	36,4%		18,2%
Mauvaise relation	36,4%		27,3%
Relation inexistante	27,3%		18,2%
Indéterminée			36,4%

Figure 17 : Répartition des types de relation entre les co-parents en cas de paternité confirmée au laboratoire de cytogénétique de la FSS Cotonou au cours de la collecte de juin-octobre 2024



	Avant le test		Après le test
Bonne relation	55,6%		
Mauvaise relation	22,2%		11,1%
Relation inexistante	11,1%		
Indéterminée	11,1%		88,9%

Figure 18 : Répartition des types de relation entre les co-parents en cas de paternité infirmée au laboratoire de cytogénétique de la FSS Cotonou au cours de la collecte de juin-octobre 2024

Des mots particuliers (verbatims) ont été utilisés par le présumé père et la mère. Ces verbatims sont consignés en encadrés.

➢ Vignette psychosociale

- Avant l'annonce des résultats

Contexte : concerne un homme (HO) âgé de 35 ans, d'origine béninoise, vivant à l'étranger, marié dans son pays de résidence, père de deux enfants issus d'une relation avant son mariage. Venu en vacances sur le territoire national, a eu une relation extra conjugale avec la mère de l'enfant pour qui le test a été demandé. La raison de la demande exprimée par le père présumé était de s'assurer de sa paternité, pour pouvoir faire face aux éventuelles complications dans sa vie familiale. Les encadrés 1 et 2 relèvent les verbatims avant et après le test demandé par M. HO.

Encadré 1 : Verbatim pour exprimer la situation de la demande de test de HO, avant le résultat

- *Père présumé : « Je veux être sûr qu'elle ne me colle pas la grossesse parce qu'elle a besoin d'argent »*
- *Mère : « pas de soucis, c'est son enfant, j'en suis sûre »*

Après le test, le résultat est revenu négatif ; l'enfant n'était donc pas celui du père présumé

- Après l'annonce des résultats

L'entretien après l'annonce du résultat a été assez touchant.

Encadré 2 : Verbatim pour exprimer la situation après le résultat du test demandé par HO

- *Père présumé : « C'est dommage pour l'enfant, mais j'en ai fini »*
- *Mère : « Je ne peux pas garder l'enfant, je ne sais pas si je peux m'en sortir »*

3.2.4. Représentation sociale de la demande

La demande d'identification de filiation intervient quand les sujets rentrent en conflit avec la tradition. Car il existe des stratégies de reconnaissance d'un enfant par rapport à son père

ou globalement, à sa famille paternelle : divination ou consultation des oracles, notamment, la géomancie ou fâ, reconnaissance sur des traits physiques forts. On inspecte chez le nouveau-né :

1) **Des traits génétiques,** avec des caractéristiques physiques comme le teint de la peau, des caractéristiques du contour des cheveux, la forme du visage, comme indices. Ils ne sont toutefois pas toujours suffisants pour une identification certaine.
2) **Une ressemblance familiale** est recherchée à travers des traits similaires dont disposent certains membres de la famille du père. Notons qu'une certaine ressemblance peut être le fait du hasard.
3) **Des caractéristiques particulières,** comme des marques de naissance, sont aussi clamées (un nævus par exemple).
4) **Reconnaissance sociale** : dans de nombreuses cultures africaines, la paternité peut être établie par la reconnaissance sociale. Si un homme reconnaît publiquement un enfant comme le sien, il est généralement accepté comme le père, sous le regard imprimé de fierté (assez souvent) de la mère de l'enfant. Avec les cérémonies traditionnelles d'installation dans la lignée paternelle, la reconnaissance est d'emblée formalisée, et l'enfant intégré dans la lignée paternelle.
5) **Nom et clan** : les diverses cérémonies comme la présentation de l'enfant au cosmos (*sunkiko* en fon), selon la culture traditionnelle paternelle, dans le système patrilinéaire, la "cérémonie de nommage", le rituel d'intégration du nouveau-né dans la famille paternelle, consacrent la paternité.

Avec la croissance, on peut observer, des éléments comportementaux, des gestuelles ou des conduites sociales, vestimentaires ou posturales pour déclarer l'appartenance d'un enfant à une famille.

Cependant, le test de paternité est de plus en plus accepté par la tradition, qui lui reconnait une forte fiabilité, et, une certaine concordance est remarquée entre le verdict traditionnel et le verdict scientifique.

4. DISCUSSION

4.I. VOLET GÉNÉTIQUE

La discussion des résultats s'articule autour de trois points :

- le niveau d'atteinte des objectifs fixés et de vérification des hypothèses;
- la qualité et la validité des données ;
- les commentaires des résultats, leur comparaison avec ceux d'autres études similaires et les suggestions qu'ils appellent en nous.

4.I.I. Niveau d'atteinte des objectifs fixés et de vérification des hypothèses

Au terme de l'étude et au vu des résultats obtenus, nous pouvons affirmer que les deux derniers objectifs spécifiques assignés à cette étude ont été atteints et que les deux premières hypothèses émises au début de notre étude ont été confirmées.

4.I.2. Qualité et validité des données

La technique d'échantillonnage était un regroupement exhaustif pour le nombre de résultats à encoder.

Cette technique de sélection a permis d'avoir un échantillon suffisamment grand pour être représentatif de la population d'étude ; étant donné qu'il s'agit d'une étude de génétique de la population un échantillonnage de cette taille est hautement recommandé pour avoir le maximum de représentativité possible.

Bien qu'un grand soin ait été pris pour s'assurer de l'appartenance de notre échantillon à la population béninoise, il est possible qu'une petite portion incluse ne comportait que de façon partielle des individus ayant des ascendants non béninois, dans ce cas il pourrait y avoir quelques biais dans les résultats.

Cela s'explique par le fait que la sélection a été faite pour la plupart sur une base subjective. C'est-à-dire, basée soit sur une photocopie de la carte d'identité figurant dans le dossier des sujets ayant effectués un test à partir de l'année 2014 ; soit pour les dossiers des sujets ayant effectué un test avant cette période, la sélection a été faite sur la base de l'origine la

plus probable du nom de famille, ainsi qu'une vérification à partir d'une base de noms de famille béninois.

Les sujets portant des noms famille dont l'origine béninoise soulevait le doute, ont été systématiquement écarté ; bien qu'ils auraient pu l'être par filiation sur une lignée ou plus. Malgré qu'ils portent des noms de famille béninois, ils auraient très bien pu n'être béninois par filiation qu'à 50 % voire 25 %, par alliance, par résidence, par adoption ou par naturalisation.

Tant de raisons justifiant la présence de biais, du fait du caractère valide de la mesure du critère de nationalité béninoise par filiation.

Pour rappel, l'analyse génétique a été effectuée avec les marqueurs génétiques adéquats, notamment les STR. De même, les paramètres conformes à la génétique de la population ont été bien exploités.

4.1.3. Polymorphisme des STR

Le nombre d'allèles varie considérablement : les STR les moins polymorphes, tels que TPOX et D13S317, présentent chacun (9 allèles), tandis que le STR D18S51, qui est le plus polymorphe, compte jusqu'à (30 allèles) ; suivi par le FGA avec (27 allèles). Ces mêmes résultats avaient été retrouvés dans les travaux réalisés par Azonbakin et al., au Bénin en 2020 [11]. Ces derniers avaient montré que le STR D18S51 était également le plus polymorphe mais avec (26 allèles) ; de même, le STR D13S317 était révélé comme étant le moins polymorphe (7 allèles). Aussi, le STR D18S51 avait été retrouvé comme le plus polymorphe dans les études réalisées par El Ossmani et al., en 2007 et Dahbi et al., en 2023 où ces derniers avaient étudié la diversité génétique de 15 STR dans deux différentes populations marocainnes [6,8]. Il y'a une similitude commune au niveau des STR les plus polymorphes ; spécifiquement le D18S51 qui s'est avéré être le plus polymorphe pour les quatre différentes études citées un peu plus haut dans la discussion. Contrairement, une étude réalisée par Lendoye et al.,[9] au Gabon en 2023 où les STR les plus polymorphes étaient D21S11 (16 allèles) et FGA (17 allèles). Ensuite vient le D18S51 qui semble être

le plus polymorphe au sein des deux populations évoquées, le FGA suit avec 17 allèles au Gabon (2023) et 27 allèles au Bénin (2024).

La population béninoise montre une plus grande homogénéité pour le STR D13S317. Parmi les STR les moins polymorphes, où l'allèle 12 est le plus fréquent avec 0.443. Cet allèle est suivi par l'allèle 11 avec 0.270, présent chez environ de la population, et l'allèle 13 avec 0.200. Ce résultat est en conformité avec l'étude réalisée par Azonbakin et al., en 2020 où il apparaissait également que l'allèle 12 avait la plus haute fréquence à 0.452 sur le D13S317 [11]. Par contre, ils sont en contradiction avec l'étude réalisée par El Ossmani et al., [6] où l'allèle qui présentait la fréquence la plus élevée avec 0,419 était également le 12, mais cette fois-ci rencontré au niveau du STR D5S818 (12 répétitions). En outre, les STR D3S1358 et TH01 étaient moins polymorphes, avec seulement cinq allèles chacun [9]. Cette observation souligne le fait que même parmi les STR hautement polymorphes, certains allèles peuvent être plus fréquents que d'autres.

Les allèles 7 et 8 du STR TPOX, les allèles 7 et 8 sont les plus fréquents, chacun étant présent chez environ 30% de la population. Cela signifie que ces deux allèles combinés sont partagés par 60% des individus.

En revanche, le STR D18S51, bien que le plus polymorphe avec 30 allèles, montre une certaine prépondérance pour l'allèle 18 qui est exprimé chez 12% de notre population d'étude.

Pour dix STR sur les quinze, le nombre d'allèles ne dépasse pas quinze (15), montrant une certaine concordance avec les travaux de Lendoye et al., où sur les vingt-deux (22) STR testés, onze étaient hautement polymorphes tandis que les autres STR avaient moins de dix (10) allèles [9].

4.1.4. Équilibre de Hardy-Weinberg

La population d'étude n'était en équilibre de Hardy-Weinberg que pour le STR D8S1179 avec une p à 0.055. Cet équilibre retrouvé dans l'étude est différent de celui retrouvé dans les travaux réalisé par Azonbakin et al., [11]. Ces derniers avaient trouvé que neuf des STR

(hormis D21S11, D7S820, D18S51, THO1, D5S818 et FGA) sur les quinze étudiés étaient en équilibre de Hardy-Weinberg. Cependant, les travaux réalisés dans la population arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer par El Ossmani et al., ont montré que cette population était en équilibre de Hardy-Weinberg pour tous les STR, à l'exception des deux STR D16S539 et FGA dont l'écart de l'équilibre s'est révélé significatif même après l'application de la correction de Bonferroni [6,8]. Aussi, un écart significatif par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg a été détecté pour trois marqueurs : TH01, VWA et D18S51 dans les travaux de Dahbi et al., grâce à la correction de Bonferroni [8]. Les écarts par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg ont été observés pour les STR TPOX, D3S1358, CSFPO et D7S820 dans les travaux de Lendoye et al., [9].

Lorsque nous considérons les travaux réalisés dans ces trois différents pays, Bénin (2024), Maroc (2023) et Gabon (2023), au plus 18,18% de ces populations seraient en équilibre génétique avec pour la population béninoise un pourcentage de 6,67 %. Seule la population bissau-guinéenne était en équilibre de Hardy-Weinberg pour tous les STR selon Gonçalves et al., en Guinée-Bissau en 2002 [10].

Nous constatons ici que seule l'étude datant des débuts de l'an 2000 a révélé une population en équilibre génétique. Ce manque d'équilibre relaté dans les études les plus récentes signifierait qu'à un moment ou à un autre, il y a eu une ou plusieurs conditions non remplies telles que : une taille de la population de plus en plus réduite ce qui favoriserait des effets du hasard (dérive génétique) ; l'apparition de nouvelles mutations donc des modifications dans l'ADN qui changeraient les allèles ; la présence de migration, donc plus de (flux de gènes) dans la population ; la présence de sélection naturelle amputant ainsi le droit à tous les génotypes d'avoir les mêmes chances de survie et de reproduction ; ou encore la non pratique d'un accouplement aléatoire avec les individus qui ne se reproduisent pas de manière aléatoire, sans préférence pour un partenaire particulier basé sur le génotype. Tant de facteurs pourraient être à la base de ces écarts remarqués au sein de ces populations différentes. La fréquence des allèles s'en trouve donc

naturellement impactée. Ainsi, de plus amples études devraient être menées afin d'identifier la cause ou les causes exactes de ces écarts de l'équilibre de Hardy-Weinberg afin de détecter les forces évolutives en action ou pour étudier des événements comme le flux de gènes, les goulots d'étranglement démographiques, et les sélections naturelles agissant sur ces populations.

Une autre question se pose, ces écarts seraient-t-ils liés à l'évolution des pratiques humaines et donc de son génome ? Ou est-ce qu'une étude plus récente en Guinée-Bissau montrerait également une déviation à l'heure actuelle de l'HWE. Pour répondre à cette question et retenir comme facteur commun les pratiques évolutives liées aux temps et non une exclusivité à la population bissau-guinéenne. Une étude similaire plus récente a été faite dans la même population. Cependant, celles retrouvées n'étaient pas suffisamment récentes, soit plus récente mais s'aidant des STR chromosomiques (X-STR) comme celle de Gomes et al., réalisé en 2017 sans toutefois faire cas de l'HWE [55].

4.1.5. Capacité d'identification des STR

Le STR D18S51 en plus d'être le plus polymorphe, apparait comme celui ayant le plus d'informations sur le Polymorphisme à (0.915), le plus grand Pouvoir Discriminant à (0.986) ; le plus grand Pouvoir d'Exclusion à (0.837), la plus grande hétérozygotie à (0.920) et l'Index de Paternité le plus élevé à (6.257). Ces résultats sont similaires à ceux obtenus en 2020 par Azonbakin et al., [11] qui montraient le STR D18S51 comme étant également celui possédant le plus grand Pouvoir Discriminant à (0.99) ainsi qu'ayant le plus grand Contenu des informations sur le polymorphisme à (0.92).

Les résultats de l'étude par El Ossmani et al., (2007) montraient que le STR D18S51 qui faisait partir des deux plus polymorphes avec 13 allèles, présentait également l'un des pouvoirs discriminants les plus forts, soit 0,961. Le lien entre le PIC et le polymorphisme d'un marqueur STR est ainsi donc indéniable.

La présente étude, montrant le D13S317 comme le STR ayant le plus faible Contenu des Informations sur le Polymorphisme à 0,636 ; le plus faible Pouvoir Discriminant à 0,760 ;

le plus faible Pouvoir d'exclusion à 0,410, la plus faible hétérozygotie à 0,688, le plus faible index de paternité à 1,603 et la plus grande homozygotie à 0,312. Une similitude supplémentaire avec celle d'El Ossmani et al., où le STR D13S317 était non seulement le moins polymorphe, mais également celui ayant le plus faible Pouvoir Discriminant à 0,75 et ayant le plus faible Contenu des Informations sur le Polymorphisme à 0,63.

Selon les résultats présents, l'hétérozygotie varie de 0,688 sur le D13S317 à 0,920 sur le D18S51, similaires à ceux de Azonbakin et al., [11] où l'hétérozygotie variait de 0,63 sur le STR D13S317 mais plutôt à 0,89 sur le STR D2S1338. Cette hétérozygotie minimale (sur le STR D2S1338) retrouvée dans l'étude de Azonbakin et al., était la même que celle retrouvée dans l'étude de Bouabdellah et al., au Maroc en 2008 [7].

Les résultats actuels montrent un Pouvoir d'exclusion variant de 0,410 sur le D13S317 à 0,837 sur le D18S51, partiellement similaires à ceux de Azonbakin et al., [11] où le Pouvoir d'exclusion variait de 0,33 sur le D13S317 à 0,78 sur le D2S1338 contrairement aux résultats actuels.

Le pouvoir de discrimination combiné (CPD), pouvoir d'exclusion combiné (CPE) et indice de paternité combiné (CPI) sont tous égaux à 1 dans la présente étude, tandis que chez Azonbakin et al., [11] Le pouvoir de discrimination combiné (CPD) était dit supérieur à 0,9999999999, pouvoir d'exclusion combiné (CPE) était dans l'ordre de 0,9999 et indice de paternité combiné (CPI) non précisé ; similaire à Bouabdellah et al.,[11] Le pouvoir de discrimination combiné (CPD) était dit supérieur à 0,9999999999, pouvoir d'exclusion combiné (CPE) était dans l'ordre de 0,9999 et indice de paternité combiné (CPI) non précisé ; similaire à Bouabdellah et al., (2008) [7] où le pouvoir de discrimination combiné pour les 15 loci STR était de 0,99999999.

Sur la présente étude, le CPE est de 1, sans aucun lien avec Bouabdellah et al., (2008) [7] la probabilité combinée d'exclusion de paternité pour les 15 STR était de 0,9999 [7].

Les valeurs les plus élevées dans les travaux réalisés par Dahbi et al., [8], des PIC et PD ont été observées au STR D18S51 (0,883 et 0,972, respectivement), tandis que les valeurs

les plus faibles ont été observées au STR CSF1PO (0,700 et 0,889, respectivement). Cela est similaire au PIC de la présente étude, qui est le plus élevé est à (0,915) et le PD à (0,986) sur chacun sur le D18S51.

4.1.6. L'allèle 12

L'allèle 12 semble être le plus fréquent, non seulement au sein de différentes populations, mais également sur différents STR. Il est apparu sur le VWA chez les Mandingues et les Peuls, deux groupes ethniques connus pour être historiquement liés aux Nord-Africains. Il est également apparu dans les populations de Madère et des Açores en population de la Guinée-Bissau en 2002 par Gonçalves [10]. Cette observation est en conformité avec l'étude réalisée par Azonbakin et al., [11] en 2020 où il apparaissait également que l'allèle 12 avait la plus haute fréquence à 0.452 sur le D13S317.AZONBAKIN et al., [11] en 2020 où il apparaissait également que l'allèle 12 avait la plus haute fréquence à 0.452 sur le D13S317.

Les résultats de cette présente étude ont eux aussi montré que même parmi les STR les moins polymorphes notamment le D13S317, une grande majorité de la populati on possède l'allèle 12 avec une fréquence de 0.443. Il ne semble alors pas erroné de dire que cet allèle est le plus fréquemment exprimé par plusieurs individus, non seulement au sein de différentes ethnies de la même population ; mais aussi au sein de populations différentes. Cependant, cet allèle 12 n'est pas toujours exprimé sur le même STR.

Les deux études menées au Bénin convergent sur la fréquence de l'expression de l'allèle 12 sur le même STR, tandis que celle en Guinée-Bissau sur un autre STR. La discrimination quant à l'appartenance au pays d'origine semblerait pouvoir se faire selon le STR dont il est question. Cette affirmation a été confirmée par une étude réalisée sur une population afro-américaine en 2001 ; elle montrait l'allèle 7 comme étant la plus fréquente à 0,4250 sur le THO1 [56]. Cette même comparaison a été faite sur une population du sud-Espagne avec l'allèle 14 à 0,371 pour le D19S433 [57].

L'allèle 12 semble donc être plus spécifique aux populations africaines, et encore plus spécifique à celles en Afrique de l'ouest.

4.2. VOLET PSYCHOLOGIQUE DU TEST DE PATERNITÉ

Sur la base de nos résultats, la demande du test ne semblait pas impacter significativement l'état psychologique des demandeurs (55 % de sujets normaux VS 35 % de sujets présentant un stress léger). Nos résultats ne corroborent pas avec ceux de Betti Cusso, Toussaint Éva et Nadia Daam [12,49,50] qui disaient : « Toute décompensation psychologique ou psychiatrique est possible face à une vérité de laboratoire jamais imaginé jusque-là. Toute une vie peut chambouler dans tous les sens ».

Ces différences pourraient s'expliquer par plusieurs raisons, notamment dû à la faible taille de notre échantillon, les temps entourant l'administration du questionnaire et l'annonce du résultat du test.

4.3. VOLET SOCIAL DU TEST DE PATERNITÉ

4.3.1. Contexte de demande du test

Le contexte de la demande de test étant principalement le soupçon d'infidélité du co-parent (76.9%), dans un environnement matrimonial marqué par le concubinage, les relations passagères et le multi partenariat, la demande de test semble se justifier d'un point de vue socio culturel par un besoin de clarification. La tranche d'âge majoritaire [26-30] de l'échantillonnage de la collecte prospective pourrait également justifier un besoin d'affirmation sexuel important. Vouloir de relations sexuelles ne signifie plus de nos jours être prêt pour assumer une responsabilité parentale. On utilise alors la voie de plus en plus facile de demande de test de paternité. Si auparavant, la tradition se fiait à la divination, à divers rituels ou à la recherche de traits physiques de ressemblance, de nos jours, la recherche de paternité est plutôt scientifique et objective

4.3.2. Contexte après l'annonce des résultats

Suivant l'échantillonnage prospectif de la présente étude, la qualité de la relation entre coparents semblait se détériorer quel que soit l'issue du test.

Les personnes ressources enquêtées ont fait ressortir des déterminants spécifiques auxquels ne pouvaient réfléchir à chaud, les personnes impliquées dans une demande de test. Pour ces personnes, quand bien même le test confirme la paternité, le seul fait d'avoir douté de la mère de l'enfant génère une crise de confiance entre les deux familles (de la mère et du supposé père).

Par ailleurs le projet pour soi-même paraissait incertain pour les demandeurs et la garde de l'enfant semblait impossible pour les demandeurs en cas de résultats négatifs. L'annonce des résultats doit absolument être accompagnée afin d'aider à l'élaboration d'une ébauche de résilience à suivre.

Le manque de moyens financiers semble pousser certaines mères à attribuer la paternité à leur compagnon de passage ou non engagé dans un projet de liens solides, mais qui dispose de plus que le minimum financier. Le choc est énorme au désengagement de cet homme, après l'annonce du résultat. Parfois, la mère ne sait vraiment pas, qui est le géniteur de son enfant. Un enfant « sans père » a des difficultés à s'insérer dans la société et dans la vie, si ses grands parents ne lui tendent pas largement la main. Parfois, le père est connu, mais ne veut pas assumer sa fonction. Autant le test de paternité est complexe et cher à bien des égards, autant la tradition appose des stratégies de décharge pour réajuster les faits sociaux et endiguer les perturbations psychologiques.

4.4. LIMITES DE L'ETUDE

Lors de la réalisation de ce travail, quelques limites sont apparues en fonction du volet :

- Volet génétique

La principale préoccupation a été de s'assurer que 100% des demandeurs de test ADN étaient bien d'origine Béninoise, avec des ascendants issus de lignées Béninoises. La validité de cette mesure aurait pu être supérieure si celle-ci (la mesure) avait pu l'être avec

exactitude. En effet l'idéal aurait été d'avoir une entrevue avec les 1 181 sujets dont les résultats ont été pris en compte, afin de pouvoir s'assurer qu'ils ont chacun des ascendants Béninois, idéalement au-delà d'une lignée. Ou sinon à défaut, d'avoir la confirmation de leur nationalité répertoriée dans le registre du laboratoire dédié à cet effet.

- Volet psychologique

En considérant l'outil d'évaluation (questionnaire), les conditions de son utilisation et l'échelle de temps de ladite évaluation, il serait souhaitable de parfaire l'étude psychologique avec un échantillonnage plus important ainsi qu'un suivi dans le temps.

- Volet socio-culturel

En considérant le cadre et l'outil utilisé pour l'étude de l'aspect socio-culturel, les limites relevées sont : le suivi sur le long terme, l'évolution de la relation entre les coparents et/ou l'enfant ainsi que la taille limitée de l'échantillonnage peu représentatif.

CONCLUSION

La population béninoise présente une grande diversité linguistique et socioculturelle, mais aussi génétique. Sur le plan de la diversité génétique, elle est marquée par le STR D18S51 qui est le plus polymorphe avec 30 allèles et l'allèle 12 semble y être le plus prépondérant à 45%.

Pour ce qui est du test de paternité, sa demande est souvent associée à un conflit socio culturel important, à une honte unilatérale ou bilatérale, et est accompagnée d'une charge émotionnelle non négligeable au sein de la population béninoise représentée.

La détermination d'une filiation par un test ADN entraine des répercussions négatives entre les co-parents.

Il est donc indispensable qu'une équipe pluridisciplinaire travaille en concertation, de bout en bout, pour assurer l'accueil, la réalisation, le suivi de la demande des tests d'ADN, l'annonce et la gestion des résultats. Cette équipe doit comprendre, entre autres, le généticien, le médecin demandeur du test, le psychologue ou le psychiatre/pédopsychiatre et l'assistant social.

Des études sur la problématique doivent se poursuivre dans tous les volets, pour une meilleure compréhension et un allègement des charges de tous ordres, liés au test de filiation.

SUGGESTIONS

➢ À l'endroit du LHBRCGM

Nous proposons de mettre en place :

- Une équipe pluridisciplinaire pour travailler en concertation, de bout en bout, pour assurer le suivi de la demande des tests d'ADN, l'annonce et la gestion des résultats ;
- Une équipe constituée, d'un psychologue ou d'un psychiatre/pédopsychiatre pour l'accompagnement et le suivi psychologique ;
- Un socio-anthropologue ou sociologue pour les cas ayant une forte dimension sociale ;
- Un assistant social pour les cas nécessitant un accompagnement de leur domaine ;
- Une stratégie de large vulgarisation et de disponibilité sans faille des tests génétiques, afin de permettre aux agents du corps médical et à la population d'en avoir connaissance ;
- Un système d'archivage électronique fin, de l'ensemble de la base des données cumulées au fil des années ;
- Un formulaire à remplir par les demandeurs de test ADN contenant des informations relatives à leurs données socio-démographiques telles que le sexe biologique, la nationalité biologique, l'ethnie, l'âge, les croyances religieuses, les professions, et un résumé des raisons de la demande des tests concernés, tout en maintenant l'anonymat ;
- Un échantillonnage pour une autre étude similaire, avec une répartition par ethnie, afin d'avoir les éléments nécessaires à l'élaboration d'un kit STR plus spécifique à la population béninoise ;
- Une stratégie de subvention du test à mettre à disposition des moins nantis.

➢ À l'endroit de la **population béninoise**

Nous suggérons une meilleure éducation sexuelle :

- Prendre le temps de connaitre une personne avant de s'engager dans des relations sexuelles ;
- D'éviter les relations sexuelles avec des personnes dont ils n'envisagent pas d'avoir des enfants ;
- D'éviter les relations extra-conjugales les résultats en montrent les inconvénients sur le plan social et financier ;
- D'éviter le multi partenariat sexuel, d'utiliser des préservatifs ou encore mieux ; d'opter pour l'abstinence sexuelle avant le mariage.

Nous suggérons de prôner une meilleure communication au sein du couple

➢ À l'endroit de **l'état béninois** :

Nous suggérons d'exiger aux couples en union de fait, la réalisation d'un test de paternité lors de la déclaration de l'enfant pour éviter d'éventuels problèmes de succession futurs.

RÉFÉRENCES

[1] **Hünemeier T.** Biogeographic perspectives on human genetic diversification. Molecular Biology and Evolution 2024;41:1–8. https://doi.org/10.1093/molbev/msae029.

[2] **Henna BM, Cavalli-Sforzaa LL, and Feldman M.** The great human expansion. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 2012;109:17758–64. https://doi.org/10.1073/pnas.1212380109.

[3] **Henn BM, Botigué LR, Gravel S, Wang W, Brisbin A, Byrnes JK, et al.** Genomic ancestry of North Africans supports back-to-Africa migrations. PLoS Genetics 2012;8. https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1002397.

[4] **Fan H, Chu JY.** A Brief Review of Short Tandem Repeat Mutation. Genomics, Proteomics and Bioinformatics 2007;5:7–14. https://doi.org/10.1016/S1672-0229(07)60009-6.

[5] **Ameisen J, Cambien F, Dervaux B, Douay S, Gaudillière J, Julian-reynier C, et al.** HAL Id : hal-01572050 Tests génétiques Questions scientifiques , Expertise collective 2017.

[6] **El Ossmani H, Bouchrif B, Talbi J, El Amri H, Chafik A.** La diversité génétique de 15 STR chez la population arabophone de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer. Antropo 2007:55–62.

[7] **Bouabdellah M, Ouenzar F, Aboukhalid R, Elmzibri M, Squalli D, Amzazi S.** STR data for the 15 AmpFlSTR Identifiler loci in the Moroccan population. Forensic Science International: Genetics Supplement Series 2008;1:306–8. https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2007.10.123.

[8] **Dahbi N, Cheffi K, El Khair A, Habbibeddine L, Talbi J, Hilali A, et al.** Genetic characterization of the Berber-speaking population of Souss (Morocco) based on autosomal STRs. Molecular Genetics and Genomic Medicine 2023;11:1–9. https://doi.org/10.1002/mgg3.2156.

[9] **Lendoye E, Mombo LE, N'Negue ep. Mezui-Mbeng MA, Komba OM, Ngoungou EB, Abessolo FO et al.** Allelic frequencies of 22 short tandem repeats loci and tri-allelic patterns of Penta D and TPOX identified in Gabonese population. Scientific Reports 2023;13:1–13. https://doi.org/10.1038/s41598-023-47395-z.

[10] **Gonçalves R, Jesus J, Fernandes AT, Brehm A.** Genetic profile of a multi-ethnic population from Guiné-Bissau (west African coast) using the new PowerPlex® 16 System kit. Forensic Science International 2002;129:78–80. https://doi.org/10.1016/S0379-0738(02)00204-9.

[11] **Azonbakin S, Bigot C, Adjagba M, Debaly M, Darboux R.** Values of 15 STR in Beninese population's filiation test. IP International Journal of Forensic Medicine and Toxicological Sciences 2020;4:127–9. https://doi.org/10.18231/j.ijfmts.2019.029.

[12] **Betti-Cusso M.** Gene codant. Le Figaro 2014. https://www.lefigaro.fr/actualite-france/2014/01/03/01016-20140103ARTFIG00249-secrets-de-famille-ces-tests-adn-qui-devoilent-la-verite.php (accessed June 12, 2024).

[13] **Québec G.** Lexique 2024. https://genomequebec.com/lexique/ (accessed May 24, 2024).

[14] **Governement,** USA. National Human Genome Research Institute 2024:1. https://www.genome.gov/genetics-glossary/Allele (accessed May 2, 2024).

[15] **Mulsant P.** Glossaire général. INRAE Productions Animales 2011;24:405–8. https://doi.org/10.20870/productions-animales.2011.24.4.3273.

[16] **Loterre.** Glossaire de génétique moléculaire et génie génétique. 1st ed. Institut National de Recherche Agronomique; 2007.

[17] **Donohoue C.** Genetic Code. National Human Genome Research Institute 2024. https://www.genome.gov/genetics-glossary/Genetic-Code#:~:text=Genetic Code&text=Each gene's code uses the,each position within a protein. (accessed May 6, 2024).

[18] **Scitable LS** at. Hardy-Weinberg equation. Nature Education 2014:1. https://www.nature.com/scitable/definition/hardy-weinberg-equation-299/ (accessed May 6, 2024).

[19] **Gènes** _ GénomeQuébec inc. Génome Québec 2023.

https://genomequebec.com/glossary/genome/gènes (accessed May 24, 2024).

[20] **Okasha S.** Population Genetics. Stanford Encyclopedia 2022:1. https://plato.stanford.edu/entries/population-genetics/ (accessed May 2, 2024).

[21] **Ligne LR** en. Dictionnaire de définitions, synonymes | Dico en ligne Le Robert 2014. https://dictionnaire.lerobert.com/definition/panmixie (accessed May 2, 2024).

[22] **Brooks LD.** SNPs : Why Do We Care ? Humana Pres Inc, vol. 212, Totowa: 2003, p. 1–14.

[23] **Dubois C, Meriaux JC, Danvy S, Sabbagh M .**

Typage ADN et contrôle de filiation. Typage ADN 2018. https://equipedia.ifce.fr/economie-et filiere/reglementation/identification/typage-adn-et-controle-de-filiation (accessed September 5, 2024).

[24] **Département de Biologie** Extraction & observation d'ADN. Faculté Des Sciences, Université Libre de Bruxelles, Belgique: 2020.

[25] **Bitour H.** Extraction de l'ADN à partir des dents anciennes par la technique phénol-chloroforme. Université Saad Dahleb Blida, Algérie, 2012.

[26] **Jobling MA, Gill P.** Encoded evidence: DNA in forensic analysis. Nature Reviews Genetics 2004;5:739–51. https://doi.org/10.1038/nrg1455.

[27] **Ellegren H.** Microsatellites: Simple sequences with complex evolution. Nature Reviews Genetics 2004;5:435–45. https://doi.org/10.1038/nrg1348.

[28] **Birnboim HC, Doly J.** Laboratoire de Génétique Moleculaire, Institut de Recherche en Biologie Moleculaire, F-75221 Paris Cedex 05 F. Nucleic Acids Research. vol. 7, 1979. https://doi.org/10.1093/nar/7.6.1513.

[29] **Université de Tours.** Les outils de génétique moléculaire. Réseau GENET 2008. https://genet.univ-tours.fr/gen001300_fichiers/CHAP5D/GEN05D1EC2.HTM (accessed May 24, 2024).

[30] **France Biotechnologies.** Comment quantifier l'ADN et l'ARN 2024. https://www.francebiotechnologies.fr/tutoriel/comment-quantifier-l-39-adn-et-l-39-arn-2023-07-12 (accessed September 9, 2024).

[31] **Biomedicals M.** How to Quantify DNA with a Spectrophotometer 2024. https://www.mpbio.com/us/how-to-quantify-dna-and-rna (accessed September 10, 2024).

[32] **Barriel V.** Les étapes d'une PCR classique. Encyclopædia Universalis France 2024:2.

[33] ULP EDS de la V et S. Polymerase chain reaction method. vol. 45. 2004.

[34] **Wiki Auréa.** La technique PCR 2016. https://wiki.aurea.eu/index.php/La_technique_PCR (accessed September 5, 2024).

[35] **Applied Biosystems.** ABI PRISM ® 310 Genetic Analyzer User Guide. Part Number 4317588 Rev. B: 2001.

[36] **Applied Biosystems.** GeneMapper ® ID Software Versions 3.1 and 3.2 Human Identification Analysis Tutorial. Foster City, CA 94404 USA: 2004.available at https://assets.thermofisher.com/TFS-Assets/LSG/brochures/cms_040259.pdf (accessed October 30, 2024).

[37] **Alwi AR, Mahat NA, Salleh FM, Ishar SM, Kamaluddin MR, Rashid MRA.** Applications of X-Chromosome Short Tandem Repeats for Human Identification: A Review. Journal of Tropical Life Science 2023;13:187–212. https://doi.org/10.11594/jtls.13.01.19.

[38] **Monfared HH, Fahimi H, Ebrahimzade H, Naghavi MR, Babaei A, Monfared H.** Comparative analysis of Y-chromosomal short tandem repeats (YSTRs) polymorphism in an Iranian Sadat subpopulation 2006.

[39] **Applied Biosystems.** AmpFlSTR® Identifiler® PCR Amplification Kit,2004., p. 1–6.

[40] **Hadjer B.** Extraction de l ' ADN à partir des dents anciennes par la technique Phénol-Chloroforme Phénol. Université Saad Dahleb Blida, Algérie, 2012.

[41] **Chakraborty R.** DNA Forensics PowerPoint Presentation. DNA Forensics, University of Cincinnati College of Medecine: Slide Serve; 2019, p. 7.

[42] **Haber M.** Study of human genetic diversity : inferences on population origin and history. Universitat Pompeu Fabra Barcelona, 2013.

[43] **Malecot G.** Les modèles stochastiques en génétique de population, HAL; 2023, p. 173–210.

[44] **Butler JM.** Fundamentals of Forensic DNA Typing. Angewandte Chemie International Edition, 6(11), 951–952., 2009.

[45] **Butler JM.** Forensic DNA Typing. Journal of Chemical Information and Modeling, vol. 53, 2013, p. 1689–99.

[46] **Malécot G.** Population (French Edition). La Génétique de population: Principes et applications, vol. 10. French Edi, Institut National d'Etudes Démographiques; 2015, p. 239–62.

[47] **Casillas S, Barbadilla A.** Molecular population genetics. Genetics 2017;205:1003–35. https://doi.org/10.1534/genetics.116.196493.

[48] **Lander ES, Linton LM, Birren B, Nusbaum C, Zody MC, Baldwin J, et al.** Erratum: Initial sequencing and analysis of the human genome: International Human Genome Sequencing Consortium (Nature (2001) 409 (860-921)). Nature 2001;412:565–6. https://doi.org/10.1038/35087627.

[49] **Toussaint É.** Les enjeux psychologiques de la consultation de génétique. Du Nouveau Dans La Psycho 2021:120–34. https://doi.org/10.3917/chaso.brun.2021.01.0122.

[50] **Daam N.** Un enfant sur trente ne serait pas celui du père déclaré. 10/05/2009 à 00h00 • Mis à Jour Le 11/05/2009 2009.

[51] **Graeme V.**

Bénin • Fiche pays • Population Data 2021. https://www.populationdata.net/pays/benin (accessed September 2, 2024).

[52] **Benin Metro Area Population 1950-2022** | MacroTrends. Macrotrends 2022. https://www.macrotrends.net/cities/20888/cotonou/population (accessed September 3, 2024).

[53] **Rivki M, Bachtiar AM, Informatika T, Teknik F,** Indonesia UK. DASS21 Scale n.d.:1–2.

[54] **Keenan K.** DiveRsity : An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors diveRsity. vol. 4, 2018, p. 782–8.

[55] **Gomes I, Pereira PJP, Harms S, Oliveira AM, Schneider PM, Brehm A.** Genetic characterization of Guinea-Bissau using a 12 X-chromosomal STR system: Inferences from a multiethnic population. Forensic Science International: Genetics 2017;31:89–94. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.08.016.

[56] **Budowle B, Shea B, Niezgoda S, Chakraborty R.** CODIS STR for 41 populations. vol. 46(3):453-. n.d.

[57] **Saiz M, Haarkötter C, Martinez-Gonzalez LJ, Alvarez JC, Lorente JA.** Genetic Population Flows of Southeast Spain Revealed by STR Analysis. Genealogy 2023;7:1–14. https://doi.org/10.3390/genealogy7020029.

ANNEXES

ANNEXE I

Attestation de libre consentement des demandeurs de test de filiation au laboratoire de cytogénétique de la faculté des sciences de la santé de Cotonou

ATTESTATION DE LIBRE CONSENTEMENT

Je soussigné **Monsieur** _____ déclare ce qui suit :

De commun accord avec **Madame** _____à notre libre et exclusive demande et sur réquisition de notre médecin conseil le **Docteur** _____ adressée au Laboratoire de Cytogénétique et Biologie Moléculaire Humaine de la Faculté des Sciences de la Santé de Cotonou (Université d'Abomey-Calavi), il est procédé à des tests en vue d'affirmer ou d'infirmer ma paternité vis-à-vis de **l'Enfant prénommé** _____ né de **Madame** _____

J'accepte que les résultats desdits tests ne soient communiqués qu'au seul **Docteur** _____et qu'ils ne sauraient avoir une valeur légale.

En foi de quoi la présente attestation est délivrée sans aucune forme de contrainte pour servir et valoir ce que de droit.

Fait à Cotonou le _____

Ont signé

Monsieur _____

Madame _____

ANNEXE 2

Attestation de conformité des demandeurs de test de filiation au laboratoire de cytogénétique de la faculté des sciences de la santé de Cotonou

ATTESTATION

Nous soussignés, **Monsieur** _____et **Madame** _____ reconnaissons nous être rendus au Laboratoire de Cytogénétique de la Faculté des Sciences de la Santé de Cotonou (Université d'Abomey-Calavi) aux fins de prélèvements pour recherche de paternité.

Nous attestons avoir assisté en personne au prélèvement et reconnaissons que les trois échantillons numérotés comme suit proviennent effectivement de la personne à qui il est attribué selon cette numérotation à savoir :

1-ADN _____ **Correspond à** _____

2-ADN _____ **Correspond à** _____

3-ADN _____ **Correspond à** _____

Nous attestons aussi que les noms et prénoms ainsi que le numéro correspondant à chacun des trois personnes ont été consignés convenablement dans le registre du Laboratoire de Cytogénétique de la Faculté des Sciences de la Santé de Cotonou.

En foi de quoi la présente attestation est délivrée sans aucune forme de contrainte pour servir et valoir ce que de droit.

Fait à Cotonou le _____

Ont signé

Monsieur _____

Madame _____

ANNEXE 3

Questionnaire d'évaluation des aspects socio-anthropologiques des motifs, motivations et conséquences relationnelles chez les demandeurs de test de filiation (test ADN) au laboratoire de cytogénétique de Cotonou

Numéro d'identification : _____

Date : _____

I. Documentation des profils sociologiques :

- Situation matrimoniale : marié(e) légalement /religieusement ou en union de fait (concubinage) ?
- Age :
- Sexe :
- Appartenance religieuse :
- Nationalité :
- Ethnie :
- Venez-vous d'une ville ou d'un village ?
- Êtes-vous déconnecté de votre culture ?
- Est-ce pour tous les enfants que vous voulez demander le test ou pour un enfant qui semble un peu différent des autres ?
- L'enfant ou les enfants pour qui le test a été demandé a-t-il ou ont-ils subi des rites de naissance ? Par exemple, ; cérémonie de sortie ?

2. Prise de décision de la réalisation du test :

- Qui est le demandeur ?
  i. Quelles sont vos raisons ?
  ii. Quelqu'un vous a-t-il suggéré de le faire ?
  iii. Est-ce pour confirmer des soupçons ?
  iv. Qu'avez-vous ressenti pour vouloir d'un test ADN ?

3. Relations entre partenaires :

AVANT LE TEST

- Quelle est la nature de la relation entre les 2 coparents avant la demande du test ?

APRES LE TEST

- Comment est la relation entre les 2 coparents ?
- Si le test est positif (filiation confirmée) :

  À la mère :

  1) Le saviez-vous ? Ou en étiez-vous sûre ?
  2) Qu'avez-vous ressenti lorsque le coparent a voulu d'un test ?
  3) Comment vous sentiez-vous pendant l'attente du résultat ?
  4) Comment vous sentez-vous maintenant que le résultat est sorti ?

  Au père :

  1) Le saviez-vous ? Ou en étiez-vous sûr ?
  2) Comment a réagi la coparente lorsque vous avez voulu du test ?
  3) Comment vous sentiez-vous pendant l'attente du résultat ?
  4) Comment vous sentez-vous maintenant que le résultat est sorti ?

- Si le test est négatif (filiation infirmée) :

  À la mère :

  5) Le saviez-vous ? Ou en étiez-vous sûre ?
  6) Qu'avez-vous ressenti lorsque le coparent a voulu d'un test ?
  7) Comment avez-vous réagi ?
  8) Comment vous sentiez-vous pendant l'attente du résultat ?
  9) Comment vous sentez-vous maintenant que le résultat est sorti ?
  10) Qu'envisagez-vous pour le futur de votre couple ?
  11) Qu'envisagez-vous pour le futur de votre enfant ?
  12) Qu'envisagez-vous pour votre futur à vous-même ?

Au père :

1) Le saviez-vous ? Ou en étiez-vous sûr ?
2) Qu'avez-vous ressenti pour vouloir d'un test ?
3) Comment vous sentiez-vous pendant l'attente du résultat ?
4) Comment vous sentez-vous maintenant que le résultat est sorti ?
5) Qu'envisagez-vous pour le futur de votre couple ?
6) Qu'envisagez-vous pour le futur de votre relation avec l'enfant ?
7) Qu'envisagez-vous pour votre futur à vous-même ?

ANNEXE 4

Questionnaire pour l'évaluation de l'état psychologique

ÉVALUATION DE L'ÉTAT PSYCHOLOGIQUE CHEZ LES DEMANDEURS DE TEST DE FILIATION (TEST ADN) AU LABORATOIRE DE CYTOGÉNÉTIQUE DE COTONOU

Numéro d'identification : _____

_____

Date : _____

_____

VARIABLES EVALUEES
REPONSES

- **Physiques :**
  Ressentez-vous des symptômes ?

Oui
Non

- **Psychologiques :**
  Appréciation du niveau de dépression, d'anxiété et de stress à l'aide du score ci-dessous

Ne s'applique pas du tout à moi

S'applique un peu à moi, ou une partie du temps

S'applique beaucoup à moi, ou une bonne partie du temps

S'applique entièrement à moi, ou la grande majorité du temps

DEPRESSION

J'ai été conscient(e) d'avoir la bouche sèche

0
I
2
3

J'ai eu de la difficulté à respirer (par exemple, respirations excessivement rapides, essoufflement sans effort physique)

0
I
2
3

J'ai eu des tremblements (par exemple, des mains)

0
I
2
3

Je me suis inquiété(e) en pensant à des situations où je pourrais paniquer et faire de moi un(e) idiot(e)

0
I
2
3

J'ai eu le sentiment d'être presque pris(e) de panique

0
I
2
3

J'ai été conscient(e) des palpitations de mon cœur en l'absence d'effort physique (sensation d'augmentation de mon rythme cardiaque ou l'impression que mon cœur venait de sauter)

0
I
2
3

J'ai eu peur sans bonne raison

0
I
2
3

ANXIETE

J'ai eu l'impression de ne pas pouvoir ressentir d'émotion positive

0
I
2
3

J'ai eu de la difficulté à initier de nouvelles activités.

0
I
2
3

J'ai eu le sentiment de ne rien envisager avec plaisir

0
I
2
3

Je me suis senti(e) abattu(e)

0
I
2
3

J'ai été incapable de me sentir enthousiaste à propos de quoique ce soit

0
I
2
3

J'ai eu l'impression de ne pas valoir grand-chose comme personne

0
I
2
3

J'ai eu l'impression que la vie n'avait pas de sens

0
I
2
3

STRESS

J'ai trouvé difficile de décompresser

0
I
2
3

J'ai eu tendance à réagir de façon exagérée

0
I
2
3

J'ai eu l'impression de dépenser beaucoup d'énergie nerveuse

0
I
2
3

Je me suis aperçu que je devenais agité(e)

0
I
2
3

J'ai eu de la difficulté à me détendre

0
I
2
3

J'ai été intolérant(e) à tout ce qui m'empêchait de faire ce que j'avais à faire

0
I
2

3

J'ai eu l'impression d'être assez susceptible

0
I
2
3

Interprétation du score

Troubles	Total de points * 2 (/42)
Dépression	
Anxiété	
Stress	

Signification	Dépression Anxiété Stress
Normal	0-9 0-7 0-14
Léger	10-13 8-9 15-18
Modéré	14-20 10-14 19-25
Grave	21-27 15-19 26-33
Extrêmement grave	28+ 20+ 34+

Conclusion :

ANNEXE 5

Tableau VI : Questions du score Échelles de Dépression, d'Anxiété et de Stress (EDAS 21)

Veuillez lire chaque énoncé et indiquez lequel correspond le mieux à votre expérience au cours de la dernière semaine, en encerclant le chiffre qui y correspond, soit 0, 1, 2 ou 3. Il n'y a pas de bonne ou de mauvaise réponse. Ne vous attardez pas trop longuement sur les énoncés.

L'échelle de notation est la suivante :

0 Ne s'applique pas du tout à moi
1 S'applique un peu à moi, ou une partie du temps
2 S'applique beaucoup à moi, ou une bonne partie du temps
3 S'applique entièrement à moi, ou la grande majorité du temps

1	J'ai trouvé difficile de décompresser	0	1	2	3
2	J'ai été conscient(e) d'avoir la bouche sèche	0	1	2	3
3	J'ai eu l'impression de ne pas pouvoir ressentir d'émotion positive	0	1	2	3
4	J'ai eu de la difficulté à respirer (par ex. respirations excessivement rapides, essoufflement sans effort physique)	0	1	2	3
5	J'ai eu de la difficulté à me motiver à commencer de nouvelles activités	0	1	2	3
6	J'ai eu tendance à réagir de façon exagérée	0	1	2	3
7	J'ai eu des tremblements (par exemple, des mains)	0	1	2	3
8	J'ai eu l'impression de dépenser beaucoup d'énergie nerveuse	0	1	2	3
9	Je me suis inquiété(e) en pensant à des situations où je pourrais paniquer et faire de moi un(e) idiot (e)	0	1	2	3
10	J'ai eu le sentiment de ne rien envisager avec plaisir	0	1	2	3
11	Je me suis aperçu(e) que je devenais agité(e)	0	1	2	3
12	J'ai eu de la difficulté à me détendre	0	1	2	3
13	Je me suis senti(e) triste et déprimé(e)	0	1	2	3
14	Je ne tolérais aucune chose qui empêchait de faire ce que j'avais à faire	0	1	2	3
15	J'ai eu le sentiment d'être presque pris(e) de panique	0	1	2	3
16	J'ai été incapable de me sentir enthousiaste au sujet de quoi que ce soit	0	1	2	3
17	J'ai eu le sentiment de ne pas valoir grand-chose comme personne	0	1	2	3
18	J'ai eu le sentiment être très irritable	0	1	2	3
19	J'ai été conscient(e) des palpitations de mon cœur en l'absence d'effort physique (par ex. sensation d'un rythme cardiaque accéléré, de manquer un battement)	0	1	2	3
20	J'ai eu peur sans bonne raison	0	1	2	3
21	J'ai eu l'impression que la vie n'avait pas de sens	0	1	2	3

Source : [53]

Les questions de l'EDAS-21 correspondant à la dépression, à l'anxiété et au stress sont mentionnées dans le tableau V ci-dessous.

Tableau VII : Questions de l'EDAS-21 correspondant à la dépression, à l'anxiété et au stress

Question	Trouble	Question	Trouble	Question	Trouble
1	Stress	8	Stress	15	Anxiété
2	Anxiété	9	Anxiété	16	Dépression
3	Dépression	10	Dépression	17	Dépression
4	Anxiété	11	Stress	18	Stress
5	Dépression	12	Stress	19	Anxiété
6	Stress	13	Dépression	20	Anxiété
7	Anxiété	14	Stress	21	Dépression

Source [53]

À chaque question est attribuée une note de dépression, d'anxiété ou de stress. Le modèle pour les deux côtés de la feuille est à utiliser. On additionne les notes pour chaque échelle. Pour la version courte (21 énoncés), la somme est à multiplier par 2 et comparée au contenu du tableau VI, pour l'interprétation.

Tableau VIII : Interprétation du niveau de dépression, d'anxiété et de stress selon le score EDAS-21

Signication	Dépression	Anxiété	Stress
Normal	0-9	0-7	0-14
Léger	10-13	8-9	15-18
Modéré	14-20	10-14	19-25
Grave	21-27	15-19	26-33
Extrêmement grave	28+	20+	34+

Source : [53]

ANNEXE 6

DECLARATION SUR L'HONNEUR DE CONFIDENTIALITE DES DONNEES PERSONNELLES

Je soussigné, _____, médecin cytogénéticien, exerçant au laboratoire de cytogénétique de la Faculté des Sciences de la Santé de Cotonou, déclare sur l'honneur que les données personnelles fournies par monsieur _____dans le cadre de la contre-expertise pour le test de filiation seront traitées avec la plus grande confidentialité.

Je m'engage à :

1. Utiliser les résultats uniquement à des fins scientifiques sans mentionner les données personnelles.
2. Ne pas divulguer les données personnelles à des tiers sans le consentement explicite de monsieur _____, sauf si la loi l'exige.
3. Assurer la protection des données personnelles contre toute forme d'accès non autorisé, de modification, de divulgation ou de destruction.
4. Respecter les dispositions légales en vigueur relatives à la protection des données personnelles.

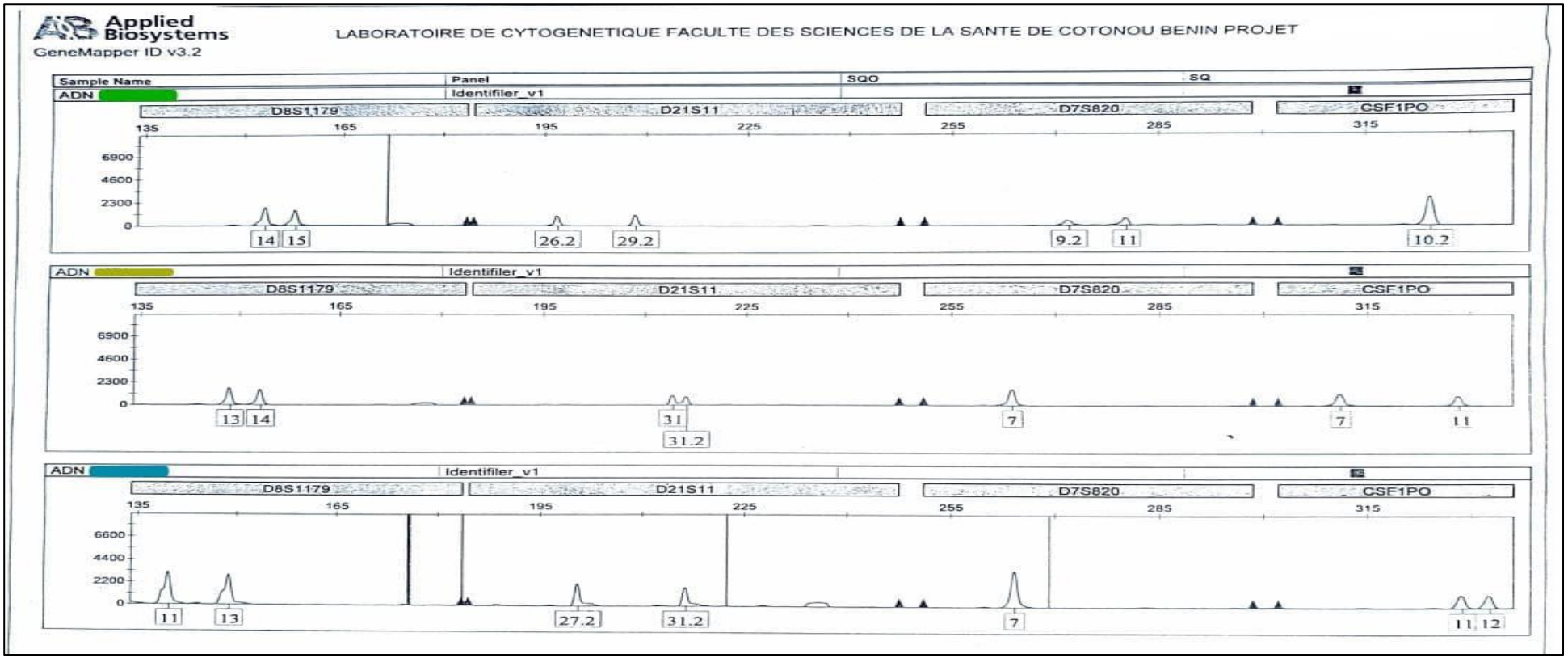
Je prends l'engagement de respecter strictement les principes de confidentialité et de sécurité des données et de les conserver de manière sécurisée pendant la durée nécessaire, conformément aux normes et réglementations en vigueur.

Fait à Cotonou, le _____

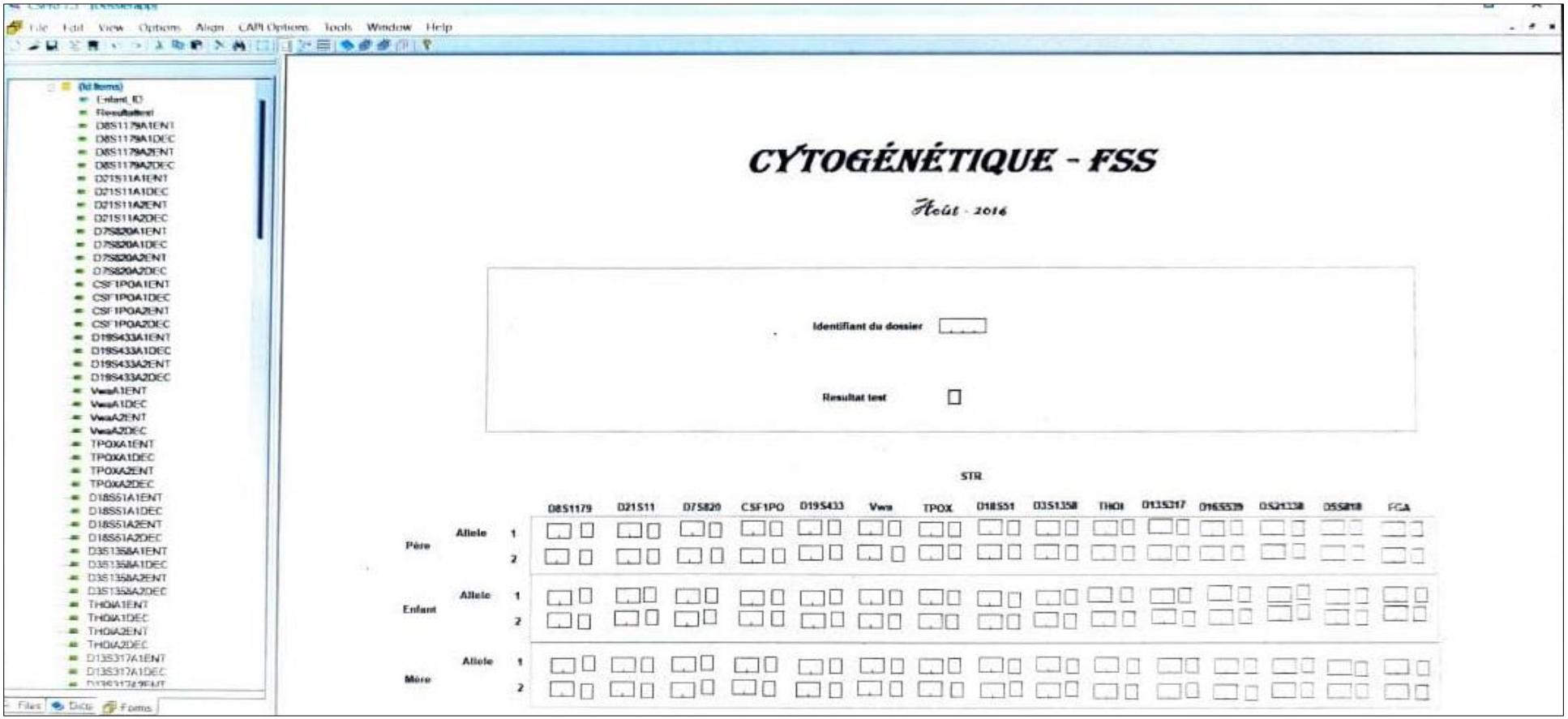
Par _____

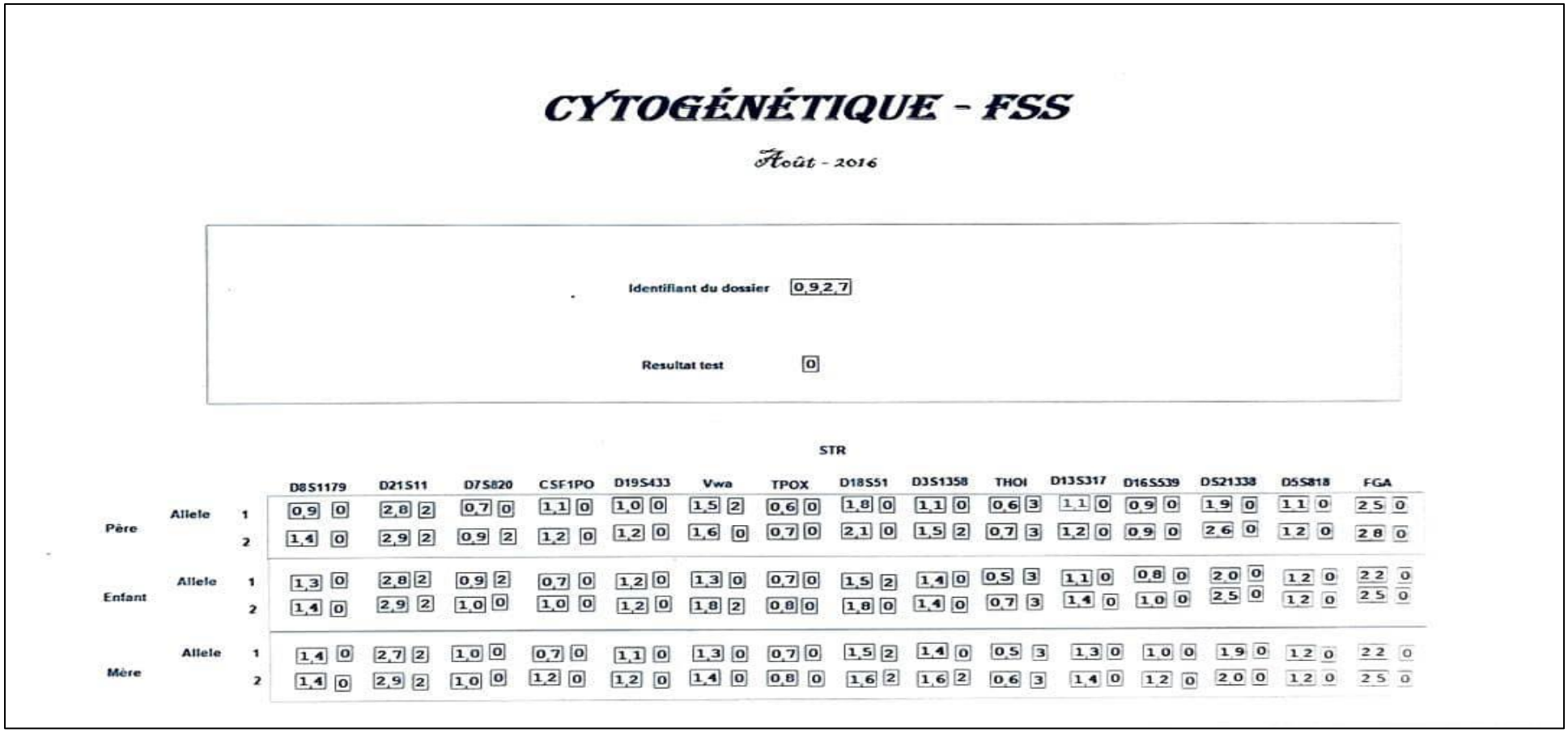
ANNEXE 7

Aperçu d'un résultat de test de paternité montrant quatre systèmes STR avec les allèles présentés par le père présumé, l'enfant, et la mère avant encodage



Aperçu de l'interface du logiciel d'encodage CS Pro 7.3.





CYTOGÉNÉTIQUE - FSS

Août - 2016

Identifiant du dossier 0,9,2,7

Resultat test 0

STR

			D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D19S433	Vwa	TPOX	D18S51	D3S1358	THOI	D13S317	D16S539	DS21338	DSS818	FGA
Père	Allele	1	0,9 0	2,8 2	0,7 0	1,1 0	1,0 0	1,5 2	0,6 0	1,8 0	1,1 0	0,6 3	1,1 0	0,9 0	1,9 0	1,1 0	2,5 0
		2	1,4 0	2,9 2	0,9 2	1,2 0	1,2 0	1,6 0	0,7 0	2,1 0	1,5 2	0,7 3	1,2 0	0,9 0	2,6 0	1,2 0	2,8 0
Enfant	Allele	1	1,3 0	2,8 2	0,9 2	0,7 0	1,2 0	1,3 0	0,7 0	1,5 2	1,4 0	0,5 3	1,1 0	0,8 0	2,0 0	1,2 0	2,2 0
		2	1,4 0	2,9 2	1,0 0	1,0 0	1,2 0	1,8 2	0,8 0	1,8 0	1,4 0	0,7 3	1,4 0	1,0 0	2,5 0	1,2 0	2,5 0
Mère	Allele	1	1,4 0	2,7 2	1,0 0	0,7 0	1,1 0	1,3 0	0,7 0	1,5 2	1,4 0	0,5 3	1,3 0	1,0 0	1,9 0	1,2 0	2,2 0
		2	1,4 0	2,9 2	1,0 0	1,2 0	1,2 0	1,4 0	0,8 0	1,6 2	1,6 2	0,6 3	1,4 0	1,2 0	2,0 0	1,2 0	2,5 0

Aperçu du format sous lequel apparait un résultat de test de paternité contenant les quinze systèmes STR dans le logiciel CS Pro 7. 3.

Après encodage

ANNEXE 8

Protocole d'extraction de l'ADN du LHBRCGM

PREPARATION DES REACTIFS POUR L'EXTRACTION D'ADN

1. Préparation de T10E1 qsp 1 litre

- 10 ml de Tris HCl 1M pH 8.1 + 2 ml d'EDTA 0.5M + H2O distillée
- 10 ml de Tris HCl 1M + 10 ml d'EDTA 100mM + H2O distillée

2. Préparation de la solution d'homogénéisation

Pour préparer 200 ml, il faut :

Urée……...……96.096g
NaCl……...…….3.506g
Dodécylsulfate de sodium (DS)……4g
Solution $T_{10}E_1$……..……200 ml

3. Préparation du phénol-chloroforme isoamylique

- 1 ml d'alcool isoamylique
- 24 ml de chloroforme
- 25 ml de phénol

EXTRACTION D'ADN A PARTIR DU SANG TOTAL :

METHODE PHENOL-CHLOROFORME OU METHODE ORGANIQUE

- Prélever 5 ml de sang sur tube EDTA et congeler (-20°).
- Dégeler et transvaser dans un tube falcon de 50 ml.
- Ajouter 25 ml de tampon $T_{10}E_1$ puis homogénéiser.
- Centrifuger à 4000 tours par minute pendant 25 minutes.
- Décanter puis ajouter à nouveau 25 ml de tampon $T_{10}E_1$ puis homogénéiser.
- Centrifuger à nouveau à 4000 tours pendant 25 minutes.
- Décanter puis ajouter 25 ml de tampon d'homogénéisation.
- Incuber à 37°C pendant au moins une heure ou toute une nuit.
- A ce mélange ajouter 5 ml de mélange phénol-chloroforme.
- Turbuler pendant 25 minutes au minimum puis centrifugé à 4000 tours pendant 25 minutes.
- Prélever la phase aqueuse supérieure sans prendre l'interface.
- Ajouter à cette phase aqueuse deux fois son volume d'éthanol absolu refroidi à -20°C.
- Homogénéiser modérément ce mélange. L'ADN de précipite donnant de fin filaments blancs.
- Mettre le tube à -20°C. (facultatif)
- Centrifuger à nouveau à 4000 tours pendant 25 minutes

- Eliminer le surnageant puis laver le culot deux fois avec de l'éthanol à 70° refroidi.
- Laisser sécher le tube puis resuspendre l'ADN dans 200µl de $T_{10}E_{1.}$
- Remettre l'ADN en suspension en ajoutant de l'eau mili-Q.
- Aliquoter cette suspension d'ADN dans un tube eppendorf puis congeler à -20°C.

NB : - On peut aussi utiliser les tubes eppendorfs.

- La centrifugation se fait à 18000 tours par minutes pendant 10 minutes.
- Lorsqu'on met le mélange phénol-Chloroforme, la centrifugation se fait à 8000 tours par minute pendant 10 minutes.

EXTRACTION D'ADN A PARTIR DU LIQUIDE AMNIOTIQUE

- Aliquoter 1.3 ml de liquide dans un tube eppendorf stérile de 1.5 ml préalablement étiqueté.
- Centrifuger à 18000 tours pendant 10 minutes à 24°C.
- Décanter puis ajouter encore au culot 1.3 ml de liquide.
- Centrifuger à 18000 tours pendant 10 minutes à 24°C.
- Décanter puis ajouter au culot 400µl de tampon d'homogénéisation.
- Vortexer puis incuber à l'étuve à 37°C pendant 2 heures ou toute une nuit.
- Ajouter 400µl de mélange phénol-chloroforme et turbuler pendant 25 minutes.
- Centrifuger à 8000 tours pendant 10 minutes à 24°C.
- Pipeter la phase aqueuse supérieure dans un tube eppendorf de 1.5 ml étiqueté.
- Ajouter à la phase aqueuse deux volumes d'éthanol absolu préalablement refroidit à -20°C.
- Homogénéiser modérément
- Remettre le tubes à -20°C pendant 2 heures. (facultatif)
- Centrifuger à 18000 tours pendant 10 minutes à 24°C
- Eliminer le surnageant.
- Laver le culot avec 1 ml d'éthanol à 70° préalablement refroidit à -20°C.

- Centrifuger à 18000 tours pendant 10 minutes à 24°C.
- Eliminer le surnageant et laisser sécher le tube à la température ambiante.
- Ajouter au culot séché 25µl de l'eau mili-Q.
- Vortexer afin de bien dissoudre le culot.
- Conserver à -20°C.

ANNEXE 9

Principe du test de paternité

PRINCIPE DU TEST DE PATERNITE

A l'exclusion des globules rouges et des cellules germinales, toutes les cellules de notre organisme comportent au niveau de leur noyau 23 paires de chromosomes. Ceux-ci sont constitués essentiellement d'acide désoxyribonucléique ou ADN et existent en deux exemplaires identiques. L'un est hérité du père et l'autre de la mère. Les milliards de paires de base qui composent l'ADN de chaque individu réalisent une FORMULE UNIQUE, différente d'un individu à l'autre, à l'exception des vrais jumeaux.
L'étude des séquences de l'ADN permet de caractériser cette formule unique de l'arrangement du matériel génétique d'un individu, en particulier grâce aux marqueurs dits minisatellites et microsatellites. Chaque système mini ou microsatellites étudié est composé d'une ou deux bandes représentant chacune un fragment de chromosome de l'individu. Etant donné que les chromosomes d'un enfant proviennent pour moitié de sa mère et pour moitié de son père, une des bandes observées doit obligatoirement être retrouvée chez sa mère et l'autre obligatoirement chez son père. Le test de paternité étudie donc un ou plusieurs systèmes micro ou minisatellites qui sont analysés simultanément chez l'enfant, sa mère et son père présumé. Une bande observée chez l'enfant et absente chez la mère doit obligatoirement être d'origine paternelle.

Deux possibilités peuvent dès lors se présenter :

1° **Confirmation de paternité** : pour chacun des systèmes testés, la bande paternelle obligée de l'enfant est présente chez le père présumé. La probabilité qu'un individu pris au hasard dans la population présente pour tous les systèmes testés, une bande correspondante à la bande paternelle obligée de l'enfant est très faible.

2° **Exclusion de paternité** : pour plusieurs systèmes testés, la bande paternelle obligée de l'enfant n'est pas retrouvée chez le père présumé. Une probabilité très faible de transmission d'une bande modifiée (mutée) par les parents à leur enfant doit être prise en compte. Dans ce cas, l'enfant présente pour un système donné, une bande qui n'est pas retrouvée chez ses parents biologiques. La probabilité qu'un tel événement de mutation se produise (Pm) est très faible, elle peut être estimée à 1/400. Si pour plusieurs systèmes testés, la bande paternelle obligée de l'enfant n'est pas présente chez le père présumé, il faudrait qu'autant d'événements rares de mutation se soient produits pour établir sa paternité biologique. Or, au-delà de deux, la probabilité d'un tel événement devient négligeable, elle est inférieure à $(1/400)^2$ soit 0,000006. Dans cette situation, la paternité peut donc être exclue.

Remarque : dans certains cas plus complexes, il est possible d'établir la paternité en l'absence du père présumé par comparaison des profils génétiques de l'enfant, de la mère et d'une ou plusieurs personnes apparentées au père présumé.

ANNEXE 10

Certificat d'analyse

Date d'émission: 20/11/2024
Compte évaluateur: KPADONOU MERVEILLE

AUTEUR DU DOCUMENT : KPADONOU Michèle
TITRE DU DOCUMENT : ÉTUDE DE LA POPULATION BÉNINOISE À L'AIDE DES STR ET ASPECT PSYCHO-SOCIAL DU TEST DE PATERNITÉ AU LABORATOIRE DE CYTOGÉNÉTIQUE (FSS, COTONOU)

e-Plagiat est un évaluateur certifié de prévention et de détection de plagiat intelligent et autonome basé sur l'IA

Type de document	Nombre de mots	Nombre de pages (approximatif)	Taux de plagiat	Taux de IA
Thèse	25000	100	2.67%	-%

M. Pierre ROUAN

Ce document est signé électroniquement et certifié.
Le fichier constitue un original électronique de valeur probatoire, il est enregistré sous la référence suivante :

5baf8681370efd401df117dd4af2c6aa15a0

e-plagiat.online, 1er évaluateur de plagiat en Afrique basé sur l'Intelligence artificielle

TABLE DES MATIÈRES

LISTE DU PERSONNEL ENSEIGNANT iii
SOMMAIRE ii
DÉDICACE iv
ACTION DE GRÂCES iv
REMERCIEMENTS viii
HOMMAGES xvii
LISTE DES ABRÉVIATIONS, ACRONYMES ET DES SIGLES xx
LISTE DES TABLEAUX – ENCADRÉS ET DIAGRAMME xxiii
LISTE DES FIGURES xxv
INTRODUCTION 1
1. GÉNÉRALITÉS 5
1.1. DÉFINITION DE CONCEPTS 6
1.2. Acide DÉSOXYRIBONUCLÉIQUE (ADN) 10
1.2.1. Structure 10
1.2.2. Polymorphisme de l'ADN 13
1.2.3. Méthodes d'analyse du génome 15
1.3. MICROSATELLITES OU SHORT TANDEM REPEATS (STR) 20
1.3.1. Description des STR 20
1.3.2. Types de STR 21
1.3.3. Moyens d'étude des STR 23
1.3.4. Classification des STR 24
1.3.5. Caractéristiques des STR 24
1.3.6. Nomenclature des STR 25
1.3.7. Utilités des STR 26
1.3.8. Études sur les STR en Afrique 27
1.4. CONCEPTS DE BASE EN GÉNÉTIQUE DE LA POPULATION 32
1.4.1. Données des populations 32
1.4.2. Génération d'une base de données ADN d'une population [45–48] 33
1.4.3. Définition des principaux indicateurs utilisés 33
1.4.4. Équilibre de Hardy-Weinberg 35
1.4.4.1. Conditions nécessaires pour l'équilibre de Hardy-Weinberg 35
1.4.4.2. Formule de Hardy-Weinberg 36
1.4.4.3. Importance du modèle de Hardy-Weinberg 37
1.5. APERÇU DE L'ASPECT PSYCHO-SOCIAL DES TESTS DE FILIATION 37
1.5.1. Besoin de demande de test d'ADN 37
1.5.2. Aspect psychosocial du test ADN 37
1.5.3. Gestion de l'inconfort psychologique 40
1.5.4. Tests ADN et représentation sociale 40
2. CADRE, MATÉRIEL ET MÉTHODES D'ÉTUDE 42
2.1. CADRE D'ÉTUDE 43
2.1.1. Le Bénin 43
2.1.2. La ville de Cotonou 43
2.1.3. Le Laboratoire d'Histologie Biologie de la Reproduction Cytogénétique et Génétique médicale (LHBRCGM) -Unité de Biologie Humaine 43
2.2. MATÉRIEL D'ÉTUDE 44
2.3. MÉTHODES D'ÉTUDE 44
2.3.1. Type d'étude et période d'étude 44
2.3.2. Population d'étude 45
2.3.3. Échantillonnage 45

2.3.4. Variables 46
2.3.5. Technique et déroulement de la collecte 50
2.3.6. Traitement et analyse des données 51
2.4. DifficultÉs 52
2.5. ASPECTS ÉTHIQUES ET RÉGLEMENTAIRES 52
3. RÉSULTATS 53
3.1. RÉSULTATS DU VOLET GÉNÉTIQUE 54
3.1.1. Polymorphisme des STR 54
3.1.2. Capacité d'identification des STR 62
3.2. RÉSULTATS DU VOLET PSYCHOSOCIAL 64
3.2.1. Variables sociodémographiques des demandeurs de test de paternité 64
3.2.2. Volet psychologique 65
3.2.3. Vécu et ressentiments psychosociaux 68
3.2.4. Représentation sociale de la demande 69
4. DISCUSSION 71
4.1. VOLET GÉNÉTIQUE 72
4.1.1. Niveau d'atteinte des objectifs fixés et de vérification des hypothèses 72
4.1.2. Qualité et validité des données 72
4.1.3. Polymorphisme des STR 73
4.1.4. Équilibre de Hardy-Weinberg 74
4.1.5. Capacité d'identification des STR 76
4.1.6. L'allèle 12 78
4.2. VOLET PSYCHOLOGIQUE DU TEST DE PATERNITÉ 79
4.3. VOLET SOCIAL DU TEST DE PATERNITÉ 79
4.3.1. Contexte de demande du test 79
4.3.2. Contexte après l'annonce des résultats 80
4.4. LIMITES DE L'ETUDE 80
CONCLUSION 82
SUGGESTIONS 84
RÉFÉRENCES 87
ANNEXES 95
ANNEXE 1 97
ANNEXE 2 98
ANNEXE 3 99
ANNEXE 4 102
ANNEXE 5 108
ANNEXE 6 110
ANNEXE 7 111
ANNEXE 8 114
ANNEXE 9 119
ANNEXE 10 120
TABLE DES MATIÈRES 121

SERMENT D'HIPPOCRATE

Devant le peuple béninois et en présence des maîtres de cette faculté, de mes chers condisciples, devant l'effigie d'Hippocrate,

Je promets et je jure au nom de l'être suprême,

D'être fidèle aux lois de l'honneur et de la probité dans l'exercice de la médecine.

Je donnerai mes soins gratuits à l'indigent et n'exigerai jamais un salaire au-dessus de mon travail.

Je ne participerai à aucun partage clandestin d'honoraires.

Admis à l'intérieur des maisons, mes yeux ne verront pas ce qui s'y passe, ma langue taira les secrets qui me sont confiés et mon état ne servira pas à corrompre les mœurs ni à favoriser le crime.

Je ne permettrai pas que les considérations de religion, de nation, de race, de parti ou de classe sociale viennent s'interposer entre mon devoir et mon patient.

Je garderai le respect absolu de la vie humaine dès la conception. Même sous la menace, je n'admettrai pas de faire usage de mes connaissances médicales contre les lois de l'humanité. Respectueux et reconnaissant envers les maîtres, je rendrai à leurs enfants l'instruction que j'ai reçue de leurs parents.

Que les hommes m'accordent leur estime si je suis fidèle à mes promesses.

Que je sois couvert d'opprobres et méprisé de mes confrères si j'y manque.

JE LE JURE.

VU LE PRÉSIDENT DU JURY

VU LE DOYEN

VU ET PERMIS D'IMPRIMER

LE RECTEUR DE L'UNIVERSITE D'ABOMEY-CALAVI

RÉSUMÉ

Introduction : Les études de génétique des populations au moyen de courtes séquences répétées d'ADN ; Short Tandem Repeats (STR), aussi connues sous le nom de microsatellites, témoignent de la grande diversité humaine. Les STR sont de courtes séquences d'ADN répétées en tandem qui impliquent une unité répétitive de 1 à 10 paires de base, formant des séries d'une longueur allant jusqu'à 100 nucléotides. Les STR sont utilisés dans la réalisation des tests de paternité. Le résultat d'un tel test de filiation peut générer des conséquences sociales ou psychiques. Une demande de test de filiation motivée par l'existence de doutes quant à la paternité de l'individu, peut avoir un effet dévastateur, parfois irréversible sur sa famille et, par répercussion, sur sa sphère sociale immédiate. Trois volets ont donc été pris en compte, la génétique, le psychologique et le social.

Objectif : Étudier la diversité génétique de la population béninoise à l'aide de 15 STR et l'aspect psycho-social lié au test de filiation.

Cadre et méthodes d'étude : il s'est agi d'une étude transversale mixte à visée descriptive et analytique avec une collecte bidirectionnelle (rétrospective et prospective) des données dont le déroulement s'est fait au Laboratoire d'Histologie Biologie de la Reproduction Cytogénétique et Génétique médicale (LHBRCGM) –Unité de Biologie Humaine, à la Faculté des Sciences de la Santé (FSS) de l'Université d'Abomey-Calavi (UAC), Cotonou. La population a été celle d'individus de nationalité béninoise, ayant effectué un test de paternité au laboratoire de cytogénétique de Cotonou de 2008-2024, et ceux ayant accepté de participer à l'étude via un questionnaire avant et après le test. La collecte des données s'est déroulée de juin à octobre 2024, par un encodage des résultats et à l'aide un questionnaire.

Résultats : En lien avec le volet génétique, 1 181 tests de paternité ont été réalisés durant la période d'étude. Une disparité notable a été observée en termes de polymorphisme entre les 15 différents STR analysés, c'est-à-dire leur capacité à présenter de multiples allèles dans une population donnée. Le nombre d'allèles varie considérablement. Le STR D18S51 a été le plus polymorphe et a compté jusqu'à (30 allèles) suivi par le FGA avec (27 allèles) tandis que les STR les moins polymorphes, le TPOX et le D13S317, ont présenté chacun (9 allèles). Parmi les STR les moins polymorphes notamment le D13S317, une grande majorité de la population possédait l'allèle 12 avec une fréquence de 0.443.
En lien avec le volet psychologique au total 20 personnes ont été incluses, 55 % ne présentaient aucun trouble d'anxiété, de stress ni de dépression liée au test de paternité.
En lien avec le volet social, la tranche d'âge la plus fréquente était celle de 26-30 ans (40%). La situation matrimoniale la plus retrouvée était le concubinage (50%). On a noté une dégradation de la relation liée à la réalisation du test.
Conclusion : La population béninoise présente une grande diversité linguistique et socioculturelle, mais aussi génétique avec un grand polymorphisme.
La détermination d'une filiation par un test ADN entraine des répercussions négatives entre les co-parents. Il est donc indispensable qu'une équipe pluridisciplinaire constituée du généticien, du médecin demandeur du test, du psychologue ou du psychiatre/pédopsychiatre et de l'assistant social, travaille en concertation, de bout en bout.

Mots clés : génétique de population, STR, test de paternité, ADN, test ADN, anxiété stress dépression, population béninoise, psycho-social.

ABSTRACT

Introduction: Population genetics studies using Short Tandem Repeats (STR), also known as microsatellites, demonstrate great diversity amongst humans. STR are short tandemly repeated DNA sequences that involve a repeating unit of 1 to 10 base pairs, forming up to 100 nucleotides in length. They are used in performing paternity tests. The result of such a parentage test can generate social or psychological consequences. A request for a parentage test motivated by the existence of doubts as to the paternity of the individual can have a devastating, sometimes irreversible effect on the concerned family and, as a result, on their immediate social sphere. Three aspects were therefore considered in this study: genetics, psychological and social.

Objective: To study the genetic diversity of the beninese population using 15 STR and the psychosocial aspect linked to the paternity test.

Study setting and methods: this was a mixed cross-sectional study with a descriptive and an analytical aim, with a bidirectional data collection (retrospective and prospective) which was carried out at the Histology and Reproductive Biology Laboratory. Cytogenetics and Medical Genetics (LHBRCGM) – Human Biology Unit, at the Faculty of Health Sciences (FSS) of the University of Abomey-Calavi (UAC), Cotonou. The population of study was that of individuals of beninese nationality, who had carried out a paternity test at the Cotonou cytogenetics laboratory from 2008-2024, and those who agreed to participate in the study via a questionnaire before and after the test. Data collection took place from June to October 2024, by encoding the results and using a questionnaire.

Results: Pertaining to the genetic aspect, 1,181 paternity tests were carried out during the period of study. A notable disparity was observed in terms of polymorphism between the 15 different STR analyzed, that is, their ability to present multiple alleles in a given population. The number of alleles varies considerably. The D18S51 STR was the most polymorphic and had up to (30 alleles) followed by the FGA with (27 alleles) while the least polymorphic STR, TPOX and D13S317, each had (9 alleles). Among the least polymorphic STR, notably D13S317, a large majority of the population possessed allele 12 with a frequency of 0.443.
Pertaining to the psychological aspect, a total of 20 people was included, 55% did not present any anxiety, stress or depression disorders linked to the paternity test.
Pertaining to the social aspect, the most common age group was 26-30 years old (40%). The most common marital situation was cohabitation (50%). We noted a deterioration of the relationship between the involved parents linked to the making of the test.

Conclusion: The beninese population presents great linguistic and sociocultural diversity, but also genetic diversity with great polymorphism. Determining parentage through a DNA tests has negative repercussions between co-parents. It is therefore essential that a multidisciplinary team made up of the geneticist, the doctor requesting the test, the psychologist or psychiatrist/child psychiatrist and the social worker, works together, from start to finish.

Key words: population genetics, STR, paternity test, DNA, DNA test, anxiety stress depression, beninese population, psychosocial.