

République Algérienne Démocratique et Populaire

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

UNIVERSITE de TLEMCCEN

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie et Sciences de la Terre et de l'Univers

Département d'Ecologie et Environnement

*Laboratoire de valorisation des actions de l'Homme pour la protection de  
l'environnement et application en santé publique*



## MEMOIRE

Présenté par

**Benedjadi Abderrahmane**

*En vue de l'obtention du*

**Diplôme de MASTER**

**En : Génétique des populations**

**THÈME**

Caractérisation anthropo-génétique de la population Endogame de  
Tlemcen dans la région de Tlemcen par les groupes sanguins et  
morbidity

Soutenu le /10/2020, devant le jury composé de :

Qualité	Nom	Grade	
Président :	Mme. AOUAR M.A	PROFESSEUR	Université Tlemcen
Encadreur :	Mr BELKHATIR D	M.C.B	Université Tlemcen
Co-Encadreur :	Mr MOUSSOUNI A	Maître de recherche A	C.N.R.P.A.H.Tlemcen
Examineur :	Mr SIDI YAKHLEF A	M.C.A	Université Tlemcen

Année Universitaire: 2019-2020

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

*Je dédie ce travail*



*A mes chers parents*

*Pour vos mains qui ont tant travaillées,*

*Pour votre cours qui m'a ton donné,*

*Mes frères*

*Mes Sœurs*

*A toute ma famille, proche ou éloignée*

*A tous mes enseignants de l'université Abou Bekr Belkaïd-  
Tlemcen*

*Aux étudiants de la promotion Génétique de population  
2019/2020*

## **Remerciements**

*Je tiens tout d'abord à remercier Dieu le tout puissant et miséricordieux, qui nous a dotés de la merveilleuse faculté de raisonnement, de m'avoir donnée la force et la patience d'accomplir ce Modeste travail.*

*Nous voilà arriver au bout d'une expérience enrichissante, pleine de rebondissement Mais avant tout inoubliable partager avec une personne chère de qualité et de valeur. Et après ce qui a été un parcours d'acharnement et de persévérance, nous voici avec l'accomplissement d'un travail qui n'aurait pas eu lieu sans la présence et l'encouragement de moult personne.*

*Je remercie particulièrement mon encadreur **Mr Djamel Belkhatir** Merci d'avoir transmis votre énergie, idées et conseils précieux et vos discussions constructives. Vous aviez été un guide sans faille et une source d'encouragement et d'inspiration tout le long de notre travail.*

*J'adresse un énorme merci à mon Co-encadreur **Mr Moussouni Abdellatif** pour les paroles encourageantes et réconfortantes, les conseils et la disponibilité qu'il a fait preuve à mon égard lors de mes doutes, ainsi qu'à ses innombrables services.*

*Je souhaite aussi adresser mon gratitude à **Mme Aouar-Métri A**, pour ses nombreux conseils, et sa gentillesse. Merci d'avoir orientées.*

*Je souhaiterais remercier les membres du jury de ma thèse, et **Mr Sidi Yekhlaf Adel** qui ont accepté de juger ce travail et pour le temps qu'ils ont accordé à la lecture de cette thèse et à l'élaboration de leurs rapports :*

*Ce travail n'aurait pu aboutir sans l'aide de nombreuses personnes. Que me pardonnent celles que j'oublie ici.*

*Enfin, je remercie également tous mes collègues du la promo de Génétique de population pour le soutient au moment difficiles, et amis.*

*Merci pour tout.*



## Table de matière

<b>INTRODUCTION GENERALE</b>	<b>01</b>
<b>1- SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE</b>	<b>02</b>
<b>1-1 Historique</b>	<b>02</b>
<b>1-2 Polymorphisme des groupes sanguins</b>	<b>02</b>
1-2-1 Systèmes et antigènes des groupes sanguins	02
<b>1.3 Le Système ABO</b>	<b>03</b>
1.3.1 Historique	03
1.3.2 Polymorphismes du locus ABO	04
<b>1.4 Le système Rhésus</b>	<b>05</b>
1.4.1 Historique	05
1.4.2 Les polymorphismes Rh	06
<b>1.5 Applications des groupes sanguins</b>	<b>07</b>
1.5.1 Applications médicales	07
1.5.2 Applications juridiques	09
1.5.3 Applications dans le domaine de la génétique des populations et hématologie géographique	10
1.5.4 Applications en anthropologie et définition du phylum	11
<b>1.6 Variabilité génétique par marqueurs sanguins dans le monde</b>	<b>12</b>
1.6.1 Répartition des systèmes ABO, Rh dans le monde	13
1.6.2 Répartition des polymorphismes ABO, Rh en Asie	16
1.6.3 Répartition des polymorphismes ABO, Rh en Amérique	17
1.6.4 Répartition des polymorphismes ABO, Rh en Europe et Méditerranée	18
1.6.5 Répartition des polymorphismes ABO, Rh en Afrique, au Maghreb et en Algérie	19
<b>1.7 Relation maladies-groupes sanguins</b>	<b>20</b>
<b>2- MATÉRIELS ET MÉTHODES</b>	<b>23</b>
<b>2.1 Présentation de la région d'étude</b>	<b>23</b>
2.1.1 Situation géographique	24
2.1.2 Considération bioclimatique	24
2.1.3 Cadre démographique	
<b>2.2 Echantillonnage</b>	<b>24</b>
<b>3- RESULTATS</b>	<b>25</b>

<b>3.1</b>	<b>Répartition des groupes des systèmes ABO, Rh</b>	<b>25</b>
3.1.1	Répartition globale	25
3.1.2	Répartition des groupes des systèmes ABO, Rh par sexe	28
3.1.2.1	Répartition globale	28
<b>3.2</b>	<b>Relation entre les indicateurs sanitaires et les groupes sanguins des systèmes ABO, Rh</b>	<b>29</b>
3.2.1	les avortements et les groupes ABO, Rh	29
3.2.2	la mortalité et les groupes ABO, Rh	29
3.2.3	Relation entre la morbidité et les groupes ABO, Rh	29
<b>4-</b>	<b>DISCUSSION</b>	<b>30</b>
<b>4.1</b>	<b>Répartition des groupes des systèmes sanguins ABO, Rh</b>	<b>30</b>
4.1.1	Répartition globale	30
<b>4.2</b>	<b>Relation entre morbidité et les groupes sanguins</b>	<b>32</b>
	<b>CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES</b>	<b>34</b>
	<b>REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES</b>	<b>35</b>

## Liste des tableaux

<b>Tableau 01 :</b>	les principales nomenclatures du système Rhésus .....	06
<b>Tableau 02 :</b>	Répartition des systèmes ABO et Rh dans le monde.....	15
<b>Tableau 03 :</b>	Evolution démographique au niveau de la wilaya de Tlemcen.....	24
<b>Tableau 04 :</b>	Comparaison des fréquences géniques ABO et Rh .....	25
<b>Tableau 05 :</b>	Fréquences géniques du système ABO dans quelques régions de l'Algérie et du Maghreb .....	31
<b>Tableau 06 :</b>	Fréquences géniques du système Rh dans quelques régions de l'Algérie et euro- africain .....	32

## Liste des figures

<b>Figure 01 :</b>	Les groupes sanguins, et ce qui les distingue .....	04
<b>Figure 02 :</b>	Compatibilité des groupes sanguins.....	09
<b>Figure 03 :</b>	Répartition des groupes sanguins dans le monde .....	14
<b>Figure 04 :</b>	Situation géographique de la wilaya de Tlemcen.....	23
<b>Figure 05 :</b>	Répartition des fréquences phénotypiques du système ABO dans la population de Tlemcen .....	26
<b>Figure 06 :</b>	Répartition des fréquences alléliques du système ABO dans la population de Tlemcen.....	26
<b>Figure 07 :</b>	Répartition des fréquences phénotypiques du système Rhésus dans la population de Tlemcen .....	27
<b>Figure 08 :</b>	Répartition des fréquences alléliques du système Rhésus dans la population de Tlemcen .....	28
<b>Figure 09 :</b>	Répartition allélique du système A,B, O par sexe .....	28
<b>Figure 10 :</b>	Répartition allélique du système Rhésus par sexe .....	29



## Liste des abréviations

Hon	: Honaine
SD	: Sidi – Driss
SEK	: Souk – el – Khemis
SBD	: Sidi Bediaf
R	: Remchi
Mag	: Maghnia
BEA	: Bab – El – Assa
MBH	: Marsa Benmhidi
GZ	: Ghazaout
SAB	: Sidi – Ali Benzemra
Ay	: Ain – youcef
FL	: Fehoul
Tlm	: Tlemcen
AEK	: Ain – Kebira
ZSB	: Zaouia Sidi Benamar
Ned	: Nedrouma
OM	: Oueld – Mimoun.
A	: Fréquence phénotypique de l'allèle A
B	: Fréquence phénotypique de l'allèle B
AB	: Fréquence phénotypique de l'allèle AB
O	: Fréquence phénotypique de l'allèle O
p	: Fréquence allélique de l'allèle A.
q	: Fréquence allélique de l'allèle B.
r	: Fréquence allélique de l'allèle O.
D	: Fréquence allélique de l'allèle Rh(+).
d	: Fréquence allélique de l'allèle Rh(-).
Rh	: Rhésus
L	: Localité

T : Total .

Cs : Consanguin .

C<sub>1</sub> : Consanguin du premier degré.

C<sub>2</sub> : Consanguin du deuxième degré.

NC : non consanguin .

X<sup>2</sup> : Kideux

P : Probabilité.

Eff : Effectif.

Fre : Fréquence

Fc : Facteur de consanguinité.

F : Féminin.

M : Masculin .

MN : Nombre de mort – Nés

AV : Nombre d'Avortements

Cple : Couple

MN cple : Nombre de couple ayant des morts- nés

Av cple : N nombre couple ayant subi des avortements

T cple : Total couples .

T MN : Total morts – nés.

T AV : Total avortements .

HTA : Hypertension artérielle

*Introduction*

*Générale*

## *Introduction Générale*

---

Le groupe sanguin ABO découvert par Karl Landsteiner en 1901 est le groupe sanguin le plus important en médecine. Il y a de l'antigène A dans les globules rouges des personnes du groupe sanguin A, mais pas d'antigène B, tandis que les antigènes des personnes du groupe sanguin B ont des antigènes B et les personnes du groupe sanguin AB ont à la fois des antigènes A et B. En revanche, les individus de groupe sanguin O n'expriment ni antigène A ni antigène B dans leurs globules rouges. Les antigènes ABO sont exprimés à la surface des globules rouges, Les modifications des glycoconjugués de surface peuvent entraîner des modifications de l'adhésion cellulaire, de la signalisation membranaire et de la surveillance immunitaire, Cela peut avoir des implications importantes pour le développement du cancer. Aird et al En 1953, il découvre un lien statistiquement significatif entre le groupe sanguin A et le risque de cancer de l'estomac. Cette découverte a inspiré de nombreuses recherches pour examiner la relation entre le groupe sanguin ABO et le risque de cancer, d'autres maladies chroniques et de maladies infectieuses. Une étude épidémiologique récente menée dans deux grandes cohortes aux États-Unis a révélé que les groupes sanguins ABO auto déclarés sont statistiquement significativement associés au risque de cancer du pancréas (**Huang et al, 2017**).

Étant donné que le groupe sanguin ABO est hérité des gènes du chromosome 9q34, des études d'association à l'échelle du génome ont également remarqué l'association entre les variations de séquence d'ADN dans ABO Le locus et la sensibilité du cancer du pancréas. Ces résultats confirment en outre le rôle du groupe sanguin ABO en tant que marqueur de risque de cancer du pancréas (**Huang et al, 2017**).

Objectif : utiliser les données de l'équipe environnement et santé du Pr Aouar du laboratoire de valorisation des actions de l'Homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique Pour étudier les Caractérisation anthropo-génétique de la population Endogame de Tlemcen dans la région de Tlemcen par les groupes sanguins et morbidité.

# **Partie Bibliographique**

### **1-1 Historique**

Tous les individus qui composent l'espèce humaine sont génétiquement très proches, mais l'existence de grands polymorphismes dans l'information génétique créera une biodiversité qui rendra chaque personne unique. Ce polymorphisme est à la base de l'identification par empreintes génétiques, qui sont composées de plusieurs marqueurs génétiques. Les marqueurs génétiques sont définis par les normes suivantes:

- ✚ Sa transmission mendélienne.
- ✚ Son caractère stable au cours de la vie d'un individu.
- ✚ Son grand polymorphisme, c'est-à-dire la présence d'un grand nombre d'allèles.
- ✚ Son fort taux d'hétérozygotie.

La découverte des premiers marqueurs génétiques est récente puisqu'elle date des années 1900 pour le groupe sanguin ABO par Karl Landsteiner qui publié le 23 mars dans le « Central Blatt fur Bakteriologie » une très courte communication dans laquelle il affirme que « le sérum de personnes saines agglutine, non seulement les globules rouges d'animaux mais également des globules rouges d'autres personnes ».

En 1901, ce même auteur a systématisé ses premières observations et décrit trois groupes sanguins chez l'homme (1, 2 et 3 correspondant aux groupes sanguins A, B et O) en fonction des réactions d'agglutination observées en testant le sérum et les globules rouges de sujets de son laboratoire (**Mansuet-Lupo *et al.*, 2007**)

Au-delà de toutes les fonctions physiologiques remplies par le sang dans l'organisme, il a été utilisé comme marqueur génétique pour identifier les individus bien avant que nous ne connaissions le polymorphisme de l'ADN, Aujourd'hui La distribution des groupes sanguins, en particulier celle des groupes du système ABO dans le monde, a été largement étudiée (**Goudemand et Salmon, 1980**). Elle est souvent associée d'une part, à l'évolution des structures génétiques des populations humaines et d'autre part, à la sélection naturelle. Certains auteurs ont lié la distribution mondiale du polymorphisme du système ABO à de grandes épidémies et à certaines maladies infectieuses (**Thompson et Thompson, 1978**).

### **1-2 Polymorphisme des groupes sanguins**

#### **1-2-1 Systèmes et antigènes des groupes sanguins**

Le concept de groupe sanguin est littéralement défini comme deux termes «Groupe» et «SANG». Le groupe est caractérisé par un ensemble d'individus ayant une ou plusieurs caractéristiques communes. Dans le cadre du groupe sanguin, ces caractéristiques communes sont exprimées dans le sang. Bien entendu, les «caractéristiques» doivent être comprises comme faisant référence à des spécifications génétiquement transmises.

Par conséquent, nous pouvons définir le concept de groupe sanguin comme toute expression de la variabilité génétique humaine qui peut être détectée dans le sang. Ce concept extrêmement large couvre a priori l'ensemble du polymorphisme humain et représente toutes les molécules exprimant une variabilité génétique dont l'immunogénicité détermine ses domaines d'application et ses méthodes d'analyse (**Chiaroni, 2003**).

Au-delà de toutes les fonctions physiologiques remplies par le sang dans l'organisme, il a été utilisé comme marqueur génétique pour accéder à l'analyse de la variabilité génétique individuelle et populationnelle. Il a permis de connaître l'origine des populations et comprendre les mécanismes de l'évolution (sélection, migration, ...) ayant conduit à la structuration contemporaine des populations du globe. En effet, les antigènes de marqueurs sanguins sont des structures polymorphes initialement identifiées sur les érythrocytes mais dont la distribution tissulaire est beaucoup plus large (**Olsson, 1997**).

### **1.3 Le Système ABO**

#### **1.3.1 Historique**

Le système de groupe sanguin ABO est sans doute le système le plus important car il implique la transfusion sanguine et l'identification de la variation génétique au sein de notre espèce. En fait, ce système est le premier système d'allotype majeur exprimant le polymorphisme chez l'homme. En 1900, le médecin austro-américain Karl Landsteiner décrit l'agglutination interpersonnelle en mélangeant le sérum de certains de ses collaborateurs avec ses propres globules rouges, et poursuit ses recherches. Il en déduit qu'il existe trois groupes sanguins A, B et zéro "O". Il estime que ces groupes sont plus nombreux et conseille donc à ses collaborateurs Decostello et Sturli d'examiner un grand nombre d'individus pour en trouver d'autres. (**Walter et al. 2000**).

En 1902, ils ont identifié le quatrième type AB, mais Bernstein a établi la transmission mendélienne des allèles dans le système ABO. (Delamaire *et al.*, 1992).

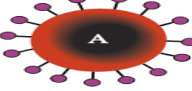
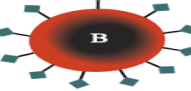

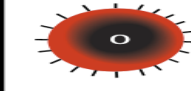


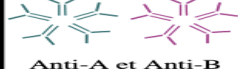



### 1.3.2 Polymorphismes du locus ABO

Les groupes sanguins correspondent à la présence à la surface des globules rouges de différents types de molécules osidiques (des « sucres »), l'une correspondant au groupe A, l'autre au groupe B, chacune étant fabriquée par une enzyme dont le gène existe sous deux formes (une pour le groupe A, l'autre pour le groupe B). Une troisième variante, codant une enzyme inactive, est celle du groupe O (pour Ohne, c'est-à-dire « sans » en Allemand). Un individu doté des variantes A et B de l'enzyme est du groupe AB.

Chaque sucre, A ou B, a valeur d'antigène, c'est-à-dire qu'il peut déclencher la production d'anticorps dirigés contre lui. Et de fait, le sang de tout individu contient des anticorps spécifiques des antigènes dont il est dépourvu. Dans le seul cadre du système ABO, le sang de groupe O est le plus riche en anticorps (anti-A et anti-B), à l'inverse de celui du groupe AB, qui n'en contient aucun (Mangin, 2020).

Le groupe sanguin érythrocytaires est défini comme l'ensemble de variantes allotypiques génétiquement transmises détectées par des anticorps à la surface de la membrane des globules rouges. La distribution des allèles systématiques dans le monde a été largement étudiée. Elle est généralement liée à l'évolution de la structure génétique humaine d'une part, et à la sélection naturelle d'autre part (Ghali *et al.*, 2020).

Grâce à ces systèmes de groupes sanguins tissulaires, de protéines sériques et d'enzymes, et maintenant grâce à l'analyse approfondie du polymorphisme de l'ADN lui-même, chacun de nous peut être identifié si précisément qu'il ne doit pas être confondu avec un autre (Najman *et al.* 1994).

	Groupe A	Groupe B	Groupe AB	Groupe O
Globule Rouge				
Anticorps	 Anti-B	 Anti-A	Aucun	 Anti-A et Anti-B
Antigène	 Antigène A	 Antigène B	 Antigène A et B	Pas d'antigène

**Figure 01:** Les groupes sanguins, et ce qui les distingue (Mangin, 2020).



Un chromosome peut porter soit le gène correspondant à l'antigène A, soit le gène correspondant à l'antigène B, soit aucun des deux, ce qui compare alors au groupe O.

Un individu possède deux chromosomes l'un reçu du père, l'autre de la mère. Six plans distincts des chromosomes (génotypes) sont donc possibles : OO, OA, OB, AA, AB, BB. Mais seulement quatre groupes sanguins (phénotypes) sont définis standard ces plans : OO relate au groupe O, OA et AA au groupe A, OB et BB au groupe B, et AB au groupe AB (F.S.C.M, 2020).

### **1.4 Le système Rhésus**

#### **1.4.1 Historique**

Levine et Stetson ont décrit pour la première fois en 1939 le mécanisme d'allo-immunité interpersonnelle et fœtale-mère qui affectait les personnes (mortinaissance) et leurs mères dans deux accidents. Perdu le sang de son mari (Irshaid, 2001).

Ce même anticorps a agglutiné les globules rouges de 85% de la population blanche et a défini un nouvel antigène du groupe des globules rouges «singe rhésus». Vers 1940, une étrange coïncidence conduit à l'assimilation de deux antigènes adjacents reconnus par deux anticorps très différents. En l'honneur de Landsteiner et Wiener, l'antigène actuellement connu sous le nom de LW est reconnu par un anticorps hétérologue, qui est un produit de recherche en laboratoire qui utilise des globules rouges de singe "Macacus Rhesus" pour immuniser des lapins ou des cobayes.

Des expériences montrent que cet anticorps de singe anti-rhésus a également fortement agglutiné 85% des sujets humains, alors que son pouvoir agglutinant vis-à-vis d'autres sujets était faible. L'antigène dit «de singe rhésus» est reconnu par le même anticorps que les gens développent souvent après une obstétrique ou une transfusion sanguine. Comme les anticorps initialement étudiés (mais non nommés) par Levine et Stetson, ce type d'anticorps a également agglutiné environ 85% des sujets humains (quel que soit leur groupe ABO). Cependant, il sera clairement établi vers 1960 que les deux anticorps reconnaissent des antigènes différents (bien qu'ils aient une relation structurelle à la surface des globules rouges). Les antigènes Rh et LW sont également induits par deux systèmes génétiquement indépendants, ils peuvent utiliser le même précurseur (Nadjman *et al.*, 1994).

#### **1.4.2 Les polymorphismes Rh (Rhésus)**

Le système rhésus est très complexe et très polymorphe, et c'est le système le plus important après, Actuellement, parmi 49 antigènes identifiés par sérologie, l'antigène D est distingué, et cet

## Partie Bibliographique

antigène est le plus immunogène parmi les antigènes du groupe sanguin des globules rouges. Basé sur son existence ou son absence, si elles ne sont pas présentes sur la membrane des globules rouges, ces cellules sont appelées Rh positif (pour D positif) ou Rh négatif (pour D négatif). En plus de l'antigène D, les phénotypes Rh courants comprennent également: la détermination systématique des antigènes C, c, E et e (**Cartron et philippe, 1998**), dont les antigènes C et c d'une part et les antigènes E et e d'autre part sont antithétiques. Cela signifie que si l'un est absent l'autre est forcément présent (**tableau 1**).

Les cinq antigènes classiques sont classés dans l'ordre de la génétique immunitaire: RH1 (D), RH2 (C), RH3 (E), RH4 (c), RH5 (e). Ces antigènes dépendent de deux loci étroitement liés, qui codent séparément, l'un est l'antigène RH1 et l'autre est les deux systèmes alléliques RH2, 4 (Cc), RH3, 5 (Ee).

Le groupe RH standard comprend deux phénotypes standard définis, à savoir la présence ou l'absence de RH1: la présence de RH1 est liée à la positivité Rh (Rh +), représentant 85% des individus. 15% des individus ne sont pas apparus par rapport à Rh négatif (Rh-). Sujet auparavant Rh négatif (RH-1) d. L'un est l'antigène RH2,4 (Cc) et l'autre est l'allèle RH3,5 (Ee).

**Tableau 01** : les principales nomenclatures du système Rhésus (**Andreu et al., 1991**).

<b>Fisher Race</b>	<b>Wiener</b>	<b>Rosenfield</b>
<b>D</b>	<b>RH0</b>	<b>R1</b>
<b>C</b>	<b>rh'</b>	<b>R2</b>
<b>E</b>	<b>rh''</b>	<b>R3</b>
<b>F</b>	<b>hr'</b>	<b>R4</b>
<b>C</b>	<b>hr'</b>	<b>R5</b>

Les gènes du système du singe rhésus sont dans un état de déséquilibre de contact. Par exemple, les trois haplotypes les plus couramment ajoutés chez les blancs sont DCe (41%), dce (39%) et DcE (13%). Sur la carte de groupe sanguin, le phénotype du singe rhésus est le suivant: Groupe standard: Rh + ou-

Phénotype : RH1 ou RH-1 (D+/-), RH2 ou RH-2 (C+/-), RH3 ou RH-3 (E+/-), RH4 ou RH-4 (c+/-), RH5 ou RH-5 (e+/-) Ainsi, les phénotypes suivants peuvent s'interpréter de cette manière :

D-, C-, c+, E-, e+: RH - 1, - 2, - 3, 4, 5 —> Rh-dce/dce homozygote

D+, C+, c+, E-, e+ : RH 1, 2, - 3, 4, 5 —> Rh+ DCE/dce (le + plausible)

D+, C+, c-, E-, e+: RH 1, 2, - 3, - 4, 5 —> Rh+DCE/DCE (id.)

D+, C+, c+, E+, e+: RH 1, 2, 3, 4, 5 —> Rh+ DCE/DcE (id.)

Etc.

Aucun anticorps naturel n'est nocif pour l'HR. Ce sont des anticorps irréguliers, secondaires à la grossesse ou à une mauvaise liaison. L'antigène RH1 est hautement immunogène et doit toujours être respecté lors de la liaison au CGR. Lorsque nous passerons à un sang phénotypique viable, nous respecterons tous les antigènes du système HR (*FMPMC-PS, 2020*).

### 1.5 Applications des groupes sanguins

#### 1.5.1 Applications médicales

Les globules rouges humains ou érythrocytes sont des cellules originales par bien des aspects de leur physiologie à commencer par une spécialisation fonctionnelle extrêmement poussée passant par la perte du noyau et donc de toute capacité de synthèse protéique de novo. Ces spécificités du fonctionnement érythrocytaire vont de pair avec un statut immunologique à part dans l'organisme, les globules rouges n'exprimant pas l'antigène tissulaire majeur commun aux autres types cellulaires, le complexe majeur d'histocompatibilité (CMH). Les globules rouges ne sont pas dépourvus de caractéristiques immunologiques: dans le premier accident grave de transfusion sanguine à l'aveugle, il a été proposé à l'aveugle très tôt qu'il devait y avoir des marqueurs sanguins responsables de la compatibilité du sang entre deux individus différents. . Ces marqueurs de compatibilité ou antigènes des globules rouges sont bien connus aujourd'hui et ils permettent de définir différents groupes sanguins. Les réponses immunitaires qu'elles induisent dans différentes conditions physiologiques et pathologiques sont également bien connues, et ces connaissances permettent de mieux gérer les problèmes médicaux qu'elles peuvent engendrer (**Germanaud, Furelaud, 2003**). La transfusion sanguine fait face à de nombreux préjudices. Dans les années 1980, l'émergence du virus de l'immunodéficience humaine (VIH) a rappelé aux gens les risques potentiels de cette thérapie. Ayez une nouvelle compréhension de ces problèmes. Bien que l'on

## *Partie Bibliographique*

---

sache que la transfusion de produits sanguins homogènes (hétérologues) n'est pas sûre (et ne le sera jamais), les risques qui peuvent être évités dans la pratique sont devenus inacceptables. Aujourd'hui, l'acceptabilité des risques est une question urgente, surtout face aux menaces, comme les maladies récemment découvertes représentées par des virus (maladie de Creutzfeldt-Jakob, encéphalopathie spongiforme bovine). La transfusion sanguine doit relever le défi principal, à savoir faire face aux risques résiduels et aux risques émergents ou potentiels, et assurer une sécurité maximale. Il est également confronté au principe de précaution, devenu une obligation légale (**Schneider et Tissot Rev, 2000**).

Avant d'effectuer une transfusion sanguine, il est essentiel que le groupe sanguin du donneur et le groupe sanguin du receveur soient compatibles. Si un patient reçoit une perfusion de composants sanguins d'un groupe incompatible, son système immunitaire reconnaîtra pour lui un corps étranger, appelé «antigène». Une incompatibilité peut entraîner le rejet des composants sanguins et une détérioration de l'état du patient. Chaque transfusion sanguine doit être testée pour la compatibilité à l'hôpital.

La figure ci-dessous résume la compatibilité des transfusions de globules rouges entre les différents groupes sanguins du donneur et du receveur. Par conséquent, l'O-Group est pour tout le monde. Il s'appelle le «donateur universel». Par conséquent, les gens utiliseront du sang O dans les situations d'urgence. En revanche, le groupe AB + peut recevoir du sang de tous les groupes sanguins. Par conséquent, il est appelé "récepteur universel". Cependant, dans la plupart des cas, le receveur recevra une transfusion sanguine à partir du sang de son donneur de groupe sanguin. Cela signifie que le receveur A + recevra du sang du donneur A + (<https://Groupes Sanguins>, 2020).

Compatibilité des **GROUPES SANGUINS**

		Donneur							
		0-	0+	B-	B+	A-	A+	AB-	AB+
Receveur	AB+	●	●	●	●	●	●	●	●
	AB-	●		●		●		●	
	A+	●	●			●	●		
	A-	●				●			
	B+	●	●	●	●				
	B-	●		●					
	0+	●	●						
	0-	●							

**Figure 02:** Compatibilité des groupes sanguins (<https://Groupes Sanguins>, 2020).

L'état immunologique particulier des globules rouges et l'importance de la réponse humorale que certains antigènes des globules rouges peuvent induire sont à l'origine de diverses pathologies de gravité variable. Or, la connaissance de la physiologie de cette réaction anti-érythrocytaire permet de mieux faire face à ces pathologies, notamment en prévenant le risque d'allo-immunisation Rh-mère de singe rhésus et le risque de transfusion sanguine immunitaire.

Malgré des mesures préventives strictes, les accidents de transfusion sanguine les plus courants restent les accidents immunologiques causés par des conflits antigène-anticorps des globules rouges, dépassant de loin le risque de propagation de microorganismes pathogènes tels que le VIH ou les virus des hépatites B et C. Ces accidents sont rares et la médecine transfusionnelle peut sauver de nombreuses vies chaque année (**Germanaud, Furelaud, 2003**).

### 1.5.2 Applications juridiques

#### a- Identification de taches de sang et autres liquides organiques

La recherche sur les marqueurs génétiques dans le domaine de la médecine légale et de la génétique humaine n'a vraiment commencé qu'en 1968. Une étude d'une grande famille dans le comté de Wakayama a conduit à la découverte de variantes de Bm dans le système de groupe sanguin ABO. Le cas rare d'individus avec des globules rouges de type O mais sans anticorps anti-

A ou anti-B peut facilement conduire à la découverte du type AmBm. Fishman et Mitsuhashi préconisent le concept d'ARN génétique immunitaire. Récemment, la recherche sur l'identification des gènes codant pour les globules rouges ou les polymorphismes enzymatiques des globules rouges progresse. Par exemple, une étude a montré qu'il peut y avoir une relation entre les isoformes du gène de la glycoprotéine A et les variants MN (**IKEMOTO S, 1995**).

### **b- Recherche en exclusion de paternité**

Le taux de congé de non-paternité reflète déjà les caractéristiques des contes populaires urbains. Bien qu'il existe plusieurs sources citant divers taux de manière fiable, les estimations fiables du congé de non-paternité sont rares. Dans les estimations, le taux de tests de non-paternité peut varier selon le pays / la région et le groupe d'âge, la culture ou le groupe ethnique, la région, l'âge et l'âge. La durée du partenariat est également importante pour reconnaître le manque de modernité. Oui, des données vérifiables et pertinentes (**Macintyre et Sooman, 1991**).

Le taux de non-paternité des hommes ayant une grande confiance père-fils (objet de la recherche génétique) est très faible (médiane = 1,9%, N = 22). Les hommes dont la confiance père-fils est extrêmement faible (un conflit d'identité père-fils conduit à un contrôle d'identité père-fils) ont des niveaux plus élevés d'os non paternels (médiane = 30,2%, N = 30). Lors de la combinaison d'échantillons de confiance de relation parent-enfant élevée et inconnue, la médiane de la relation non-parent-enfant est de 3,9% (intervalle: 0,4-32,0) (**Kermyt G. Anderson, 2005**).

Les meilleures données disponibles sur les tests de paternité proviennent des États-Unis. En d'autres termes, il a été constaté que 28% des pères présumés n'étaient pas des pères biologiques. le plus grand fournisseur en 2002, ils ont également déclaré au gouvernement que le taux d'exclusion était d'environ 20%. Le taux d'exclusion de ces tests effectués à l'insu de la mère ou sans son consentement est faible - seulement environ 10% (**Gilding, 2005**).

### **1.5.3 Applications dans le domaine de la génétique des populations et hématologie géographique**

De par sa nature (facteurs précis, faciles à déterminer et présentant un polymorphisme fréquent), en termes d'application en génétique des populations, les caractéristiques de groupage sanguin sont très adaptées à l'analyse biométrique et à la modélisation du corps humain. Jusqu'à présent, la recherche sur la génétique humaine est encore très difficile au début: on ne peut pas provoquer d'hybridation, de longues générations, etc., et elle s'est développée rapidement ces dernières années. Chaque facteur sanguin constitue un point de référence idéal, qui peut être suivi

dans la famille, peut être facilement distribué dans une population spécifique, et peut être étudié pour la corrélation avec d'innombrables caractéristiques normales ou pathologiques, et la dérive génétique peut être étudiée dans un groupe isolé. Analyse ... (**Ruffié, 1998**).

En comparant la distribution de ces facteurs dans des populations de même origine mais affectées par des environnements différents, nous pouvons étudier la valeur adaptative de certains de ces facteurs et clarifier le processus de sélection naturelle (corrélation) des humains. Entre le groupe sanguin et les bactéries et le virus ou la maladie cancéreuse, entre certaines enzymes et l'alimentation ou l'altitude). En fait, de nombreux facteurs sanguins ne sont pas aussi indifférents qu'on l'imaginait jadis, et ont en fait une valeur sélective pour certains environnements (**Ruffié, 1998**).

### **1.5.4 Applications en anthropologie et définition du phylum**

La biologie humaine (L'anthropobiologie) étudie la variabilité contemporaine et la reconstruction de son histoire évolutive. Le terme «variabilité ou variabilité» est utilisé pour définir les différences qui existent entre la même population ou des populations différentes. En fonction de la nature des caractéristiques étudiées et de leur certitude génétique, différents outils d'analyse peuvent être utilisés. Par conséquent, l'anthropologie biologique, en particulier son immunogénétique, s'intéresse à l'exploration des polymorphismes génétiques humains, qui sont simulés par des données fournies par la génétique des populations, qui sont soumises à des paramètres qui ne sont pas toutes des séquences génétiques. Contrôlées, car en plus de la mutation, de la sélection ou de la dérive génétique, elles incluent également la panmixie, la migration et les différences de population (loi de Hardy Weinberg). Par conséquent, tous ces phénomènes entraînent des modifications de la fréquence des gènes entre différentes populations. Cette exploration nous permet d'appréhender la diversité génétique entre différents groupes humains et au sein des humains, car l'anthropologie d'aujourd'hui ne se concentre plus sur la classification, mais explique la diversité. Dans une population, la variabilité entre les individus peut être due à leur diversité génétique et à la diversité de l'environnement dans lequel leurs gènes sont exprimés. Par conséquent, l'évolution de la population est le résultat de l'interaction entre son patrimoine biologique, sa culture et le comportement de ces membres (**Moussouni et al, 2011**).

De plus, la performance de définir la structure génétique d'une population dépend tout d'abord de l'analyse de plusieurs systèmes génétiquement indépendants. Le groupe sanguin est un marqueur génétique classique, montrant un degré élevé de polymorphisme, ce qui accorde une attention particulière au groupe sanguin à l'étude de la micro-différenciation et de l'histoire de la migration

des populations. Cependant, avec le développement de l'anthropologie, les pictogrammes cutanés ont rapidement suscité l'intérêt des chercheurs, leur principale préoccupation étant d'étudier et de déterminer la variabilité des populations. Ces chiffres numériques sont utilisés comme signatures à Babylone et en Chine depuis l'Antiquité. En raison de leur cohérence, de leur spécificité et de leur discrimination, ils sont encore aujourd'hui l'une des méthodes d'identification les plus utilisées. Dans le cadre de l'étude de la variation biologique de la population actuelle, la méthode la plus recommandée est d'étudier la population indigène (**Moussouni *et al*, 2011**).

Un phylum représente la lignée évolutionnaire dans la nomenclature systématique entre les royaumes et les classes. Il détermine le synonyme d'un clade monophylétique, c'est-à-dire que les espèces qui composent le clade proviennent toutes du même ancêtre. Il existe généralement plusieurs catégories pour chaque porte. Le phylum est également une collection de formes animales (ou végétales) apparentées. Le terme «branche» est synonyme et s'applique aux principales branches du règne animal (par exemple: cnidaires, arthropodes, branches de vertébrés). Phyla est utilisé dans le règne animal (contient 32 phyla), les champignons (contient 8 phyla), les protistes et les bactéries. En botanique (le royaume des plantes à 14 phylums), le terme «division» est utilisé à la place de «phyla». Ces deux termes sont équivalents, bien qu'en 1993, la «Nomenclature internationale des algues et des champignons» et les plantes aient accepté Le nom «porte», mais «porte» est toujours le plus couramment utilisé. Les recherches actuelles tentent de trouver la relation entre les phylums, qui appartiennent à un clade plus large, comme les Ecdyszoas (un super phylum) et les plantes embryoides (germe). Chez les eucaryotes (organismes dont les cellules ont un noyau), chaque phyla appartient à un domaine. Au contraire, les procaryotes (bactéries et archées) ne sont pas classés comme des royaumes, mais directement classés comme des souches. Dans le cas des procaryotes, le terme «souche» est également utilisé dans un sens non taxonomique différent, car les différentes lignées au sein d'une espèce sont également appelées souches. Comme pour les autres niveaux de classification biologique, parce qu'elle doit être classée pour refléter autant que possible la phylogénie, plusieurs phylogénies peuvent être classées comme super systèmes, et les individus peuvent être organisés en sous-systèmes, puis en espèces suivantes avant la super espèce. Ce sont des micro-espèces. En botanique, les noms des plantes-plantes sont suffixés avec -phyta (-phytes en français) et algues dans les champignons et -mycota (-mycètes en français). Pour le règne animal, le suffixe par défaut est uniquement en dessous du niveau de la superfamille. La malocclusion fait référence à la période stable dans l'évolution du phylum (**<https://AquaPortail>, 2020**).



### **1-6 Variabilité génétique par marqueurs sanguins dans le monde**

La répartition des caractères sanguins entre les grandes variétés traditionnelles (blanc, noir, jaune) n'est pas toujours systématique. En fait, si nous considérons la distribution de l'ascendance basée sur l'ethnicité traditionnelle, ces facteurs seront divisés en quatre catégories:

Toutes les races ont certains systèmes sanguins, qui peuvent fournir des changements de fréquence évidents, mais ils sont généralement relativement irréguliers et de taille relativement irrégulière. C'est le cas du système de globules rouges ABO, MN et P (**Ruffie, 1998**).

Bien que d'autres systèmes existent dans toutes les populations du monde, ils ont prouvé une supériorité raciale plus précise. C'est le cas du système Rh (par conséquent, le type Ro est une caractéristique des dents négatives, et le type r est surtout dans les caucasoides), Tamiflu Le système (70% des noirs sont Fy [ab-]) et le système Kaide avec le phénotype silencieux Jk [ab-] se retrouvent parfois chez les Asiatiques et le Pacifique (**Ruffie, 1998**).

La troisième catégorie est composée de facteurs ethniques locaux stricts: les facteurs Diego dans la population américaine et en Extrême-Orient, les facteurs Sartre et Gm6 chez les noirs et les facteurs Gm3 chez les blancs. Ce sont les véritables gènes marqueurs, qui permettent de comprendre l'origine de la population et le degré d'hybridation (**Ruffie, 1998**).

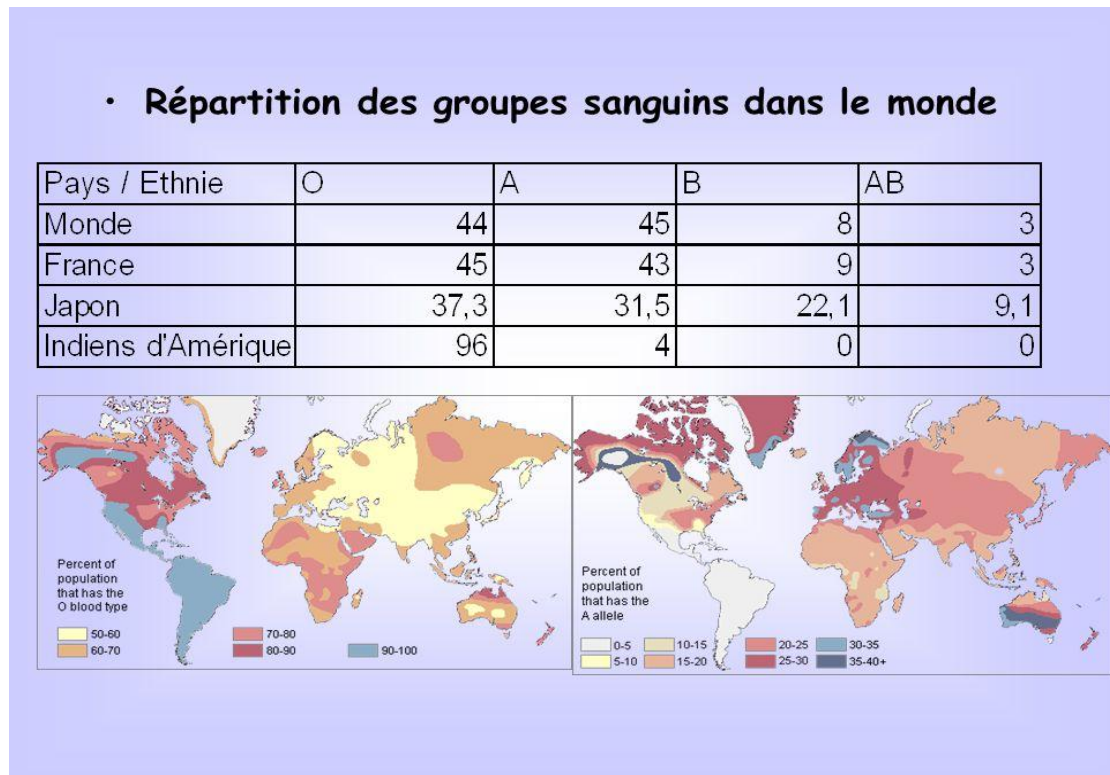
Enfin, la dernière catégorie de facteurs ne concerne plus les caractéristiques de la race, mais une petite partie de la race, parfois très limitée géographiquement. C'est le cas de certaines molécules actives (comme différents types d'haptoglobine, d'hémoglobine (comme le type HbC en Afrique de l'Ouest) et le type HbE que l'on trouve uniquement en Asie du Sud-Est) (**Ruffie, 1998**).

Sur la base de ces données, nous avons complètement abandonné le concept de race dans le monde, et défini les êtres humains biologiquement basés sur des populations mutées sans fin ou des groupes génétiquement différents, et ces populations ou groupes génétiquement différents se comportent parmi eux. Un certain degré d'homogénéité biologique. Chaque groupe peut être considéré comme le résultat de l'équilibre constamment remis en question entre la population génétique ancestrale héritée des générations précédentes (et éventuellement des apports externes dans le cas des croisements) et le tri sélectif effectué dans des conditions environnementales (**Ruffie, 1998**).

#### **1-6-1 Répartition des systèmes ABO et Rh dans le monde**

Si l'on considère le phénotype et la fréquence des gènes des groupes ABO et Rh, la variabilité

génétique au sein de la population est évidente. Cette différence génétique implique deux processus importants dans l'évolution du polymorphisme génétique, qui sont les mécanismes de sélection naturelle et d'hérédité. Dérive génétique. Les facteurs sociaux et culturels, les conditions géographiques, la forte incidence du mariage interne et de la consanguinité et la pression de sélection exercée par les maladies endémiques (paludisme, peste, etc.) sont tous des facteurs liés à la différenciation génétique des populations (Vona, 1997).



**Figure 03:** Répartition des groupes sanguins dans le monde (<https://mbti.forumactif.fr>, 2017).

**Le groupe O** est «l'origine» et est le groupe sanguin le plus ancien. Il est apparu il y a environ 50 000 ans et provenait des humains. Il a été influencé par les habitudes alimentaires des premiers humains: les chasseurs mangeaient la chasse et la cueillette, ils mangeaient des animaux, des insectes, des baies \*, des racines et des feuilles. Ils ont un système immunitaire fort et une forte digestion (le régime digestif est très riche en viande). Les personnes du groupe O choisiront un régime \* riche en protéines animales \* et maintiendront une activité physique continue.

**Le Groupe A** "comme "Agriculture" est apparu plus tard, il y a 10 000 à 20 000 ans, quand l'homme est devenu cultivateur et éleveur d'animaux. À cette époque, les gens mangeaient principalement des céréales et des haricots, mais ses activités physiques n'étaient pas si intenses. Aujourd'hui, le groupe A représente près de 40% de la population mondiale. En Amérique du Nord, au Japon, en Europe occidentale et sur la côte méditerranéenne, en particulier près de la mer

## *Partie Bibliographique*

---

Adriatique, le nombre de groupes A est très important. Ce groupe de personnes peut manger des céréales \*, mais pas trop. Leur capacité à digérer la viande est très faible, en particulier la viande rouge. Ils sont génétiquement \* sensibles aux maladies cardiovasculaires et au cancer \*. Ils ne peuvent pas bien faire face à une situation stressante. Les personnes du groupe A devraient ou devraient éliminer la viande.

**Le Groupe B** comme "Barbare" est apparu il y a 5 000 ou 10 000 ans. Il s'est développé à cause du changement climatique lorsque les humains ont migré vers l'Asie du Nord. Ce sont des nomades, ils attrapent des bisons et les domestiquent. Par conséquent, ils ont mangé des aliments à base de viande et de produits laitiers. Le groupe B est le seul groupe sanguin qui convient vraiment aux produits laitiers. Le régime B permet une variété de choix alimentaires, mais pour le groupe O, il faut éviter les protéines du blé et de son germe (gluten) et les produits à base de blé entier (cela ralentira le métabolisme et la digestion des protéines).

**Le Groupe AB** comme "Modernité" est le plus jeune, depuis environ 1 000 ans et ce n'est pas plus de 2 à 5% de la population dans le monde. C'est un mélange de la population européenne du groupe A et de la population mongole et blanche du groupe B. L'auteur de l'étude, Peter Adamo (Peter Adamo) l'a appelé «le rêve de devenir une cheminée». L'avantage des patients du groupe AB est qu'ils peuvent devenir des receveurs universels (ils peuvent recevoir du sang de tous les groupes sanguins pendant la transfusion). Le groupe AB est compliqué car il peut même être similaire au groupe A, au groupe B ou même au groupe O à certains égards. Les personnes du groupe AB doivent manger moins de viande (car leur estomac n'est pas très acide et leurs enzymes intestinales sont également pauvres). Comme ceux des groupes O et B, ils devraient éviter les germes de blé et les produits à base de blé entier, mais les produits laitiers faibles en gras sont recommandés (<https://mbti.forumactif.fr>, 2017).

L'antigène spécifique véhiculé par les globules rouges détermine le groupe sanguin A, B, O ou AB. Cependant, il faut également ajouter le système Rhésus à ces catégories: Rh + ou Rh- (<https://amicale-sang-givet.com>, 2020).

**Tableau 02:** Répartition des systèmes ABO et Rh dans le monde (<https://amicale-sang-givet.com>, 2020).

Rhésus	Groupe sanguin				Total
	O	A	B	AB	
Rh +	37%	39%	7%	2%	85%
Rh -	6%	6%	2%	1%	15%
Total	43%	45%	9%	3%	100%

### 1-6-2 Répartition des polymorphismes ABO, Rh en Asie

Plusieurs études sur la distribution des polymorphismes sanguins, y compris les polymorphismes ABO et Rh, ont été menées dans différentes régions et races d'Asie.

La distribution du gène ABO dans les populations du Bengale de Kolkata et Bankura et dans les populations de Lahore a confirmé la répartition orientale des populations indiennes et pakistanaises (**Chondhury et al., 1994**). En ce qui concerne la fréquence du sous-groupe A, les deux populations sont également similaires: l'allèle A1 se trouve dans 18,2% de la population de Lahore et 20% de la population en Inde (**Parveen, 1987**). En Arabie saoudite, bien que le groupe O soit le plus fréquent (53% dans le groupe Tabuk et 44,8% dans le groupe Medina mounawara), la fréquence du groupe A est encore élevée par rapport au groupe B, 14,4. % D'allèle A1 et 24,7% d'allèle A2 (**Parveen, 1987**).

Le groupe A domine la population jordanienne, bien que sa figure caucasienne montre un certain degré d'hybridation avec la population africaine, qui est liée à d'autres marqueurs sanguins (**Irshad, 2001**).

Dans l'ensemble, la population iranienne présente une fréquence élevée d'allèle A. Cette distribution des fréquences ABO n'est pas toujours correcte à travers le pays: le gène A varie entre 0,157 et 0,377, et le gène B entre 0,109 et 0,299. l'allèle O sa fréquence passe de 0,512 à 0,662 (**Walter et al, 1991**). En fait, la culture, la religion et les dialectes iraniens sont très diversifiés et appartiennent à tous les groupes ethniques, ce qui prouve les énormes différences entre les différentes races et au sein des groupes (**Walter et al., 1991**).

Plus important encore, en raison de la forte incidence des mariages internes, ou en raison de caractéristiques génétiques produites par la microévolution, le flux de gènes entre eux est très limité (**Walter et al, 1991**).

Les populations d'Asie de l'Est sont très similaires en termes de polymorphisme ABO, de sorte que les allèles A2 sont souvent trouvés dans les populations de Chine, du Japon et du Vietnam

, l'analyse basée sur la méthode PCR-SSCCP montre que le polymorphisme A1v est également courant dans les populations chinoises, japonaises et coréennes, et sa fréquence est beaucoup plus élevée que l'allèle A1 (Yip, 2000). Ces variantes sont encore très rares en Europe, les deux autres variantes de l'allèle O trouvées en chinois et en japonais révèlent la grande similitude entre ces deux communautés. Les allèles O3, O4 et B2 trouvés chez les Européens, et les allèles B3 couramment trouvés chez les Africains, sont complètement absents dans les populations chinoises et asiatiques voisines (Yip, 2000).

Il y a 56 groupes ethniques en Chine; la population han représente la majorité, représentant plus de 94% de la population totale. Analyser le polymorphisme génétique ABO de la population chinoise dans les régions ethniques du nord-ouest de la Route de la Soie, y compris 7 millions de Han, 8 millions d'Ouygours et 1 million de Kazakhs. Il existe des différences importantes entre les deux. Certains allèles ABO ont été identifiés: ces allèles sont totalement absents des populations asiatiques et mongoles, mais sont très communs dans les populations européennes, notamment allemandes et suédoises. Ces allèles ont été détectés chez les Kazakhs et les Ouïghours. Ces deux populations connaîtront un mélange de Caucasiens (Europe) et de Mongols (Asie de l'Est). On pense que l'établissement de ces deux groupes dans cette partie de la Chine a été causé par la migration d'individus le long de la Route de la Soie, qui relie l'Est et l'Ouest (Iwasaki *et al.* 2000).

### **1-6-3 Répartition des polymorphismes ABO et Rh en Amérique**

Les Indiens d'Amérique appartiennent presque entièrement à la famille O, ce qui prouve qu'ils ont une grande homogénéité et un monomorphisme étonnant. Ils sont également uniformes pour les singes rhésus (ils sont tous Rh positifs), avec des haplotypes Dce et DCE dominés. 91% des allèles O des tribus indiennes brésiliennes sont O1v. Cependant, parmi les deux autres races du pays, l'incidence des Noirs et des Blancs est de 31% et 41%, respectivement. La moitié des allèles O1v des Amérindiens portent des mutations (G 542 A). Ce dernier a été détecté dans les deux autres races, mais la fréquence était beaucoup plus faible (les blancs représentaient 3%, les noirs 4%). Cette mutation peut être utilisée comme marqueur du polymorphisme génétique dans une population homogène. De nombreuses autres variantes d'O peuvent distinguer les trois races d'Amérique du Sud. La population noire porte un grand nombre de mutations, et ces mutations sont complètement absentes chez les Amérindiens et rarement trouvées chez les Blancs (Olsson *et al.*, 1997). D'autres caractéristiques de la population sud-américaine sont la forte incidence du groupe O, ce qui est le cas des Mexicains vivant au Mexique et aux États-Unis. Bien que la fréquence du groupe A soit plus élevée que celle du groupe B, il existe encore des différences entre les Latino-Américains et d'autres groupes caucasiens non hispaniques en dehors des Amériques (Shohat *et al.*, 17

1995).

La population amérindienne de Mixteca à Oaxaca, au Mexique, est située dans la partie sud de Mexico et est divisée en trois parties: la partie supérieure de Mixteca, une zone montagneuse inaccessible; le Bath Mixteca au bord de l'océan Pacifique et la Mixteca côtière. L'analyse des polymorphismes ABO et Rh a montré des différences significatives entre ces trois groupes. L'île supérieure de Mixteca est toujours la plus représentative des États-Unis en raison de son isolement et de ses rares contacts avec d'autres groupes. La caractéristique de la basse mixteca est la fréquence des gènes caucasiens Enfin, le mixtèque côtier est porteur de fréquences génétiques proches de la population noire, résultat de la migration de la population africaine dans le golfe du Mexique (**Buentello et al, 1999**). Aux États-Unis, l'incidence du groupe A dans la population blanche est supérieure à 40%, même vue dans son ensemble, quelle que soit la race, la population américaine reste toujours à 96% de race blanche (**Zain et al., 1988**).

### 1-6-4 Le polymorphisme ABO et Rh en Europe et en Méditerranée

L'analyse du polymorphisme ABO montre que 40% des allèles O de la population suédoise appartiennent au type O1v, alors que le taux commun d'allèles O2 est 10 fois plus faible (**Olsson et Chester, 1996**). Dans la population danoise, les allèles O1 sont toujours les plus courants, seuls 3,7% des allèles O appartiennent au type variant O2 (**Grunnet et al. 1994**). La fréquence élevée du groupe A se retrouve principalement dans les pays d'Europe centrale et nordiques (France, Allemagne, Belgique, Suisse, Norvège, Suède, Turquie ...), mais l'augmentation significative de la fréquence du gène B se situe dans les pays de l'Est (Pologne, Russie, Lituanie...) et le Royaume-Uni peuvent être observés. La diversité génétique des polymorphismes ABO, Rh au sein et entre les populations de nombreuses communautés européennes a fait l'objet de nombreuses études: (**Kucinskis et al. 1994**) sur la population rurale de Lituanie ; **Kornstad (1997)** sur la population Norvégienne ...

Plusieurs populations méditerranéennes ont fait l'objet, durant ces dix dernières années, d'études dans le domaine de l'anthropologie et la génétique des populations. La population de l'île de Sardaigne est sans doute la plus étudiée en raison de sa particularité génétique comparée aux autres populations méditerranéennes et européennes (**Vona, 1997**). La variabilité génétique est extraordinaire à l'intérieur de l'île entre les différentes régions historico-géographiques, les fréquences des phénotypes ABO mettent en évidence les dimensions de cette variabilité : le phénotype ou groupe O varie entre 43 et 62%, le phénotype ou groupe A varie entre 28 et 44%.

L'hétérogénéité observée dans la distribution des groupes ABO est attribuée à un certain

nombre de facteurs don't l'isolement géographique, historique et culturel de ces populations du reste du monde (**Vona, 1997**) :

La densité de ces populations est faible, ce qui entraîne des isolats; Dérive génétique dans les régions éloignées; Différences culturelles et différences de dialecte; L'habitude du mariage interne et des proches parents. Le phénomène des migrations et des effets de construction nationale joue également un rôle important dans la diversité génétique et la dynamique évolutive, comme en témoigne la population européenne de l'île Saint-Barthélemy dans l'ouest de l'Inde. Il montre que si cette population a connu une hybridation à faible degré, elle est encore complètement différente de la population primitive (la population française) et de la population indigène (**Serre et al. 1987**).

Pour le système Rh, la population européenne est caractérisée par l'importance relative du phénotype Rh (-), qui est principalement due à la fréquence de l'haplotype dce. Nous avons rencontré 16% des sujets Rh (-), ce qui correspond à une fréquence génique de 0,40 (**Goudemand et Salmon, 1980**).

### **1-6-5 Répartition des groupes ABO et Rh en Afrique, au Maghreb et en Algérie**

Le groupe O des pays africains est nettement meilleur que les autres groupes. Les fréquences des gènes A et B restent presque les mêmes. Les pays d'Afrique du Nord sont le produit intermédiaire du groupe A, les africains pour le gène B. Il est intermédiaire du côté européennes franc du gène O. Ils sont généralement différents des populations méditerranéennes européennes dans l'allèle B et l'haplotype cDe Haute fréquence, pour les pays du Maghreb, la prévalence phénotypique du système ABO est la suivante: le groupe O (46,43%) est le plus courant, suivi du groupe A (33,32%), groupe B (15, 92%) Et Groupe AB (4,32%). Pour le système Rhésus standard, le phénotype RHD est dominant, représentant 89,18%. L'antigène d'expansion RH représente la proportion d'antigènes positifs C (61,17%), c (85,78%) et e (98,32%), tandis que la proportion d'antigènes E positifs n'est que de 20%. La prévalence du phénotype K-positif était de 11,36% c'est-à-dire on a la prédominance du groupe O, du phénotype Rh positif ainsi que du phénotype Kell négatif (**Khalloufi, 2017**).

La population algérienne présente des variations génétiques importantes entre les différentes régions. En fait, la fréquence de l'allèle A varie entre 0,1315 et 0,2721; la fréquence de l'allèle varie entre 0,1315 et 0,2721. La plage du gène B est de 0,084 à 0,1615 et la plage du gène O est de 0,605 à 0,738 (**Benabadji et Aireche, 1988**).

Une étude menée par (**Merghoub et al. 1997**) sur les Berbères du Mزاب a montré que les

fréquences des gènes ABO et Rh du Mozabi sont étroitement liées aux Berbères, et elles se caractérisent par une fréquence élevée d'O, qui est supérieure à celle des Arabes. La communauté touareg de langue berbère a plus de liens avec la population de l'Afrique subsaharienne qu'avec les Berbères.

(Cavalli, Sforza *et al.* 1994) ont proposé que le peuple touareg ait une origine commune avec la tribu Afro-Beya au Soudan. On dit que les Touareg ont quitté Béja il y a plus de 5 000 ans et ont été influencés par les Berbères. Le mode de vie nomade des Touaregs et leur isolement dans le désert expliquent également leurs différences. D'autres études sur le polymorphisme Rh ont montré qu'en plus des Tutsi, les Bejas sont génétiquement apparentés à la population nord-africaine plutôt qu'à la population asiatique-africaine.

Au terme de la recherche hématologique sur les Berbères en Tunisie, et sur la base de données sociologiques, historiques et paléontologiques ont fortement soutenu l'hypothèse que les Berbères étaient des Maghrébins, et ils L'ancêtre des Homosapiens fut le premier homme moderne d'Afrique du Nord, "Homosapiens", le fondateur de la population européenne. . Une autre hypothèse suggère que les Berbères sont originaires d'Afrique. Leurs ancêtres sont géographiquement et génétiquement intermédiaires entre les Européens et les Africains subsahariens. De plus, l'analyse du polymorphisme Rh montre qu'il existe une origine commune entre les Berbères et les Yéménites (Chaabani *et al.*, 2000).

### **1-7 Relations Maladies – Groupes sanguins**

La plupart des bactéries et certains virus expriment les antigènes A, B ou H. Par exemple, le pathogène de la peste de *Yersinia pestis* porte l'antigène H et le virus qui a été éliminé, c'est-à-dire le virus de la «petite vérole» qui porte l'antigène. Une hypothèse acceptée par de nombreuses personnes pour expliquer la répartition géographique des groupes sanguins. Selon la même hypothèse, les individus sont plus ou moins sensibles aux maladies infectieuses causées par ces facteurs, qui seront liées à des différences dans leurs groupes sanguins. Par conséquent, les maladies endémiques exerceront une pression sélective. Si l'agent infectieux en question porte un antigène de surface approprié, la présence d'anticorps de groupe sanguin (anti-A et / ou anti-B) dans divers phénotypes ABO est considérée comme assurant une protection. Ces observations semblent cohérentes avec les populations à haut risque du groupe B en Europe de l'Est et en Asie. Ces deux régions du monde ont en effet connu des pandémies de peste et de «petite vérole» (Olsson, 1997).

Il existe d'autres liens entre le groupe sanguin et l'infection. La souche "globo-A-binding" d'*Escherichia coli* provoque des infections des voies urinaires préférentiellement chez les individus



## *Partie Bibliographique*

---

du groupe A, alors que moins d'individus du groupe O (**Olsson, 1997**). Les individus du groupe A sont plus susceptibles d'être infectés par le pathogène E. Coli 0157: H7 ou le cytotoxique E. Coli qui cause le syndrome hémolytique et urémique, et ont provoqué de graves épidémies en Amérique du Nord, en Europe occidentale, en Australie, en Asie et en Afrique du Sud. Cependant, le phénotype B semble jouer un rôle protecteur (**Shimazu et al, 2000**).

Il semble que le sujet O ait plus d'ulcères que les sujets A ou B. Des études récentes indiquent qu'il pourrait être lié à *Helicobacter pylori* et à l'ulcère duodéal. Certaines personnes pensent qu'ABO, Lewis et les substances sécrétées du groupe sanguin jouent un rôle dans l'adhésion de l'agent infectieux *Helicobacter* aux cellules cibles colonisées. Le phénotype O confère à *Helicobacter pylori* un niveau de récepteurs disponibles plus élevé que les autres phénotypes (**Olsson, 1997**).

La préférence pour le groupe O *Vibrio cholerae* 01 et 0139 est également décrite. Les personnes atteintes de AB sont relativement résistantes au choléra et à la plupart des maladies infectieuses (**Faruque et al, 1994**).

Autres maladies - L'Association ABO a également signalé, la plus intéressante et la mieux documentée est la forte incidence du cancer dans la population du groupe A (**Olsson, 1997**).

D'autres études ont confirmé que le groupe A est impliqué dans divers cancers: cancer des glandes salivaires, pancréas, estomac, rein, ovaire, vessie, utérus et cerveau (**Slater et al, 1993**). Ce marqueur sanguin est encore courant chez les jeunes patients atteints d'un cancer du poumon (moins de 50 ans), alors que le cancer du poumon est le groupe prédominant dans le groupe B, et le cancer du sein familial (qui survient chez au moins 2 femmes de la même famille) et bilatéral (qui se développe une seconde fois) chez les femmes Islandaises (**Tryggvadottir et al, 1988**).

Les tumeurs de la vessie chez les individus de type O sont plus malignes et montrent souvent une progression, Rh (+) représentant une grande proportion, la leucémie aiguë masculine est liée au groupe O (**Jackson et al, 1999**). Il est également bien connu que l'incidence des formes sévères de maladies hémolytiques dans les populations africaines est très élevée par rapport aux blancs, en particulier les noirs, les Nigériens et les Zimbabwéens ont une activité hémolytique anti-A et B. élevée. Très fort, en particulier pour les individus appartenant au groupe O (**Bergstrom et al, 1994**).

La prédisposition des individus du phénotype O à l'asthme a été également reportée, ils saignent également facilement; en fait, par rapport aux patients d'autres groupes sanguins, le ratio de facteur de coagulation Von Willebrand des sujets de type O a été réduit de 25% (**Miller et al,**

2001).

Selon Perrin et ses collègues, cette diminution du facteur «v W» est à l'origine de saignements postopératoires chez les patients présentant une déviation cardio-pulmonaire de type O. Selon une étude portant sur 306 patients atteints de prostatectomie, les hommes du groupe O présentent un risque élevé de saignement excessif (**Benson *et al*, 1998**).

D'autres relations maladie-groupage viennent allonger cette liste, les plus connues sont :

- le groupe A et athérosclérose (**Emery, 1986**).
- le groupe A et la maladie coronaire (**Cachera et Bourassa, 1985**).
- le groupe A et l'allergie (**Bernard, 1983**).
- le groupe A et la malaria (**Bouree et Bonnot, 1989**).
- le groupe A et les infections urinaires (**Albarus *et al*, 1997**).
- le groupe A et le giardiose (**Bouree et Bonnot, 1989**).
- le groupe B et l' Entamoeba coli (**Bouree et Bonnot, 1989**).
- les groupes A et B et le diabète sucré surtout les individus Rh (+) (**Sidhu *et al*, 1988**).
- le groupe O et les maladies parasitaires Hookworm et Strongloidiasis (**Bouree et Bonnot, 1989**).
- le groupe O et les infections rhumatismales (**Zitoun *et al*, 1984**).
- le groupe O et le choléra (**Shimazu *et al*, 2000**).

*Matériels*

*Et*

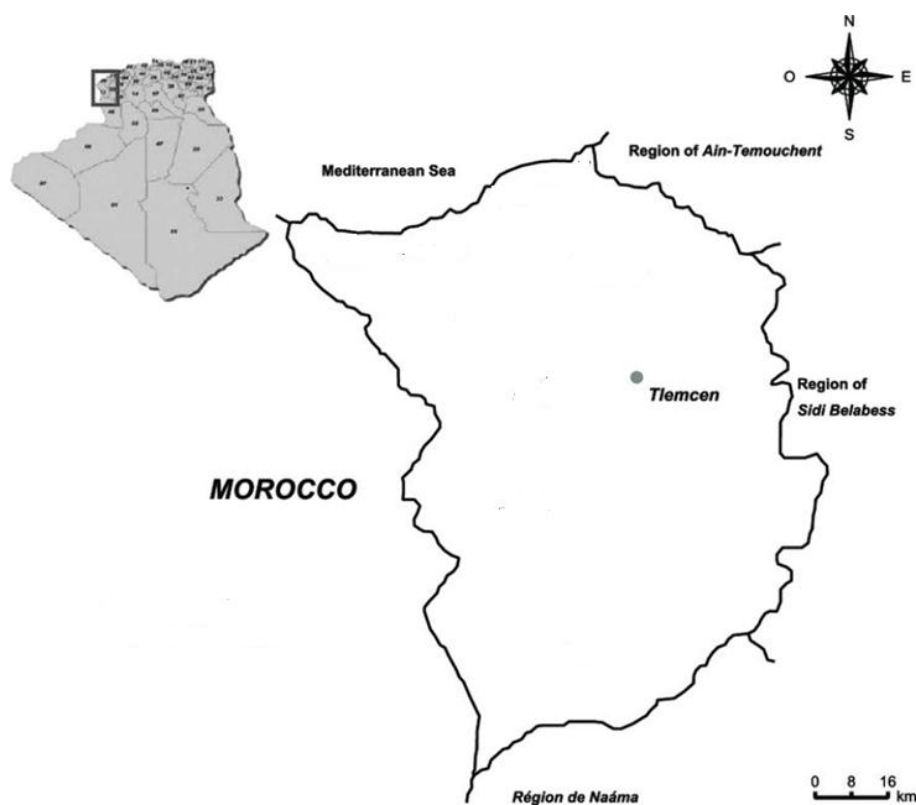
*Méthodes*

## 2 - MATERIELS ET METHODES

### 2-1 Présentation de la région d'étude

#### 2-1-1 Situation géographique

L'étude fait partie dans la wilaya de Tlemcen (**Figure 04**), Pour mener à bien cette étude sur la caractérisation anthropo-génétique de la population endogame de Tlemcen par les groupes sanguins et morbidité. Tlemcen se situe à l'extrémité du Nord-Ouest Algérien, entre le 34° et 35°40' de latitude Nord et 22°30' de longitude Ouest. La wilaya de Tlemcen dispose d'une façade maritime de 120 km. C'est une wilaya frontalière avec le Maroc, Avec une superficie de 9017,69 Km<sup>2</sup>



**Figure 04** : Situation géographique de la wilaya de Tlemcen.

L'étude est une méga-analyse portée sur la base de données de l'équipe environnement et santé du Pr. Aouar du Laboratoire de valorisation des actions de l'Homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique.

### **2-1-2 Considération bioclimatique**

Tlemcen se caractérise par un climat méditerranéen, basé sur l'opposition entre les hivers océaniques froids (la Wilaya est ouverte aux zones océaniques basses) et les étés désertiques chauds et secs (entraînant une élévation et une stagnation continues tout au long de la saison), La pluviométrie est encore très irrégulière et varie entre 200 et 500 mm / an (**DPSB, 2013**).

### **2-1-3 Cadre démographique :**

Selon le dernier recensement de 2008, la population de la wilaya de Tlemcen était de 949135 habitants alors qu'elle n'était que de 707453 en 1987. Le tableau 03 donne l'évolution de la population (**ONS, 2011**):

**Tableau 03:** Evolution démographique au niveau de la wilaya de Tlemcen (**Aouar et Berrahoui, 2004**).

Années	1987	1998	2008
Population	707453	846942	949135

### **2-2 Echantillonnage**

L'étude de typage sanguin menée par l'équipe Environnement et Santé du Pr. Aouar du Laboratoire de valorisation des actions de l'Homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique dans le système ABO et Rh a porté sur 92731 individus.

Les fréquences génotypiques et alléliques du groupe sanguin ABO ont été déterminées dans la population de Tlemcen.

*Résultats*  
*Et*  
*Interprétations*

Pour cette travail nous nous sommes basés sur des travaux réalisés dans la région de Tlemcen par l'équipe environnement et santé du Pr. Aouar (laboratoire de valorisation de l'action de l'Homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique de l'université de Tlemcen).

### 3-1 Répartition des groupes des systèmes ABO, Rh

#### 3-1-1 Répartition globale

Pour le système ABO, les fréquences phénotypiques sont respectivement de 35,94% pour le groupe A, 15,20% pour le groupe B, 4,83% pour le groupe AB et 44,03% pour le groupe O (**tableau 06**). Pour les fréquences géniques observées, 0,231 pour le A (p), 0,106 pour le B (q) et 0,663 pour le O (r).

Globalement, les fréquences alléliques de la population de Tlemcen sont proches de la moyenne algérienne (Aouar *et al.*, 2004, 2005 ; Moussouni et Aouar, 2011 ; Belkhatir *et al.*, 2014 ; Bouazza *et al.*, 2017).

**Tableau 04:** Comparaison des fréquences géniques ABO et Rh.

Population	P	q	R	D
Algérienne	0,209	0,123	0,668	<0.20
Les Résultats de la méta-analyse	0,231	0,106	0,663	<b>0.272</b>

Dans la région de Tlemcen les fréquences phénotypiques varient entre :

30,98% - 45,66% pour le groupe A

10,67% - 17,90% pour le groupe B

2,39% - 9,77% pour le groupe AB

38,4% - 49,74% pour le groupe O

Par ailleurs les fréquences géniques varie entre :

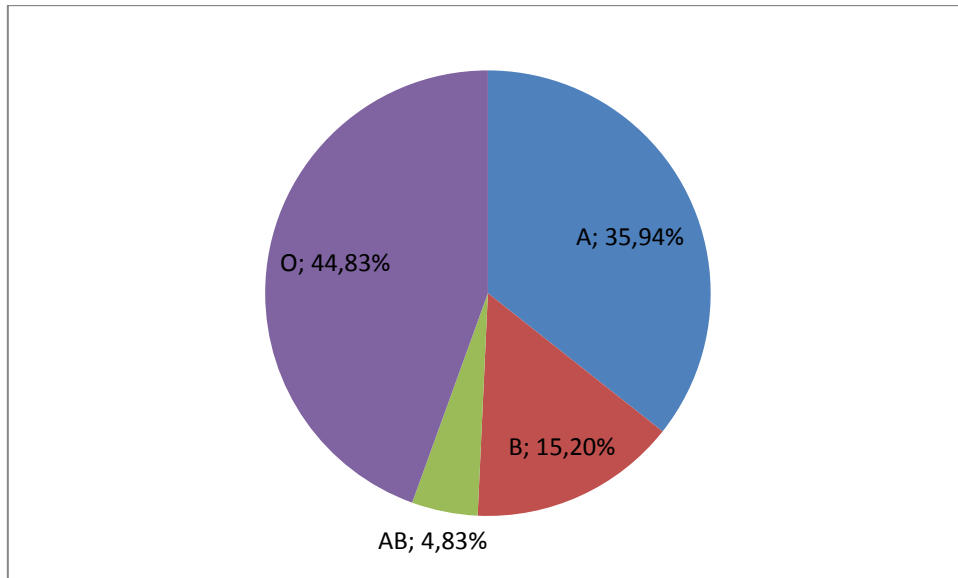
0,19- 0,292 pour le gène A

0,079- 0,135 pour le gène B

## Résultats Et Interprétations

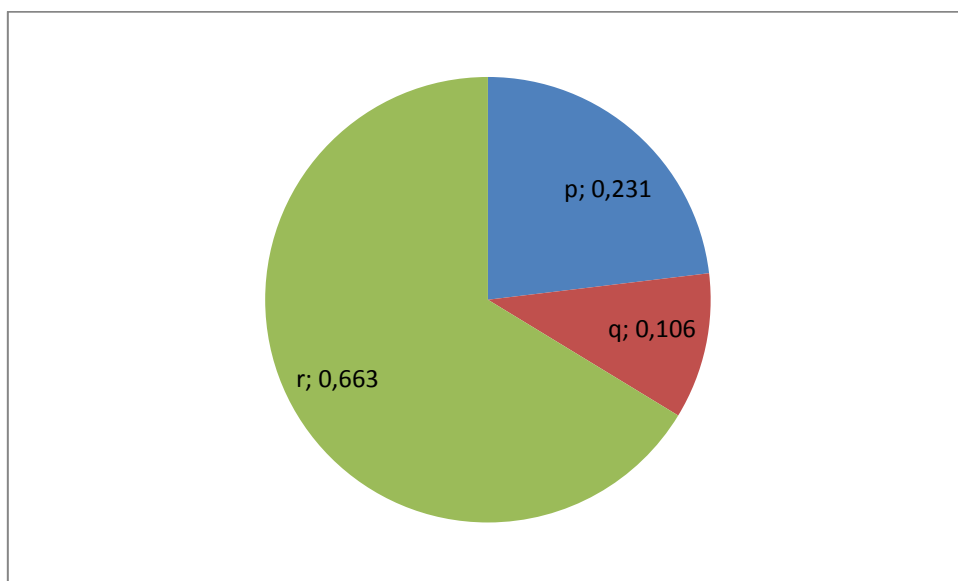
0,62 – 0,705 pour le gène O

Pour les fréquences phénotypiques du système ABO, les résultats de la méta-analyse montrent : 44.83% pour le groupe O, 35.94% pour le A, 15.20% pour le groupe B et 4.83% pour le groupe AB.



**Figure 05:** Répartition des fréquences phénotypiques du système ABO dans la population de Tlemcen.

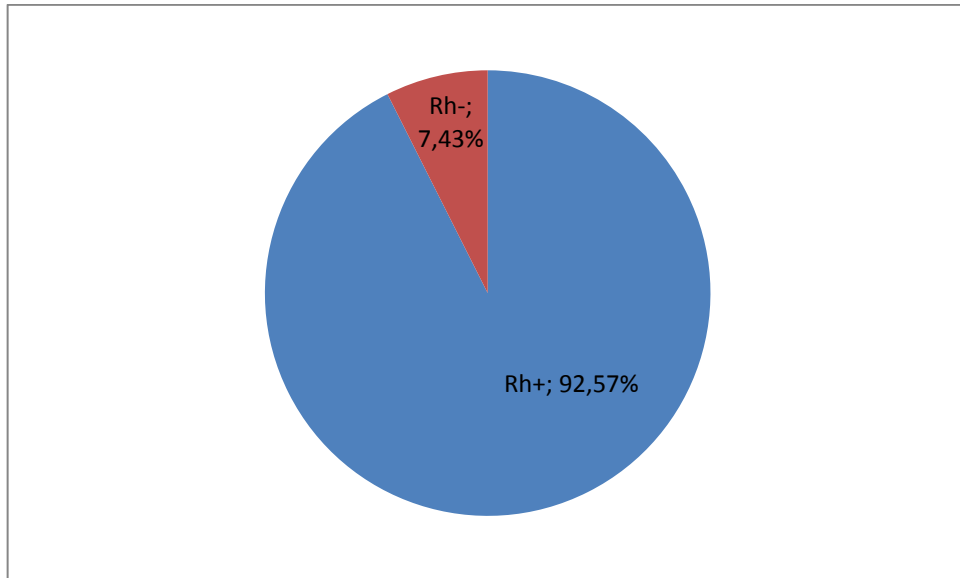
Pour les fréquences alléliques, les résultats de la méta-analyse montrent 23.1% pour allèle p, 66.3% pour r et 10.6% pour l'allèle q.



**Fig 06:** Répartition des fréquences alléliques du système ABO dans la population de Tlemcen



Les résultats du système rhésus, les fréquences phénotypiques de la méta-analyse montrent 72.8% pour allèle D et 27.2% pour l'allèle d.



**Fig 07 :** Répartition des fréquences phénotypiques du système Rhésus dans la population de Tlemcen

Pour les fréquences alléliques, les résultats de la méta-analyse montrent 72.8% pour allèle D et 27.2% pour l'allèle d.

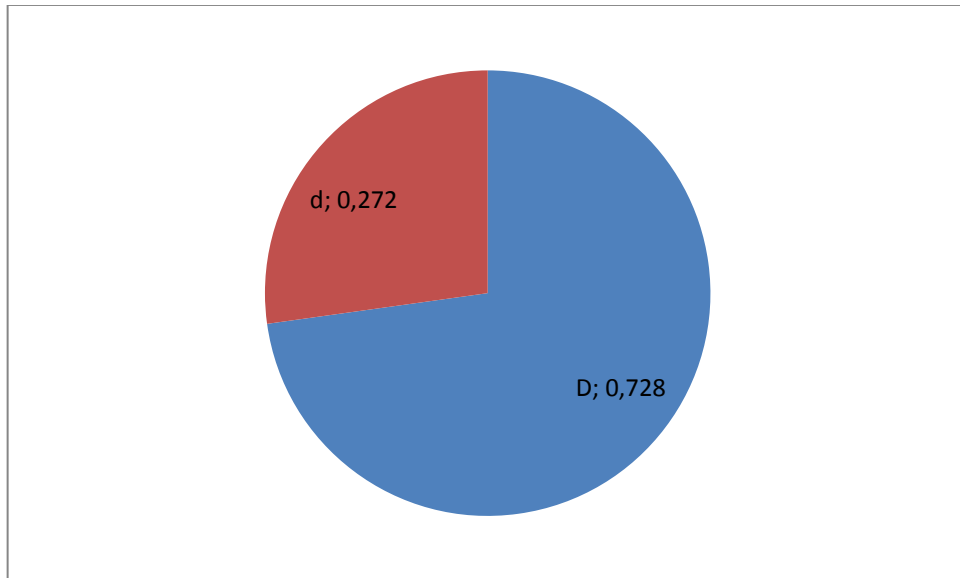


Fig 08: Répartition des fréquences alléliques du système Rhésus dans la population de Tlemcen

### 3-1-2 Répartition des groupes des systèmes ABO, Rh par sexe

#### 3-1-2-1 Répartition globale

Dans la population de Tlemcen, les fréquences alléliques A, B et O ne montrent pas de différence entre le sexe masculin et le sexe féminin.

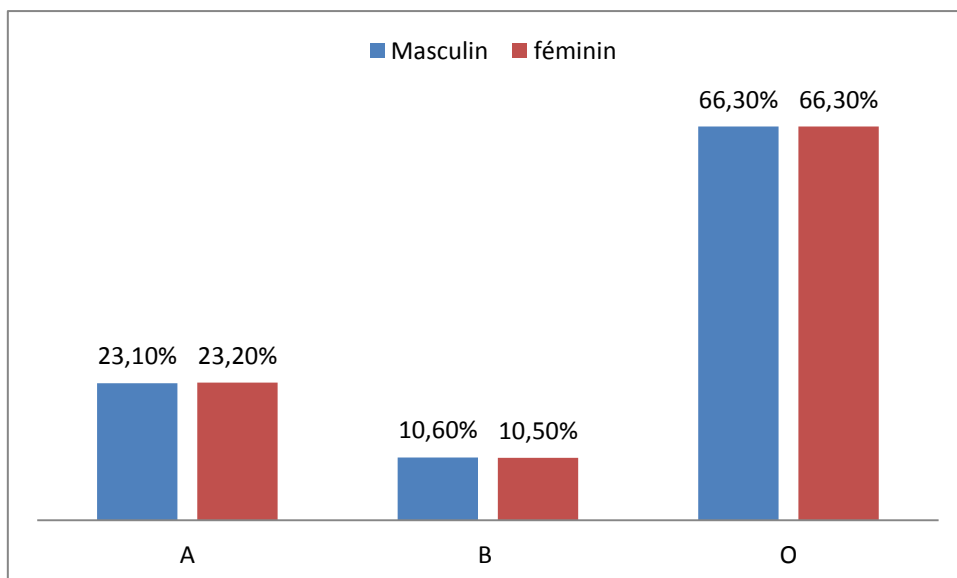


Fig 09: Répartition allélique du système A, B, O par sexe

De même, pour le système Rhésus, il n'y a pas de différence entre les deux sexes.

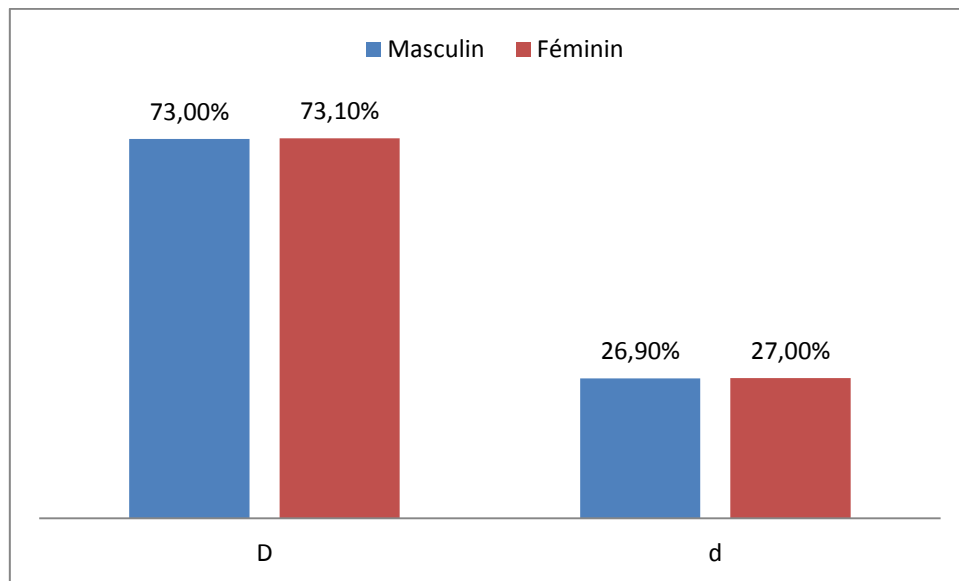


Fig 10 : Répartition allélique du système Rhésus par sexe

### 3-2 Relation entre les indicateurs sanitaires et les groupes sanguins des systèmes ABO, Rh

Nous avons effectué une répartition des groupes de systèmes ABO, Rh des couples qui ont subi des avortements et/ ou accouché de mort-nés et/ou de néo-mort-nés.

#### 3-2-1 les avortements et les groupes ABO, Rh

Il semblerait dans cette méta-analyse donc, que les groupes ABO, Rh n'exercent aucun effet sur l'avortement dans la population de Tlemcen.

#### 3-2-2 la mortalité et les groupes ABO, Rh

Cette méta-analyse montre que les groupes ABO, Rh n'exercent aucun effet sur la mortalité dans la population de Tlemcen.

### 3-2-3 Relation entre la morbidité et les groupes ABO, Rh

La méta-analyse réalisée sur la base de données de l'équipe environnement et santé du Pr Aouar du laboratoire de valorisation des actions de l'Homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique, nous a révélé des corrélations entre le groupe A et l'Asthme, le groupe O et le Rhumatisme.

De même une association entre le diabète, l'ulcère gastrique et le Rhésus négatif.

## *Discussion*

### 4.1 Répartition des groupes des systèmes sanguins ABO, Rh

#### 4.1.1 Répartition globale

La méta-analyse de la base de données de l'équipe environnement et santé du Pr Aouar du laboratoire de valorisation des actions de l'Homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique nous avons effectué dans les systèmes ABO et Rh, a porté sur un échantillon de 92731 individus dans la population de Tlemcen.

Les fréquences phénotypiques et géniques ont été déterminées le système ABO et le système Rhésus

Pour le gène A, la population de Tlemcen montre une fréquence supérieure à celle de la population Algérien étudiée par **Aouar et al 2004., 2005 ;Moussouni et Aouar, 2011 ; Belkhatir et al., 2014 ; Bouazza et al., 2017).**

Par rapport aux autres pays du Maghreb, la fréquence du gène A dans la population de Tlemcen est plus ou moins proche de celle de la Libye, inférieure à celle du Maroc mais supérieure à celle de la Tunisie (**Aouar et al., 2004 ; 2005).**

En ce qui concerne le gène B, la population de Tlemcen exhibe une fréquence inférieure à celle de la population Algérien (**Aouar et al., 2004 ; 2005 ;Moussouni et Aouar, 2011 ; Belkhatir et al., 2014 ; Bouazza et al., 2017).**

Le Maghreb et d'autres pays du continent africain ont généralement des fréquences des gènes B plus élevées que la population de Tlemcen.

La population de Tlemcen est intermédiaire pour l'allèle O et proche de celle observée dans l'Algérie( **Aouar et al., 2004 ; 2005).**

La Tunisie est également intermédiaire pour l'allèle O, dont la fréquence reste supérieure à celle de notre population. ( **; Aouar et al, 2004 ; 2005).**

Pour le Rh, la population de Tlemcen est intermédiaire. Il en est de même pour les pays du Maghreb à l'exception de la Libye où la fréquence du gène d plus importante mais plus faible au Maroc et en Tunisie (**Aouar et al., 2004).**

Au terme de cette méta-analyse des systèmes ABO, Rh dans la population de Tlemcen, nous pouvons dégager les éléments caractéristiques suivants :

## *Discussion*

- des gènes A et d de fréquences intermédiaires.
- Un gène B de fréquence intermédiaire.
- Un gène O de fréquence intermédiaire.

En fait, la Méditerranée a joué un rôle important dans les échanges entre la population européenne et la population nord-africaine. De par sa situation géographique, Tlemcen était une véritable capitale commerciale sous l'empire des Zianides. Pendant cette période, la ville a accueilli des migrants d'Espagne.

Notre recherche permet de souligner la position intermédiaire de la population de Tlemcen dans l'ensemble Euro-Africain.

**Tableau 05 :** Fréquences géniques du système ABO dans quelques régions de l'Algérie et du Maghreb

Villes / Pays	P	q	r	Références
Aurès	0,24	0,07	0,68	Benabadji et Chemla, 1971
Kabylie	0,22	0,11	0,66	Benabadji et Chemla, 1971
Mzab	0,17	0,06	0,76	Ruffié et al., 1962
Saoura (Chlef)	0,17	0,04	0,77	Ruffié et al., 1962
Saoura (Arabe)	0,13	0,12	0,74	Ruffié et al., 1962
Tidikelt (Arabe)	0,20	0,08	0,70	Ruffié et al., 1962
Ouest Algérien (moyenne)	0,206	0,125	0,670	Benabadji et Airèche, 1994
Algérie	0,224	0,116	0,660	Benabadji et Airèche, 1994
Tunisie	0,192	0,121	0,686	Hmida et al., 1994
Maroc	0,253	0,117	0,626	Benabadji et Aireche ;1994
Lybie	0,225	0,132	0,643	Vona et al., 1994
<b>les Résultats de la méta-analyse</b>	<b>0,231</b>	<b>0,106</b>	<b>0,663</b>	<b>Equipe environnement et santé</b> du Pr Aouar du laboratoire de valorisation des actions de l'Homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique

**Tableau 06 :**Fréquences géniques du système Rh dans quelques régions de l'Algérie et euro-africain (Aouar *et al.*, 2004, 2005, 2008)

Villes/Pays	D	d	Références
Aurès	0,74	0,25	<b>Benabadji et Chemla, 1971</b>
Kabylie	0,68	0,31	<b>Benabadji et Chemla, 1971</b>
Mzab	0,65	0,34	Ruffieet <i>al.</i> , 1962
Souara (Chlef)	0,68	0,31	Ruffieet <i>al.</i> , 1962
Tidikelt (Arabe)	0,77	0,22	Ruffieet <i>al.</i> , 1962
Lybie	0,655	0,345	Vona, 1994
Maroc	0,77	0,23	Jhonsonet <i>al.</i> , 1963
Tunisie	0,74	0,26	Ranqueet <i>al.</i> , 1961
Egypte	0,65	0,35	<b>Vona, 1994</b>
Mozambique	0,827	0,173	Bergstromet <i>al.</i> , 1994
Suède	0,574	0,425	Bergstromet <i>al.</i> , 1994
Allemagne	0,563	0,436	Scheil et Strunz, 1996
Espagne	0,611	0,389	Vona, 1994
Australie	0,60	0,40	Lai et al , 1986
<b>Base de données sur la population de Tlemcen</b>	<b>0,728</b>	<b>0,272</b>	<b>Equipe environnement et santé</b> du Pr Aouar du laboratoire de valorisation des actions de l'Homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique

#### 4.2 Relation entre morbidité et les groupes sanguins

Un grand nombre d'associations entre les groupes sanguins ABO et Rh ont été rapporté dans la littérature. Les résultats de la méta-analyse de l'équipe environnement et santé de Tlemcen ont mis en évidence relations entre la morbidité et le groupe ABO. Le handicap physique était positivement corrélé avec le groupe A, et le diabète était positivement corrélé avec le groupe B, Ce résultat corrobore avec celui de **Sidhu *et al* (1988) in Berrahoui, 2003**. Cependant, ces auteurs trouvent également une relation entre le diabète sucré et le groupe AB, alors que les résultats révèlent que les sujets AB sont les moins touchés par cette maladie. Notre analyse également révélé une corrélation significative entre le diabète et Rh (-), aussi la relation entre les rhumatismes et le groupe O. Selon la littérature, le groupe O est lié à la polyarthrite rhumatoïde (**Antoine *et al*, 1987**) et aux infections rhumatismales (**Zitoun *et al*, 1984**). Les individus A à un risque plus faible de rhumatisme. De plus, selon notre méta-analyse nous avons constaté que l'association entre l'asthme

## *Discussion*

---

et le groupe A ne confirmait pas les résultats de **Kauffman *et al* (1996) in Berrahoui 2003** selon lesquels les individus du phénotype O seraient prédisposés à cette maladie.

La littérature reporte une association entre le groupe A et l'allergie (**Bernard, 1983**). Cependant la base de données ne révèle aucune relation significative. Certains auteurs (**Emery, 1986 ; Olsson, 1997**) reportent une relation entre le groupe O et l'ulcère gastrique, Alors que notre analyse révèle une association entre cette pathologie et Rh (-).



## *Conclusion*

## Conclusion

---

Pour étudier les Caractérisation anthro-po-génétique de la population Endogame de Tlemcen dans la région de Tlemcen par les groupes sanguins et morbidité, nous avons réalisé une méta-analyse sur la base de données de l'équipe environnement et santé du Pr Aouar du laboratoire de valorisation des actions de l'Homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique

En ce qui concerne, les fréquences alléliques, la population de Tlemcen est proche de la moyenne algérienne.

Au total, la distribution des fréquences phénotypiques sont respectivement de 35,94% pour le groupe A, 15,20% pour le groupe B, 4,83% pour le groupe AB et 44,03% pour le groupe O, Tandis que pour les fréquences géniques observées, 0.231 pour le A (p), 0.106 pour le B (q) et 0.663 pour le O (r), par rapport la distribution Algérienne de, 0.209 pour le (p), 0.123 pour le (q) et 0.668 pour le (r).

Quant à l'analyse chez les deux sexes de la population de Tlemcenaussi bien pour les fréquences de gènes A, B et O que pour les fréquences du Rhésus les résultats de la méta-analyse ne révèlent aucune différence significative. .

Les résultats de notre méta-analyse ne révèlent aucune association entre le groupe ABO, RH et l'avortement et mortalité.

Les résultats de notre méta-analyse à montrer quelques associations entre les groupes ABO, Rh et la morbidité.

Certaines divergences trouvées dans nos résultats peuvent être dues à la structure génétique de la population de Tlemcen ou à des influences environnementales.

### **Perspectives :**

Réalisation d'un travail pratique du terrain ;

Analyse d'un grand nombre de population ;

Analyses d'autres marqueurs érythrocytaires ;

Analyser d'autres facteurs de risques

## Références Bibliographiques

1. ALBARUS M.H., SALZANO F.M. et GOLDRAICH N.P., 1997. Genetic markers and acute febrile urinary tract infection in the 1<sup>st</sup> year of life. *Pediatr. Nephrol*, 11, 691-694.
2. ANDREU G, BIDEZ JM, GENIT B, (1991). Aide mémoire de transfusion sanguine, Médecine–Sciences Flammarion. P 152-155.
3. ANTOINE R. et RYCHERWAERT., 1987. Rhumatologie osseuse et articulaire. 1 ère édition. Flammarion. Science.
4. AouarMetri A., Berrahoui S., Chalabi FZ., Mokedem R et Moussouni A(2004). Characterisation Anthropologic by consanguinity, abortion neonatal mortality and morbidity in some western Algerian populations. Laboratoire d'anthropologie des religions comparées. Etude socio-éthnologique. Travaux du Laboratoire de violence et religion. Tome I : 17-31.
5. AouarMetri A., Moussouni A., Mokedem R., Chalabi F Z(2005). Caractérisation anthropogénétique dans des populations du littoral, des Monts de Tlemcen et des hauts plateaux par la consanguinité, mortalité et morbidité. *Revue anthropologie des religions* Tome 3 (17-22).
6. Aouar, A., Sidi-Yakhlef, A., Biemont, C., Saidi, M., Chaif, O., Ouraghi, S. A. 2012. A genetic study of nine populations from the region of Tlemcen in Western Algeria: a comparative analysis on the Mediterranean scale. *Anthropological Science*, 120(3), 209-216
7. Aouar A, Sidi Yakhlef A, Dali Youcef M, Chaif O, Sour S(2009).Caractérisation anthropogénétique de la population de Oualhaçadans l'Ouest Algerien: Analyse comparative du polymorphisme des dermatoglyphes et des groupes sanguins (ABO, Rhésus, MNSs et Duffy) à l'échelle de la Méditerranée. *Antropo*, 31, 89-97. [www.didac.ehu.es/antropo](http://www.didac.ehu.es/antropo)
8. Belkhatir, D., AouarMetri A., Benkou, F., Bouaza, H., Sidi-Yakhlef, A., AitYahia, R., Bachir, S., 2014. Caractérisation anthropogénétique de la population de Beni Ouarsous dans les monts de Traras par le polymorphisme des groupes sanguins (ABO, Rhésus, MNSs et Duffy): Analyse comparative à l'échelle Méditerranéenne. *Antropo*, 31, 89-97.
9. BENABADJI M., AIRECHE H., 1988. Rh and Duffy gene frequencies in Algeria. *Gene geography*, 2, 1-8.
10. BENSON K., AGOSTI S.J., LYMAN G.H., POW – SANG J.M., SABA H.I. et BALDUCCI L., 1998. Estimated blood loss in group O as compared to non group O Radical prostatectomy patients. *Hematology*, 3, 257-261.

11. BERGSTOM S., PEREIRA C., HAGSTROM U. et SAFWENBERG J., 1994. Obstetric implications of rhesus antigen distribution in Mozambican and Swedish women. *Gynecol Obstet Invest*, 38, 82-86.
12. BERNARD J., 1983. *Le sang et l'histoire*. Ed Buchet / Chastel. Paris.
13. BOUREE P. et BONNOT G., 1989. Study of relationship of ABO and Rh Blood groups and HLA antigens with parasitic diseases. *Journal of the Egyptian Society of parasitology*, 19, 67-73.
14. BUENTELLO L., GARCIA P., LISKER R., SALAMANCA F. et PENALOZA R., 1999. Blood groups and red cell acid phosphatase types in a Mixteca population resident in Mexico city. *American journal of human biology*, 11, 525-529.
15. CACHERA et BOURASSA M., 1985. *La maladie coronaire*. Flammarion Med. Science 2<sup>ème</sup> édition.
16. CARTRON JP, PHILIPPE R, (1998). *Bases moléculaires des antigènes des groupes sanguins ; de l'immunogénétique à la biologie cellulaire*. Ed : Masson, Paris. P 158-166-192-193-194-213-223-229.
17. CHAABANI H., SANCHEZ-MAZAS A. et SALLAMI S.F., 2000. Genetic differentiation of Yemeni people according to rhesus and Gm polymorphisms. *Annales de Génétique*, 43, 155-166.
18. CHOUDHURY A., DUTTA U.K., BHATTACHARYYA A. et MUKHERJEE S., 1994. Epidemiological studies of blood groups in the district of Bankura with special reference to tribals. *J Indian Med Assoc*, 92, 291-292.
19. DELAMAIRE et DUCHENSE, 1992. *L'hématologie de Bernard Dreyfus*. Med. Sciences. P166.
20. Des prédispositions génétiques au Covid-19 ? Nous ne sommes pas tous égaux face au SARS-CoV-2. De nombreuses différences dans notre patrimoine génétique expliqueraient notre sensibilité, ou non, au coronavirus, et la sévérité de la maladie. LOÏC MANGIN| 22 avril 2020|
21. DPSB (Direction de la Programmation et du Suivi Budgétaires) de la wilaya Annuaire 2013, ANDI 2013.
22. EMERY A.E.H., 1986. *Abrégés génétique médicale*. Masson, 131-154.
23. FARUQUE A.S.G., MAHALANABIS D., HOQUE SS. et ALBERT M.J., 1994. The relationship between ABO blood groups and susceptibility to Diarrhea due to *Vibrio Cholera O139*. *Clinical infectious diseases*, 18, 827-828.
24. Ghali, Boufrioua El, Oujidi Mohammed, Yahyaoui Hicham, et Ait Ameer Mustapha. 2020. « Les fréquences phénotypiques et génotypiques des systèmes ABO et Rh dans la

- population marocaine : expérience du Service de Transfusion de l'Hôpital Militaire Avicenne, Marrakech ». *PAMJ - Clinical Medicine* 2(140). GOUDEMAM M., SALMON C.H., 1980. Immuno-hématologie et immunogénétique. Flammarion Med.Sciences.
25. Goudemand M., Salmon Ch. Immuno-hématologie et immunogénétique. 1980, Flammarion Médecine-Sciences.
  26. Groupes sanguins et conséquences médicales Publié le 01.06.03 Par David Germanaud, Gilles Furelaud
  27. GRUNNET N., STEFFENSEN R., BENNETT E.P. et CLAUSEN H., 1994. Evaluation of Histo-Blood group ABO genotyping in a Danish population : Frequency of a novel O allele defined as 02. *Vox Sang*, 67, 210-215.
  28. Huang JY, Wang R, Gao Y-T, Yuan J-M (2017) ABO blood type and the risk of cancer ± Findings from the Shanghai Cohort Study. *PLoS ONE* 12(9): e0184295. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0184295>
  29. IKEMOTO S., 1995. Searching for genetic markers – in the fields of forensic medicine and human genetics, 49, 419 –431.
  30. IRSHAD N.M., 2001. Correlation between phenotype and genotype in some clinically important blood groups systems. Lund University, 8-20.
  31. IWASAKI M., KOBAYASHI K., SUZUKI H., ANAN K., OHNO S., GENG Z., LI G. et INOKO H., 2000. Polymorphism of the ABO blood group genes in Han, kazak and Uygur populations in the silk route of northwestern China. *Tissue antigens*, 56, 136-142.
  32. JACKSON N., MENON B.S., ZARINA W., ZAWAWI N. et NAING N.N., 1999. Why is acute leukemia more common in males ? A possible sex- Determined risk linked to the ABO blood group genes. *Ann Hematol.*, 78, 233-236.
  33. Jacques Chiaroni. ETUDE ANTHROPOGENETIQUE DE LA POPULATION COMORIENNE DE MARSEILLE. Anthropologie biologique. Université de la Méditerranée - Aix-Marseille II, 2003. Français. fftel-00011766f
  34. KAUFFMAN F., FRETTE C., PHAM Q-T., NAFISSI S., BERTRAND G-P. et ORIOL R., 1996. Associations of blood group related antigens to Fev<sub>1</sub>, Wheezing and Asthma. *An J respir crit care Med*, 53, 76-82.
  35. Kermyt G. Anderson, Department of Anthropology, University of Oklahoma "How well does paternity confidence match actual paternity? Evidence from worldwide nonpaternity rates".CV: Kermyt G. Anderson, Ph.D. 2005-05-30.
  36. Khalloufi, Abdelaziz. 2017. « Étude de la prévalence des groupes sanguins ABO, Rh et Kell: À propos de 3589 dons de sang dans une région du centre du Maroc ». *Research fr.*

- [/fr/Study-of-the-prevalence-of-ABO-Rh-and-Kell-blood-groups-About-3589-blood-donations-in-a-region-of-ce.html](#) (20 septembre 2020).
37. KORNSTAD L., 1997. Frequency of the blood group antigen K and the A1 A2 BO groups in the Norwegian counties. *Gene geography*, 11, 37-46.
  38. KUCINSKAS V., RADIKAS J. et RASMUSON M., 1994. Genetic Diversity in the Lithuanian rural population as illustrated by variation in the ABO and Rh (D) blood groups. *Hum Hered*, 44, 344-349.
  39. La transfusion de globules rouges et de plaquettes sanguines Ph. Schneider et J.-D. Tissot *Rev Med Suisse* 2000; volume -4. 20448
  40. Mansuet-Lupo, A., V. Van Huffel, et P. Rouger. 2007. « Les empreintes génétiques: nouvel outil en médecine légale ». *Immuno-analyse & Biologie Spécialisée* 22(4):209-14.
  41. MERGHOUB T., SANCHEZ – MAZAS A., TAMOUZA R., LU C-Y., BOUZID K., ARDJOUN F.Z., LABIE D., LAPOUMEROLIE C. et ELION J., 1997. Haemoglobin D – Ouled Rabah among the Mozabites : A relevant variant to trace the origin of berber – Speaking populations. *Eurj Hum Genet*, 5, 390-396.
  42. MILLER C.H., DILLEY A., RICHARDSON L., HOOPER W.C. et EVATT B.L., 2001 . Population differences in von Willebrand factor levels affect the diagnosis of Willebrand disease in African-American women. *American journal of Haematology*, 67, 125-129.
  43. Moussouni, A., Aouar Metri, A., 2011, Etude du polymorphisme des dermatoglyphes et des groupes sanguins (ABO, Rhésus, MNSs, Duffy et Kell) chez la population de Sabra dans le Nord Ouest Algérien. *Antropo*, 25, 65-80. [www.didac.ehu.es/antropo](http://www.didac.ehu.es/antropo)
  44. NADJMAN A., VERDY E., PORTON G. et ISNARD P., 1994. Hematology. *Precis des maladies du sang*. T1 et T2. Ellipses.
  45. OLSSON M.L. et CHESTER M.A., 1996. Frequent occurrence of a variant O1 gene at the blood group ABO locus. *Vox sang* , 70, 26-30 .
  46. OLSSON M.L., 1997. Molecular genetic studies of the blood group ABO locus in man. *Lund University* , 7-42.
  47. OLSSON M.L., SANTOS S.E.B., GUEREIRO J.F., ZAGO M.A. et CHESTER M.A., 1997. Heterogeneity of the O alleles at the blood group ABO locus in Ameridians. *Vox sang*, 00, 000-000.
  48. OLSSON ML, (1997). Molecular genetic studies of blood group ABO locus in man. *Lund University*, 7-42
  49. **ONS., 2011**: Office National des statistiques.
  50. PARVEEN N., 1987. ABO and sub-groups of group A in the Lahore population. *J.P.M.A.*, 200-201.

51. Professor Michael Gilding, Director of the Australian Centre for Emerging Technologies and Society, Swinburne University of Technology, Melbourne, "Rampant Misattributed Paternity: the Creation of an Urban Myth", *People and Place*, vol 13, no 2, 2005.
52. Ramdani.H, (2017) : Caractérisation épidémiogénétique de la population infantile de Tlemcen par le diabète type 1 : Analyse comparative à l'échelle nationale et méditerranéenne, Mémoire de Master, université Abou Bekr Belkaïd-Tlemcen-.
53. Ruffie J, 1998. L'hémotypologie. Nouvelle encyclopaedia Universalis, 4 ème Ed, V11.
54. Sally Macintyre and Anne Sooman, "Non-paternity and prenatal genetic screening" *The Lancet*, 1991, v338, Oct. 5, p. 869-871.
55. SERRE J.L., SEGER J., LANSET S., BABRON M.C., GOULET V., BENOIST J. et BOIS E., 1987. Studies on an isolated West Indies population (V) : genetic differentiation, evidence for founder effect and Drift. *Gene geography*, 1, 81 – 92 .
56. SHIMAZU T., SHIMAOKA M., SUGIMOTO H., TAENAKA N. et HASEGAWA T., 2000. Does blood type B protect against Haemolytic Uraemic syndrome ? An analysis of the 1996 sakai outbreak of E. coli 0157 : H7 ( VTEC 0157) infection. *Journal of Infection*, 41, 45-49.
57. SHOHAT T., SHAW S.J., SPARKES R.S., VADHEIM C.M., ROTTER J.I. et ZEIDLER A., 1995. Polymorphic gene markers in Mexican – Americans residing in southern California. *Hum Hered* , 45, 150-156.
58. SIDHU L.S., MALHOTRA P. et SINGH S.P., 1988. ABO and Rh blood groups in diabetes mellitus. *Anthrop. Anz*, 46, 269-275.
59. SLATER G., ITZKOWITZ S., AZAR S. et AUFSES A.H., 1993. Clinicopathologic correlations of ABO and rhesus blood type in colorectal cancer. *Dis colon rectum*, 36, 5-7.
60. Thompson, J.S., et Thompson, M.W., 1978, *Précis de génétique Médical*. Doin Editeurs, 2ème Edition.
61. TRYGGVADOTIR L., TULINIUS H. et ROBERTSON J., 1988. Familial and sporadic breast cancer cases in Iceland: A comparison related to ABO blood groups and risk of bilateral breast cancer. *Int. J. Cancer*, 42, 499-501.
62. VONA G., 1997. The peopling of Sardinia (Italy) : History and effects .*International journal of anthropology*, 12, 71-87.
63. WALTER H., FARHUD D.D., DANKER – HOPFE H. et AMIRSHAHI P., 1991. Investigations on the ethnic variability of the ABO blood group polymorphism in Iran. *Z. Morph. Anthropol.*, 78, 289 –306.

64. . WALTER TJ, MORGAN and WINIFRED M, WATKINS, (2000). Unravelling the biochemical basis of blood group ABO and Lewis antigenic specificity. *Glycoconjugate journal* .17, 501-530.
65. YIP S.P., 2000. Single tube multiplex PCR-SSCP analysis distinguishes 7 common ABO alleles and readily identifies new alleles. *Amer.society of hematology*, 95, 1487-1492.
66. ZAIN F.S., SMITH T.A. et MYERS H.B., 1988. Population Data of casework in west Virginia on six genetic marker systems. *Journal of Forensic sciences*, 1007-1010.
67. ZITOUN R., BERNARD A. et SAMAMA H., 1984. Manuel hématologie. Doin, Editeurs Paris, 171-181.
68. « FMPMC-PS - Hématologie - Niveau DCEM3 ». <http://www.chups.jussieu.fr/polys/hemato/POLY.Chp.20.12.html> (18 juin 2020).
69. « Groupes sanguins - Qu'appelle-t-on le système ABO ? - Fiches santé et conseils médicaux ». <https://sante.lefigaro.fr/sante/analyse/groupes-sanguins/quappelle-t-on-systeme-abo> (18 juin 2020).
70. « Groupes sanguins et MBTI ». *mbti.forumactif.fr*. Ven 10 Fév 2017 <https://mbti.forumactif.fr/t3586-groupes-sanguins-et-mbti> (17 septembre 2020).
71. « Groupes sanguins ». *Hema-Quebec*. [https://www.hema-quebec.qc.ca/sang/savoir-plus/groupes\\_sanguins.fr.html;jsessionid=B3A812124C5D7D50A89962AF9A7B30E9](https://www.hema-quebec.qc.ca/sang/savoir-plus/groupes_sanguins.fr.html;jsessionid=B3A812124C5D7D50A89962AF9A7B30E9) (20 juin 2020).
72. « Les groupes sanguins - Amicale des donneurs de sang de Givet et de ses Environs ». <http://www.amicale-sang-givet.com/les-groupes-sanguins> (17 septembre 2020).
73. « Phylum: définition et explications ». *AquaPortail*. <https://www.aquaportail.com/definition-1803-phylum.html> (15 septembre 2020).



## Résumé

Dans le cadre de l'étude de la caractérisation anthropo-génétique de la population de Tlemcen par les groupes sanguins et maladies nous avons réalisé une méta-analyse à partir de données de l'équipe environnement et santé du laboratoire de valorisation des actions de l'Homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique par un échantillonnage des 92 731 individus. Nous avons utilisé des travaux réalisés dans la région de Tlemcen. Les résultats ont révélé les fréquences phénotypiques de 35,94% pour le groupe A, 15,20% pour le groupe B, 4,83% pour le groupe AB et 44,03% pour le groupe O. ces fréquences restent proches de la moyenne algérienne. Il n'y a pas d'effet sexe sur la distribution des fréquences aussi bien pour ABO que Rh. Notre méta-analyse a révélé une indépendance entre l'avortement et les groupes ABO, Rh.

Cependant notre méta-analyse a révélé certaines associations entre les groupes sanguins ABO, Rh et la morbidité.

**Mots clés** : anthropo-génétique, population, Tlemcen, groupes sanguins (ABO, Rh), avortement, mortalité, morbidité.

## Abstract

As part of the study of the anthropogenetic characterization of the population of Tlemcen by blood groups and diseases, we carried out a meta-analysis using data from the environment and health team of the laboratory for valuing the actions of the 'Man for the protection of the environment and application in public health by a sampling of 92,731 individuals. We used work done in the Tlemcen region. The results revealed the phenotypic frequencies of 35.94% for group A, 15.20% for group B, 4.83% for group AB and 44.03% for group O. these frequencies remain close to the Algerian average. There was no gender effect on the frequency distribution for either ABO or Rh. Our meta-analysis revealed independence between abortion and the ABO, Rh groups.

However, our meta-analysis revealed some associations between ABO and Rh blood groups and morbidity.

**Key word**: anthropogenetics, population, Tlemcen, blood groups (ABO, Rh), abortion, mortality, morbidity.

## الملخص

كجزء من دراسة التوصيف البشري الوراثي لسكان تلمسان حسب فصائل الدم والأمراض ، أجرينا تحليلاً تلويًا باستخدام بيانات من فريق البيئة والصحة في المختبر لتقييم إجراءات 'رجل لحماية البيئة والتطبيق في الصحة العامة من خلال أخذ عينة من 92.731 فرد. استخدمنا العمل المنجز في منطقة تلمسان. أظهرت النتائج أن الترددات المظهرية 35.94% للمجموعة A و 15.20% للمجموعة B و 4.83% للمجموعة AB و 44.03% للمجموعة O. المتوسط الجزائري. لا يوجد تأثير جنساني على التوزيع التكراري لكل من ABO أو Rh. أظهر التحليل التلوي استقلالية بين الإجهاض ومجموعات ABO و Rh.

ومع ذلك ، كشف التحليل التلوي لدينا عن بعض الارتباطات بين فصائل الدم ABO و Rh والمرض.

**الكلمات المفتاحية** : علم الوراثة البشرية ، السكان ، تلمسان ، فصائل الدم (ABO ، Rh) ، الإجهاض ، الوفيات ، المرض.