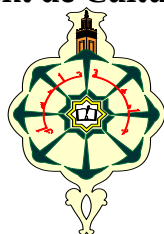


République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'enseignement supérieur et de la recherche scientifique
Université Abou Bekr Belkaïd Tlemcen
Faculté des Lettres et Sciences Humaines et Sociales
Département de Culture Populaire



Mémoire de fin d'étude en vue de l'obtention du diplôme de Magister

Option « Anthropologie Biologique »

**Caractérisation Anthropogénétique de la population de Honaïne
dans l'Ouest Algérien. Analyse comparative du polymorphisme
des groupes sanguins (ABO, Rh, MNSs, Duffy) et des
dermatoglyphes à l'échelle de la Méditerranée.**

Présenté par :

Mme OTMANI Salima

Devant le jury :

Mr Chaif Okkacha.	Professeur-université de Tlemcen	Président
Mme Aouar Metri Amaria.	Maître de conférences-université de Tlemcen	Promotrice
Mme Yadi Baya.	Chargée de cours-université de Tlemcen	Co-promotrice
Mr Saidi Mohamed	Professeur-université de Tlemcen	Examineur
Mme Dali Youcef Majda	Chargée de cours-université de Tlemcen	Examineur

Année universitaire 2008-2009

Sommaire

Problématique	1
Introduction générale	2
Première partie : Synthèse bibliographique	
Chapitre 1 : Etude anthro-socioculturelle	
1-Présentation générale de la région	4
1-1- Aspect démographique	7
1-2- Les caractérisations géographiques	8
1-2-1-Géomorphologie.....	8
1-2-2- Hydrologie.....	9
1-2-3- Le climat	10
1-3- Activités économiques.....	10
1-3-1- Agriculture et élevage.....	10
1-3-2- Pêche	11
2- Cadre historique	11
2-1- Honaïne dans l'antiquité	11
2-2- Honaïne dans le médiéval	12
2-3- Honaïne dans le contemporain	13
3- Anthropologie humaine de la région de Honaïne	14
3-1- L'homme préhistorique de la région.....	14
3-2- Les tribus ayants occupé la région durant l'antiquité.....	14
3-3- Les tribus de la région durant la période médiévale	16
3-4- Hiérarchie social et généalogie des Trara	18
Chapitre 2 : Etude anthro-physique	
1- Les marqueurs génétiques sélectionnés	20
1-1- Le polymorphisme génétique des groupes sanguins	20
1-1-1- La notion de groupe sanguin chez l'homme	20
1-1-2- Systèmes des antigènes des groupes sanguins	22
a- Système ABO.....	24
b- Système Rhésus	27
c- Système MNS	31
d- Système Duffy	32
1-2- Empreintes digitales (Dermatoglyphes).....	34
1-2-1- Généralités	34
1-2-2- Histoire et intérêt anthropologique des dermatoglyphes	35
1-2-3- Génétique.....	35
1-2-4- Les principales classes des dermatoglyphes des doigts et leurs caractéristiques	36
a- Caractéristiques de l'empreinte digitale	36
b- Classification des empreintes digitales	37
1-3- Consanguinité.....	39

1-3-1- Effet de la consanguinité sur la morbidité.....	40
1-3-2- Effet de la consanguinité sur la fécondité et la mortalité	40
Deuxième partie : Matériel et Méthodes	
1- Echantillonnage	42
2- Groupage sanguin	43
2-1- Préparation de la solution érythrocytaire.....	43
2-2- Groupage ABO	43
2-2-1- Détermination des sous-groupes A	43
2-3- Groupage Rhésus	43
2-4- Groupage MN (à froid).....	43
2-5- Groupage Ss et Groupage Duffy (à chaud)	44
3- Dermatoglyphes	44
3-1- Obtention de l’empreinte	44
3-2- Caractères qualitatifs analysés	44
4- Consanguinité	45
5- Analyses statistiques	45
5-1- Groupes sanguins	45
5-1-1- Fréquences alléliques et haplotypiques	45
5-1-2- L’hétérozygotie	45
5-1-3-Comparaisons et relations inter populationnelles.....	46
a- Comparaisons inter populationnelles des fréquences alléliques et haplotypique	46
b- Diversité Génétique.....	46
c- Distances Génétiques.....	46
5-1-4- Arbres phylogénétique	46
5-1-5- Analyse en composantes principales (ACP)	46
5-2- Dermatoglyphes	47
5-3- Consanguinité	47
6- Questionnaire Socio-anthropologique	47
Troisième partie : Résultats et interprétations	
1- Résultats du polymorphisme érythrocytaire	48
1-1- Fréquences phénotypiques et alléliques.....	48
1-2- Comparaisons inter populationnelles	50
1-2-1- Système ABO.....	50
1-2-2- Le système Rhésus	54
1-2-3- Le système MNS	57
1-2-4- Le système Duffy	60
1-3- La diversité génétique	64
1-3-1- Diversité intra-région	64
1-3-2 Diversité Totale (F_{PT})	65
a- Système ABO	66

b- Système Rhésus.....	66
c- Système MNS.....	66
d- Système Duffy	66
1-4-Affinités inter populationnelles	66
1-4-1- Analyse en composantes principales	66
1-4-2- Arbre phylogénétique	68
2- Résultats du polymorphisme des dermatoglyphes	72
2-1- Figures digitales.....	72
2-1-1- Fréquences	72
2-1-2- Comparaison bimanuelles	75
2-1-3- Comparaisons sexuelles	75
2-1-4- Comparaisons inter populationnelles	78
2-2- Analyse en composante principale.....	83
2-2 -1- Analyse comparative en composante principal sexe féminin	83
2-2-2- Analyse comparative en composante principal sexe masculin.....	85
3- Consanguinité	87
3-1- Fréquence de la consanguinité	87
3-2- Conséquence de la consanguinité sur la descendance	89
3-2-1- Effet de la consanguinité sur la mortalité	89
3-2-2- Effet de la consanguinité sur les avortements	89
3-2-3- Morbidité	90
4- Discussion.....	91
5- Résultats du questionnaire Socio-anthropologique	92
5-1- Habitat, famille.....	92
5-2- Origine de la population et de la langue parlée	93
5-3- Traditions culinaires et vestimentaires	93
5-4- Pratique de la consanguinité	94
5-5- La médecine traditionnelle	95
5-6- Les marabouts.....	95
5-7- L'artisanat	95
Discussion générale.....	97
Conclusion générale.....	99
Références bibliographiques.....	100
Annexes	114

Liste des tableaux

Tableau N° 01 : Evolution de la population de Honaïne de 1984 à 2005.....	7
Tableau N° 02 : Structure de la population communale selon l'âge.....	7
Tableau N° 03 : Répartition de la surface agricole utile.....	10
Tableau N° 04 : Répartition de la surface agricole utile.....	11
Tableau N° 05 : Les polymorphismes génétiques.....	21
Tableau N° 06 : Principaux polymorphismes érythrocytaires humains.....	23
Tableau N° 07 : Sérologie et génétique du système ABO.....	25
Tableau N° 08 : Mutations ponctuelles différenciant entre les séquences des allèles du système ABO.....	26
Tableau N° 09 : Nomenclatures de Wiener et Fisher.....	28
Tableau N° 10 : Phénotypes et génotypes MNS.....	31
Tableau N° 11 : Phénotypes, anticorps et génotypes du système Duffy.....	33
Tableau N° 12 : Répartition de l'échantillon.....	42
Tableau N° 13 : Comparaisons de la distribution des fréquences alléliques du système ABO de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient ...	51
Tableau N° 14 : Comparaison de la distribution des fréquences haplotypiques du système Rhésus de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient.....	55
Tableau N° 15 : Comparaisons de la distribution des fréquences haplotypiques du système MNS de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient.....	58
Tableau N° 16 : Comparaisons de la distribution des fréquences alléliques du système Duffy de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient....	62
Tableau N° 17 : Comparaisons de la distribution des fréquences alléliques du système Duffy de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient....	63
Tableau N° 18 : Diversité génétique intra région (Fst) pour les groupes sanguins et seuil de signification.....	64
Tableau N° 19 : Diversité génétique intra-inter région et total par allèle ou haplotype et par système des marqueurs des groupes sanguins dans le bassin Méditerranéen.....	65
Tableau N° 20 : Distances génétiques ($\times 10^{-4}$) en fonction des groupes sanguins à l'échelle de la Méditerranée.....	69
Tableau N° 21 : Distance génétiques ($\times 10^{-4}$) par ordre décroissant à l'échelle de la méditerranée.....	70
Tableau N° 22 : Fréquences relatives des figures digitales chez la population de Honaïne.....	73

Tableau N° 23: Fréquences des figures digitales par doigts et par sexe chez la population de Honaïne.....	74
Tableau N° 24: Comparaison bimanuelles (Droite-Gauche) de la fréquence des figures digitales par doigts et par main chez la population de Honaïne.....	76
Tableau N° 25 : Différences sexuelles (Hommes-Femmes) de la fréquence des figures digitales par doigts et par main chez la population de Honaïne.....	77
Tableau N° 26: Variation des fréquences des figures digitales dans la population Méditerranéenne..	79
Tableau N° 27: Comparaison inter populationnelle des fréquences globales des figures digitales chez les hommes de Honaïne.....	80
Tableau N° 28: Comparaison inter populationnelle des fréquences globales des figures digitales chez les femmes de Honaïne.....	82
Tableau N° 29 : Répartition de la consanguinité dans la population de Honaïne.....	87
Tableau N° 30 : fréquence de la consanguinité dans la population de Honaïne comparée à celle d'autres pays.....	89
Tableau N° 31 : Taux de mortalité et lien de parenté des conjoints.....	90
Tableau N° 32 : Taux d'avortement et lien de parenté des conjoints.....	91
Tableau N° 33 : Répartition du taux de morbidité en fonction du degré de consanguinité dans la population de Honaïne.....	91

Liste des figures

Figure N° 01 : Diversité géographique de la Wilaya de Tlemcen.....	5
Figure N° 02 : Situation géographique de la région de Honaïne.....	6
Figure N° 03 : Répartition des tribus dans la région des monts des Traras (ANAT, 1987).....	17
Figure N° 04 : Généalogie de la tribu de Béni Abed et Béni Khellad.....	19
Figure N° 05 : Mécanismes évolutifs générant les différents haplotypes du système Rhésus.....	29
Figure N° 06 : Une empreinte digitale « niveau 1 ».....	36
Figure N° 07 : Les différents points caractéristiques d'une empreinte.....	37
Figure N° 08 : Classification des empreintes digitales.....	38
Figure N° 09 : Fréquences phénotypiques du système ABO (%).....	48
Figure N° 10 : Fréquences halotypiques du système Rhésus (%).....	48
Figure N° 11 : Fréquences halotypiques du système MNS (%).....	49
Figure N° 12 : Fréquences phénotypiques du système Duffy (%).....	49
Figure N°13 : Représentation ACP en fonction des groupes sanguins à l'échelle de la méditerranée.....	67
Figure N°14 : Arbre phylogénétique en fonction des groupes sanguins à l'échelle de la Méditerranée	71
Figure N° 15 : Fréquences des figures digitales.....	72
Figure N° 16 : Représentation ACP en fonction des dermatoglyphes digitaux sexe Féminin l'échelle de la méditerranée.....	84
Figure N° 17 : Représentation ACP en fonction des dermatoglyphes digitaux sexe Masculin a l'échelle de la méditerranée.....	86

Problématique

Depuis de nombreuses années, les généticiens étudient les variations génétiques entre les individus et les populations dans le but de comprendre leurs différences et leurs significations en termes d'interactions entre les peuples.

Ainsi, notre étude intervient dans la perspective de compléter l'étude sur les populations de l'Ouest Algérien. De ce fait, nous nous sommes fixés les objectifs suivants :

1- La contribution à la caractérisation anthropogénétique des populations de l'Ouest algérien par l'étude d'un échantillon bien défini de la population berbère de Honaïne. Notre étude est basée sur l'utilisation de deux types de polymorphismes :

- Les polymorphismes sanguins dont l'efficacité dans l'analyse de la variabilité génétique est démontrée et la compréhension du rôle joué par les migrations dans la diversité humaine voire anthropologique.

- Le polymorphisme des dermatoglyphes digitaux.

2- La comparaison des données obtenues avec celles des autres populations algériennes, Nord africaines et méditerranéennes. Cette dernière nous permettra de déterminer les affinités génétiques ainsi que la position anthropogénétique de notre population dans ce même contexte.

3- La caractérisation génétique de la population étudiée par :

- Le degré de consanguinité et quelques paramètres sanitaires (avortement, mortalité et morbidité).

L'analyse des polymorphismes génétiques de cette population de l'Ouest algérien est donc nécessaire pour bien connaître son origine afin de relier les variations génétiques à l'histoire (invasions, migration ...) et pour déterminer la relation entre la consanguinité et la morbidité (Diabète, HTA...).

La population que nous avons choisie fournit un matériel de choix pour cette étude.

Introduction générale

L'anthropologie physique étudie la diversité des populations humaines actuelles et anciennes. Elle aborde la variabilité contemporaine de la population étudiée et la reconstitution de leur histoire évolutive.

L'étude de l'évolution humaine ne peut se limiter à la paléontologie, elle doit aussi intégrer les apports des autres disciplines comme la génétique des populations et la biologie moléculaire (**CHIARONI, 2003**).

Pour la génétique des populations, ce ne sont pas les individus qui sont l'objet de l'étude mais la collection de gènes qu'ils possèdent et les relations qui existent au sein de cet ensemble (**HARICHE, 2002**).

Les principaux facteurs pouvant influencer l'évolution des populations peuvent être regroupés en deux catégories :

- l'une à prédominance biologique et/ou génétique : elle comprend la mutation, la dérive génétique et la sélection naturelle,
- l'autre est à prédominance culturelle : on y trouve les effets de la consanguinité, de l'assortiment matrimonial, de la fécondité différentielle des couples et des migrations humaines (**AFKIR, 2004**).

L'ensemble de ces phénomènes conduit à une variation des fréquences des gènes entre les différentes populations (**TERZIAN et BIEMONT, 1988**).

Ainsi, l'évolution d'une population est le résultat des interactions constantes entre son patrimoine biologique, ses structures sociales, sa culture et le comportement de ses membres.

L'approche génétique d'une population peut être définie et mesurée au niveau phénotypique, génotypique et allélique. Elle peut être étudiée aussi par le biais de maladies autosomiques et hétérosomiques rattachées ou non à la consanguinité (**SOLIGNAC et al., 1995**).

Selon SALMON en 1995, nous disposons de plus de 50 systèmes d'étiquettes pour définir avec une précision redoutable un individu et démontrer que le plus banal d'entre nous est un être unique.

Comme il est possible de définir un individu, il sera possible de définir le profil génétique d'une population et en déduire son histoire en termes de migration, d'invasion ou de consanguinité (génétique des populations).

Le degré de consanguinité et les paramètres de morbidité permettent de décrire la constitution génétique d'une population et sont essentiels pour quantifier l'impact de la dérive génétique dans les petites populations.

Nous constatons une multitude de marqueurs qui s'offrent à nous permettant d'accéder à l'analyse de la variabilité génétique individuelle et populationnelle.

Dans le monde, un nombre important d'études de la variabilité génétique pour les polymorphismes sanguins a été publié [(MOURANT et al., 1976) ; (ROYCHOUDHRY et NEI, 1988) ; (CAVALLI-SFORZA et al., 1994)].

La population algérienne a fait l'objet de quelques analyses hématologiques [(SOLAL et al., 1952) ; (BENABADJI et CHEMLA, 1971) ; (AIRECHE et BENABADJI, 1982 et 1994) ; (AOUAR et BERRAHOU, 2002)].

C'est dans ce contexte que nous avons entrepris une étude anthropogénétique sur la population échantillonnée dans la commune de Honaïne située au Nord Ouest du chef lieu de la wilaya de Tlemcen.

Dans ce travail, nous avons tenté de marquer la population de Honaïne par :

- Le polymorphisme sanguin.
- Le polymorphisme des dermatoglyphes digitaux.
- La consanguinité et quelques paramètres de morbidité : cette population de l'Ouest algérien a l'avantage d'être confronté à des pratiques de consanguinités depuis de nombreuses générations et l'impact de telles pratiques n'est pas toujours bien compris d'un point de vue pratique même s'il l'est d'un point de vue théorique (BIEMONT, Comm. Per.).

Pour répondre à cette problématique nous avons, dans un premier temps, analysé les données historiques et culturelles afin de définir les populations impliquées dans les événements historiques qui ont abouti à la population actuelle de Honaïne.

Dans un deuxième temps, nous avons sélectionné, parmi l'ensemble des systèmes génétiques disponibles, les marqueurs qui nous paraissaient utiles et dont l'exploration était accessible dans notre laboratoire.

Nous présenterons pour chacun d'eux, un bref aperçu sur la génétique formelle, la génétique moléculaire, les variantes ainsi que les distributions populationnelles de chaque système étudié. Nous aborderons ensuite dans le chapitre matériel et méthodes la présentation générale de la région étudiée, les modalités d'obtention et les caractéristiques de notre échantillon ainsi que les méthodes d'analyses des données pour les analyses comparatives.

Le chapitre « Résultats et interprétation » présentera les résultats obtenus par des analyses statistiques (l'analyse en composante principale (ACP) et le test d'indépendance χ^2) qui seront discutés dans la partie discussion.

Enfin, nous concluons par des « perspectives » à notre étude.

Synthèse Bibliographique

1- Présentation générale de la région

La daïra de Honaïne occupe la partie Nord-Est des Trara orientaux, limitrophe à la daïra de Béni Saf dans la wilaya d'Ain-Temouchent, limitée au Nord par la mer, à l'ouest par les daïras de Nedroma et de Ghazaouet et au sud par la daïra de Remchi dont elle faisait partie avant le découpage administratif de 1991 (**Figures N° 01 et 02**). Distante de 60 Km seulement du chef lieu de la wilaya de Tlemcen, la daïra de Honaïne est composée de deux communes qui comptent 13500 habitants pour une superficie de 137 Km², avec des activités s'articulant autour de l'agriculture, un secteur halieutique naissant et une immigration importante (principalement vers la France). Ces deux communes font partie des communes montagneuses de la wilaya et sont toutes les deux côtières.

La commune de Honaïne occupe la moitié occidentale de la daïra et s'étend sur une superficie totale de 6385 hectares (Ha). Les terres agricoles occupent 44% soit 2611 Ha localisés essentiellement sur le plateau Nord-Est de Ouled Yousef. Les forêts occupent 54% de la superficie totale avec 3448 Ha (l'espèce dominante est le pin d'Alep), la surface bâtie représente seulement 5% soit 3000 Ha (**PDAU, 2005**).

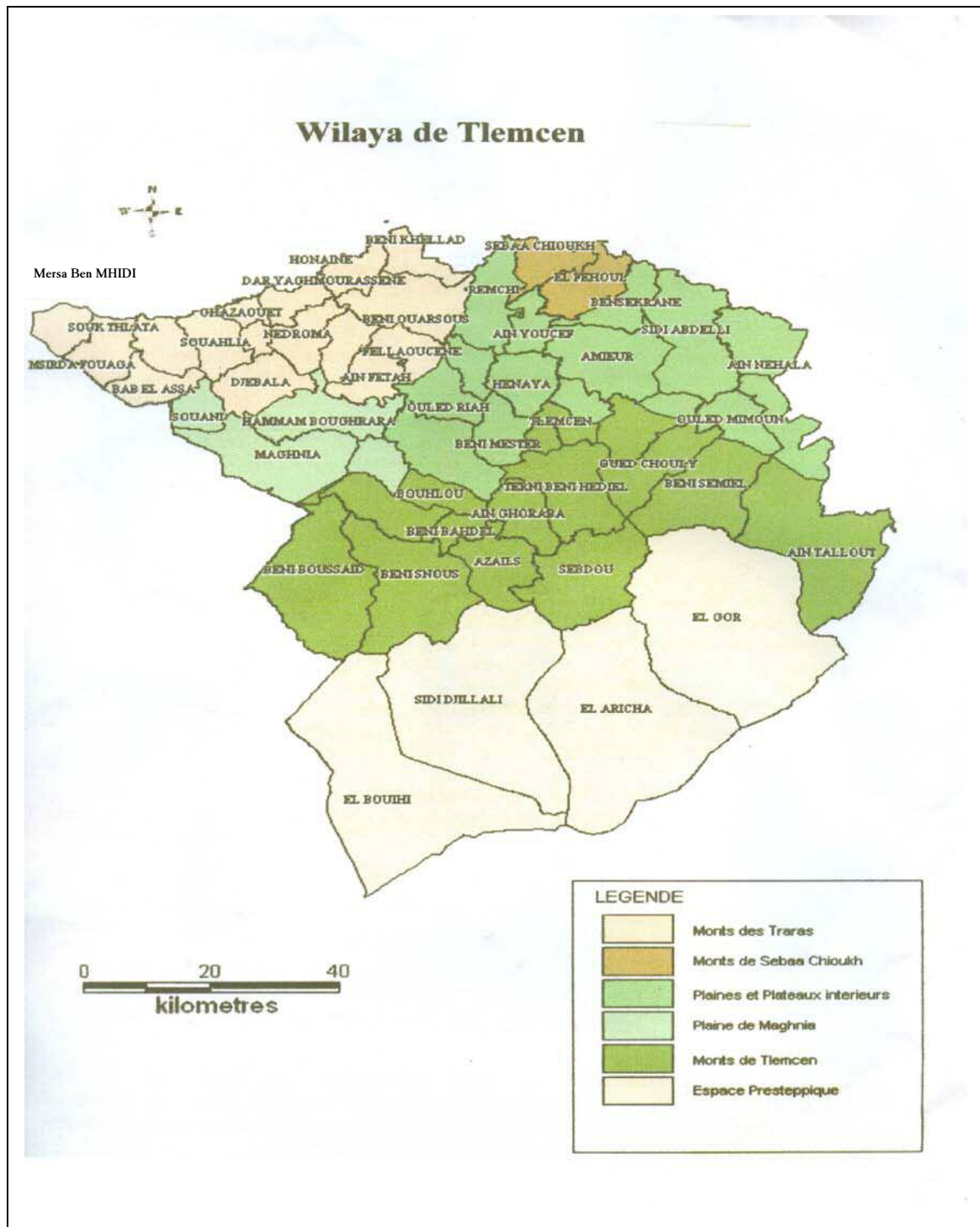


Figure N° 01 : Diversité géographique de la Wilaya de Tlemcen (A.N.A.T., 1997)

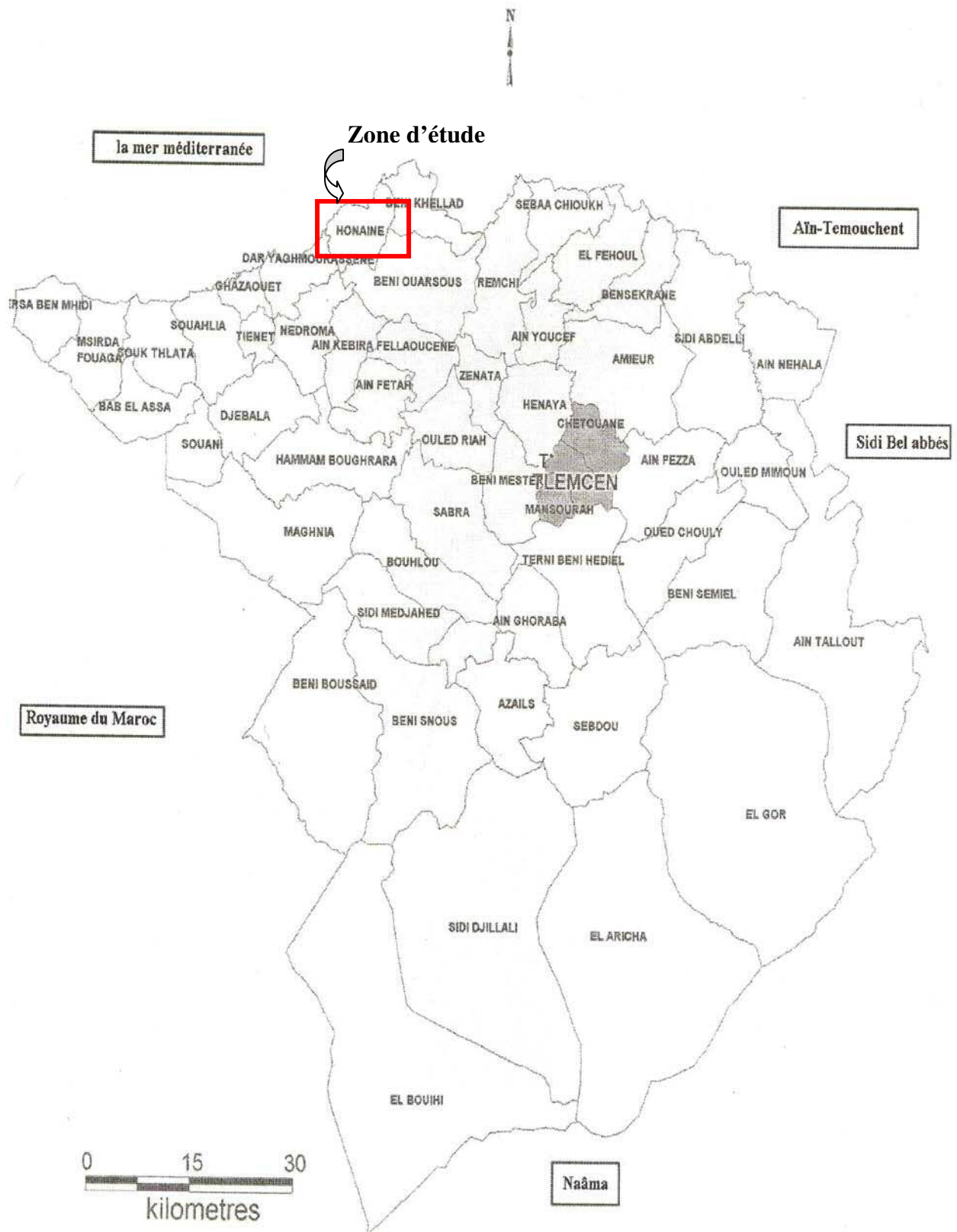


Figure N° 02 : Situation géographique de la région de Honaïne (A.N.A.T., 1997)

1-1- Aspect démographique

L'évolution de la population communale est présentée dans le tableau suivant :

Tableau N°01 : Evolution de la population de Honaïne de 1984 à 2005 (PDAU, 2005)

Année	Population au 31/12	Taux d'accroissement
1984	5001	
1985	5071	1,01%
1987	5317	1,43%
2004	5971	0,07%
2005	6055	1,40%

Dans cette commune, les urbains présentent environ 82,5% de la population totale. D'où le taux de la population rurale n'est que de 27,5% (PDAU, 2005). Au 31 Décembre 2004, le nombre d'habitants de la commune de Honaïne est de 5971 soit une densité de 104,75 Habitants/Km².

Tableau N°02 : Structure de la population communale selon l'âge

Age	Sexe masculin	Sexe féminin	Total	Taux
0-4 ans	592	525	1117	18,70%
5-9 ans	383	455	838	14,03%
10-14 ans	434	394	828	13,87%
15-19 ans	341	325	666	11,15%
20-24 ans	291	294	585	9,80%
25-29 ans	176	196	372	6,23%
30-34 ans	80	128	208	3,38%
35-39 ans	81	143	224	3,75%
40-44 ans	75	125	200	3,34%
45-49 ans	80	120	200	3,34%
50-54 ans	77	108	185	3,09%
55-59 ans	52	75	127	2,12%
60-64 ans	56	69	125	2,09%
65 ans et plus	158	141	299	5,01%
Totaux	2873	3098	5971	100%

Nous pouvons noter une prédominance de la population jeune. En effet, environ 58% de la population ont moins de 20 ans, la fréquence de la population âgée entre 20 et 60 ans s'élève à 35,05%.

De plus, la population infantile est très importante, cela est lié d'une part, à l'augmentation du nombre de naissances et d'autre part, à la diminution du taux de mortalité infantile en raison des actions multiformes engagées depuis plusieurs décennies à savoir : i) le suivi médical de la mère et de l'enfant, ii) l'élévation du niveau d'éducation général et sanitaire de la population, iii) l'amélioration des conditions de vie et la médecine gratuite.

La pyramide des âges fait apparaître l'extrême jeunesse de la population communale et illustre la part de l'immigration (réduction du volume des tranches d'âges 30-65 ans et augmentation du nombre de personnes âgées de plus de 65 ans revenues au pays).

Cette étude devrait comporter les données sur la mortalité à partir des statistiques officielles (registres communaux ou ceux des centres hospitaliers). Mais en raison de l'absence de données concernant l'adresse (afin de cibler la population), la cause du décès, l'ambiguïté des transcriptions des morts nés, seul le taux de mortalité globale a été estimé.

1-2- Les caractérisations géographiques

1-2-1-Géomorphologie

La région de Honaïne, présente une morphologie singulière, délimitée par la mer méditerranée sur 12 Kilomètres, fortement accidentée avec des paysages calcaires. Les pentes sont variables, au Nord elles sont plus douces. Au sud les massifs sont plus abruptes et les pentes Nord-Sud varient entre 35 et 40% et constituent un ensemble montagneux fortement raviné et de parcours très difficiles. Au Nord, elles vont de 10 à 15% vers des pentes plus douces.

Les habitants définissent leurs côtes, comme « une façade sans fenêtres et avec une seule porte : Honaïne »

La morphologie de la région s'est formée à la faveur d'une succession de mouvements tangentiels et de soulèvement de l'orogénèse atlasique et /ou alpine. Néanmoins, subsiste le substratum primaire bien individualisé par le granite de Nedroma et son auréole métamorphique.

Ces mouvements tectoniques profonds ont créé un important métamorphisme régional. C'est cette tectogénèse atlasique qui est à l'origine des reliefs actuels, de la

nature des faciès des formations et d'éventuels mouvements néotectoniques actuels (PDAU, 2005).

I-2-2- Hydrologie

La commune de Honaïne compte un nombre relativement important d'oueds. Nous pouvons principalement citer d'Ouest en Est :

- Oued Seftar qui matérialise la limite ouest de la commune.
- Oued Labkirienne qui se jette dans l'oued Kiouma
- Oued Kiouma
- Les Oueds Defla et Mekkassi affluent de l'oued Amelak
- Oued Amlak
- Oued Menzel qui se jette à la mer au niveau de la plage de Honaïne
- Oued amzirine affluent de l'oued Honaïne
- Oued Honaïne
- Oued Rif
- Oued Saf Saf
- Oued el beir
- Oued el Guelta

La ligne de partage des eaux se situe dans la partie sud de la commune d'Honaïne. Dans la partie sud de la zone, les oueds se déversent dans l'oued Boukiou lui-même affluent de la Tafna. En zone nord les oueds rejoignent directement la mer.

Le régime des oueds est très irrégulier. En été ils sont secs ou prennent la forme de petits ruisseaux serpentant dans un large lit, créé par les crues hivernales précédentes.

En hiver, les crues sont brutales et charrient une quantité importante de matériaux du fait de l'érosion et des pentes des terrains.

a- Les zones côtières

Les plages sont étroites, et sont le siège d'un dépôt grossier (galets) avec très peu de sable, voir sans sables, au niveau de la commune. On dénombre d'Est en Ouest les plages suivantes :

- Agla (mitoyenne avec la commune de Béni Khellad)
- Tafsout (Tafezoute en berbère qui signifie : cailloux et sable)
- Honaïne (affectée au port et aux activités alliées)
- Ouled Salah : pas d'accès véhicule.

1-2-3- Le climat

La zone présente un climat méditerranéen avec une pluviométrie moyenne de l'ordre de 350 à 400 mm /an et de 500mm/an les meilleures années.

La période la plus arrosée s'étale de Novembre à Avril avec 80% des précipitations totales et 48 jours de pluies. La zone connaît en moyenne 20 jours de brouillard par an.

En hiver, la température moyenne oscille autour de 10°C avec un minimum de 6°C. On note l'absence de gelée, et une humidité importante de l'air due à l'influence maritime.

En revanche en été, la température oscille autour de 26°C .avec des températures variant de 20 à 30°C. Elle peut exceptionnellement atteindre un maximum de 40°C.

Les vents dominants sont ceux provenant des secteurs Est-Nord-Est et Ouest-Sud-Ouest (PDAU, 2005).

1-3- Activités économiques

1-3-1- Agriculture et élevage

Le poids de l'activité agricole et le type des cultures sont conditionnés par le climat, hydrologie et pédologie. Ces divers facteurs font que la région est marquée par une surface agricole utile (S.A.U) de 2644 Ha et une superficie de forêts de 29,79 Ha.

Tableau N°03: Répartition de la surface agricole utile (Cultures pérennes)
(Monographie de la wilaya de Tlemcen, 2007)

Commune	Viticulture		Agrumes		Oliviers			Arb. Fruitières diverses		Figuiers		
	Sup. (Ha)	Prod. (Qx)	Sup. (Ha)	Prod. (Qx)	Sup. (Ha)	Nbre Pieds isolés	Prod. (Qx)	Sup. (Ha)	Prod. (Qx) Compl.	Sup. (Ha)	Nbre Pieds isolés	Prod. (Qx)
Honaine	10	270	2	45	31	0	600	434	8950	32	2300	700

Tableau N°04: Répartition de la surface agricole utile (Cultures Herbacées)
(Monographie de la wilaya de Tlemcen, 2007)

Commune	Céréales		Fourrages		Légumes secs		Cultures maraichères	
	Sup.(Ha) ensemencée	Prod. (Qx)	Sup. (Ha)	Prod. (Qx)	Sup. (Ha)	Prod. (Qx)	Sup. (Ha)	Prod. (Qx)
Honaïne	610	6890	70	1400	363	2050	209	15010

Compte tenu de l'étendu des parcours et du développement des cultures fourragères, l'élevage est l'un des principaux segments de production.

1-3-2- Pêche

La région de Honaïne est caractérisée par une façade maritime qui s'étend sur 12 Km sur laquelle est édifié un abri de pêche avec une capacité théorique de 55 embarcations de petit tonnage. La pêche constitue avec l'agriculture et le tourisme les principaux secteurs d'activité économique de la région.

2- Cadre historique

Grâce à son passé historique et culturel, le site de Honaïne s'inscrit bien dans l'héritage du patrimoine architectural riche et diversifié de la wilaya de Tlemcen.

Les spécificités naturelles de la zone de Honaïne qui se caractérise par un climat favorable, une végétation variée, des positions défendables contre les envahisseurs (cote maritime fermée, collines dominant le site), la présence de sources d'eau douce et d'oued, l'existence de minerais pour la construction et la fabrication d'ustensiles et d'armes (marbre, calcaire durs, fer,...) la pêche et la chasse abondantes, expliquent la présence des hommes sans discontinuité dans cette région depuis les premiers temps de l'humanité .

2-1- Honaïne dans l'antiquité

La ville de Honaïne a été fondée en tant que comptoir commercial dont les jalons ont été posés par les commerçants phéniciens aux environs du XII^{ème} siècle avant Jésus Christ (J.C.) (LETHIELLEUX, 1974) à l'instar des comptoirs du rivage méridional méditerranéen. Elle était connue sous le nom GYPSARIA PORTUS (Mc CARTHY, 1956), le mot désignant le lieu du gypse dont regorgent les cimes élevées lequel varie du calcaire transformé en marbre sous diverses formes naturelles.

Sous l'ère de l'occupation romaine, la ville paraît plus moderne afin d'aller de pair avec les exigences des fonctions qui lui ont été dévolues, étant donné qu'il a été procédé à la rénovation du port et à son extension à la terre ou un bassin de dimension (85 m/ 50 m) a été creusé, en étant relié par un canal au port (**KHALLIFA, 1988**). Il a été procédé également à une édification d'une garnison fortifiée sur l'extrémité occidentale du port. Ses architectes l'ont dénommée ARTISIGA PORTUS (**Mc CARTHY, 1956**), le mot désigne la route menant à Siga, la cité du roi éternel Syphax.

2-2- Honaïne dans le médiéval

Avec l'ère des conquêtes arabo-musulmanes en Afrique du nord à la fin du VII^{ème} siècle, les événements changent suivant les successeurs au pouvoir du Maghreb. Sous l'ère du khalife Fatimide (El Qa'im Abou l'Qacim, fils de Obeid Allah El Mehdi) qui s'est permis de verser le sang des tribus maghrébines qui ont refusées sa succession, Honaïne a été détruite après qu'il n'a été possible à son chef (Meysour El-Fata) de la conquérir que difficilement en 935 pour être reconstruite de nouveau, dans un style d'architecture Islamo-Berbère sous l'impulsion du chef de la tribu de Meknas (Hamid Ibn Issel) (**LETHIELLEUX, 1974**), peu d'années après sa destruction. Depuis, la ville a connu une période d'accalmie et de paix. Suite à l'accession d'Abdelmounene Ibn Ali*, au trône des Almohades en 1130 (**BENGERBA, 1991**), la ville connaît un nouveau dynamisme et joue un rôle important dans la région. Honaïne, patrie des Beni-Abed (de Koumia branche des Beni Faten de la grande Zenata) (**IBN-KHALKANE, 1948**) a vu la naissance de son enfant prodige dans un village situé au pied du mont Tadjra aux environs de 1096 avant J.C (**EI-TAMAR, 1984**), il dynamisa l'activité dans la cité de ses ancêtres. Durant les conquêtes de Tlemcen, d'Oran et des alentours, il fit de Honaïne une base arrière (**BENGERBA, 1991**). Il bâtit sa forteresse qui reste dressée à ce jour comme témoin de cette glorieuse époque. Il a également rénové le port de Honaïne pour en faire une porte ouverte au monde, cette ville est devenue ainsi un site stratégique qui entretenait des échanges économiques avec les grands centres commerciaux de l'occident musulman. Son port accueillait des navires marchands de Gene, Pise, Marseille, Valence...Il

* Natif de la région (Djebel Tadjra)** ; Il a commencé ses études à Tlemcen et l'a poursuivie à Béjaia. Son audace et son goût pour l'aventure l'ont également aidé à trouver la voie de sa destinée. Il contribua en 1121 (Ibn Abi Zar, 1936) à la fondation de la dynastie Almohade avec son maître Mohammed El Mehdi Ibn-Toumert qui était originaire de Sous. Il est décède en 1163. (Annan, 1964).

**Mont culminant (une des montagnes des monts des Trara 845m) se dressant brusquement au dessus de la cité portuaire et masquant directement le littoral de l'arrière pays (Sari, 1991)

était également la destination des caravanes venues de l'Afrique subsaharienne pour vendre l'ivoire et le plumage d'autruche et acheter les marchandises des cités [(BOUAZIZ, 1980) ; (DHINA, 1985)]. En 1160, Abdelmoumene Ibn Ali avait réussi à équiper 460 navires, dont une centaine appartenait à Honaïne, pour repousser le danger des croisés ibériques (CANAL, 1886). Sous la dynastie Zianide, Honaïne devient le port principal du Maghreb central dont Tlemcen fut la capitale. Elle était à l'origine de la richesse des rois Béni Abed El Oued. Elle était la première cible de tout conquérant de Tlemcen.

Ce fut le cas, par exemple, des mérinides qui occupèrent la cité à des périodes discontinues allant de 1281 à 1359 (EI-TAMAR, 1984). Le sultan Mérinide Abou Yacoub Youcef y a fondé la vieille mosquée, entre 1299 et 1309, durant le plus long siège qu'a connu Tlemcen. Ce monument était situé sur les lieux de l'actuelle mosquée de la ville.

2-3- Honaïne dans le contemporain

Honaïne servit pendant la reconquista espagnole de refuge aux andalous musulmans fuyant l'Espagne. Grâce à son port, ses embarcations et les abris côtiers de sa région les pirates prêtaient assistance aux persécutés et aux naufragés et contre-attaquaient les espagnols.

Au début du XVI^{ème} siècle, Honaïne était fort accueillante aux marchands d'Europe. D'après Léon l'Africain, dans le texte en italien qu'il a conservé, la déclare : « assai gentile e adonne di civilita ». Il a encore vu les citadins s'activant au tissage de la toile de chanvre et de coton. Il y a visité des demeures plaisantes aux chambres décorées de faïence et dont une treille ombrage la cour (MARÇAIS, 1953).

C'était les derniers beaux jours d'une vie paisible. Honaïne suivait la destinée qui entraînait toutes les cités maritimes de l'Algérie Turque vers les profits rémunérateurs et méritoires de la piraterie

En décembre 1534, les espagnols quittèrent la ville après l'avoir totalement détruite. Les raisons de ce départ sont :

- ✓ La résistance rencontrée par les autochtones,
- ✓ L'arrêt du versement des salaires des soldats durant 18 mois,
- ✓ L'arrivée des ottomans sur la cote ouest de l'Algérie (CANAL, 1886).

La ville de Honaïne est restée depuis dévastée jusqu'à l'arrivée des Français qui l'on investie en 1837 pour dominer et administrer ces autochtones vivant en montagne, qui ont prêté aide et assistance à l'Emir Abdelkader.

Honaïne, cette ville ancienne, a été repeuplé peu à peu dès le milieu de l'année 1956 pour servir de camp de concentration collectif (YOUBI, Doc. pers.). Les habitants des petits villages y étaient déplacés dans le cadre de la politique coloniale qui avait pour objectif de séparer la révolution de l'appui populaire. Des maisons d'arrêt, et des centres de torture ont été édifiées. Les autochtones ont été encouragés à construire à l'intérieur de l'ancienne médina ce qui a entraîné la disparition de beaucoup de vestiges.

3- Anthropologie humaine de la région de Honaïne

3-1- L'Homme préhistorique de la région

L'Homme préhistorique est attesté très tôt dans la région de Tlemcen.

La station préhistorique du Lac Karar (prés de Remchi) a livré des restes humains associés à des os d'animaux disparus aujourd'hui de l'Afrique du Nord et ne se trouvant qu'en Afrique équatoriale. Le type humain est celui de l'Atlantrophe découvert à Tighénif (l'Homme de Ternifine) près de Mascara. Cet homme de l'Atlas vivait il y'a près de trente mille ans avant JC.

Les restes archéologiques découverts dans les abris sous roches de la Monillah au nord de Maghnia, sont de date plus récente. Ils attestent de la présence humaine durant l'Epipaléolithique. Ils appartiennent à la culture ibéromaurusienne (18000 9000 ans avant JC). Cet homme appelé l'homme d'Afalou ou de Mechta El Arbi est de type Cro Magnon. Au Néolithique la région de Tlemcen a également fourni des outils et armatures de la période Néolithique (8000-5000 ans environ) ainsi que de la protohistoire.

Les hommes porteurs de cette culture sont les Protoméditerranéens. Il s'agit du Méditerranéen le plus proche de notre race. Les types humains seraient-ils les ancêtres des berbères actuels de l'Afrique du Nord ? (CHENOUI, Doc. Pers.).

3-2- Les tribus ayant occupé la région durant l'antiquité

En 1844, STRABON, donne le nom générique des Mauraisiens aux peuples de l'Occident de l'Afrique du Nord depuis le fleuve de Molochath (Melonia) jusqu'à l'Océan. Il dit que les Grecs les appellent ainsi, mais que les Romains et les habitants du pays les appellent Maures. Les habitants de la rive droite de Molochath sont appelés Massaisyliens par STRABON, qui ajoute que leur pays s'étend jusqu'à six mille stades de Siga. Cette dénomination conviendrait à tous les anciens peuples de la Province d'Oran (l'Oranie aujourd'hui), de celles d'Alger et du Titteri (Sud Algérois), et d'une partie de celle de Constantine.

Toujours selon STRABON, les Romains les appellent les Numides (nom qui signifie la même chose que nomades). L'origine de cette appellation fut confirmée par PLINE et SOLIN en 1844. De plus, PLINE précise que les Massaisyliens de même que les Maures, considérablement affaiblis par les guerres qu'ils avaient eues à soutenir, étaient réduits à un petit nombre de familles. Cela explique pourquoi PTOLEMEE, contrairement à STRABON, a fait des Massaisyliens un petit peuple qu'il place au sud des monts Chacorychia.

C'était sur les Massaisyliens ou Masaesyliens que régnait le roi Syphax (GSELL, 1844).

Plotémée nomme d'abord les Herpiditanes, qu'il place au pied des Monts chalcorychia. Ainsi, ces peuples auraient occupé le pays compris entre les frontières de la Régence d'Alger (de sous les Turcs) et la Melonia (Moulonia), à l'ouest de Nedroma et d'Oujda. C'est aussi la position que donne Shaw et la carte de Mescator. Selon Grimaud qui cite Pline, les Massaissyles seraient les anciens Macurabi qu'on nomme Maghraouas. Ces peuples étaient groupés par tribus et s'adonnaient à l'agriculture et à l'élevage, tribus qu'aux III^{ème} et II^{ème} siècles avant JC étaient impliquées dans les guerres entre Rome et Carthage sous Syphax et son fils Vermina (GRIMAUD, 1929).

Par ailleurs, l'Ouest est le pays de tribus Sanhadja des Amazighes (Berbères). Il correspond à l'ancien territoire des Massaissyles.

Au cours du X^{ème} siècle, les Maghraouas et les beni Ifren (Zénètes dits de première race) s'installent dans la région et en deviennent les maîtres.

En cette même période, les Arabes venant de l'Arabie et de la Haute Egypte se mêlent aux autochtones qu'ils arabisent peu à peu. Les Arabes préfèrent les plaines, Les Beni Ouacine (Zénètes de la 2^{ème} race) ou Abdelouadides* descendant la vallée de la Moulonia subissent la souveraineté des Almohades dont le chef des armées Abd Al mumin Ibn Ali est originaire des tribus Trara, pays comprenant les monts de Nedroma et de Honaïne, les aident dans leur lutte contre les Beni Merin (ou Mérinides) de Fes. Ces derniers sont aussi une branche des Zénètes (CHENOUI, Doc. Pers.).

* Abdelouadides, appelés aussi, Beni Abdelouad se sont également les Zianides, dynastie de la grande tribu Zénète qui a régné à Tlemcen et sur le Maghreb central de 1237 à 1554.

3-3- Les tribus de la région durant la période médiévale

Mac Carty note que le terme Trara est apparu pour la première fois en 1548. En effet, les différentes sources et écrits qui ont porté sur les Trara montrent que le mot Trara a été cité pour la première fois dans le pacte d'alliance passé vers 1548 entre les différentes tribus berbères, afin de lutter contre les espagnols qui venaient de s'installer à Tlemcen (**BASSET, 1901**).

Les Trara furent d'abord une confédération de neuf tribus dont la ville de Nedroma constituait le centre de gravité. Ces tribus sont : Béni Mengouch, Msirda Thata et Fouaga, Souahlia, Béni Mishel, Béni Ménir, Béni Khellad, Béni Abed, Béni Ouarsous et Djebala (**Figure N°03**).

Les Trara sont nés d'une confédération des Koumia. Ces derniers ont habité pendant de longue date la région entre Tlemcen et Arrechgoul (Rechgoun). Cette tribu des Koumia fut appelée Satforah.

Ibn Khaldoun disait de son côté, d'après les généalogistes berbères que les Koumia étaient les enfants de Fatan. Ce dernier n'était autre que Tamzit, fils de Zahik, fils de Madghis-El Abter (**BASSET, 1901**).

A l'instar des autres espaces montagnards de l'Afrique du Nord, cette identité régionale est marquée d'abord par le milieu physique ensuite par le milieu humain d'origine berbère (**FARHI, 1992**).

Selon TINTHOIN en 1960, cette région est sans conteste une aire géographique habitée par une population berbère sédentaire, arabisée peu à peu depuis le XII^{ème} siècle.

Selon ce même auteur, les origines berbères de la population des Trara ne font pas de doute : « Là survivent peuplement et toponymies berbères ».

Telles sont à notre connaissance, les tribus qui composent la confédération des Trara vivant dans la partie occidentale de l'Oranie portant le même nom (**FARHI, 1992**).

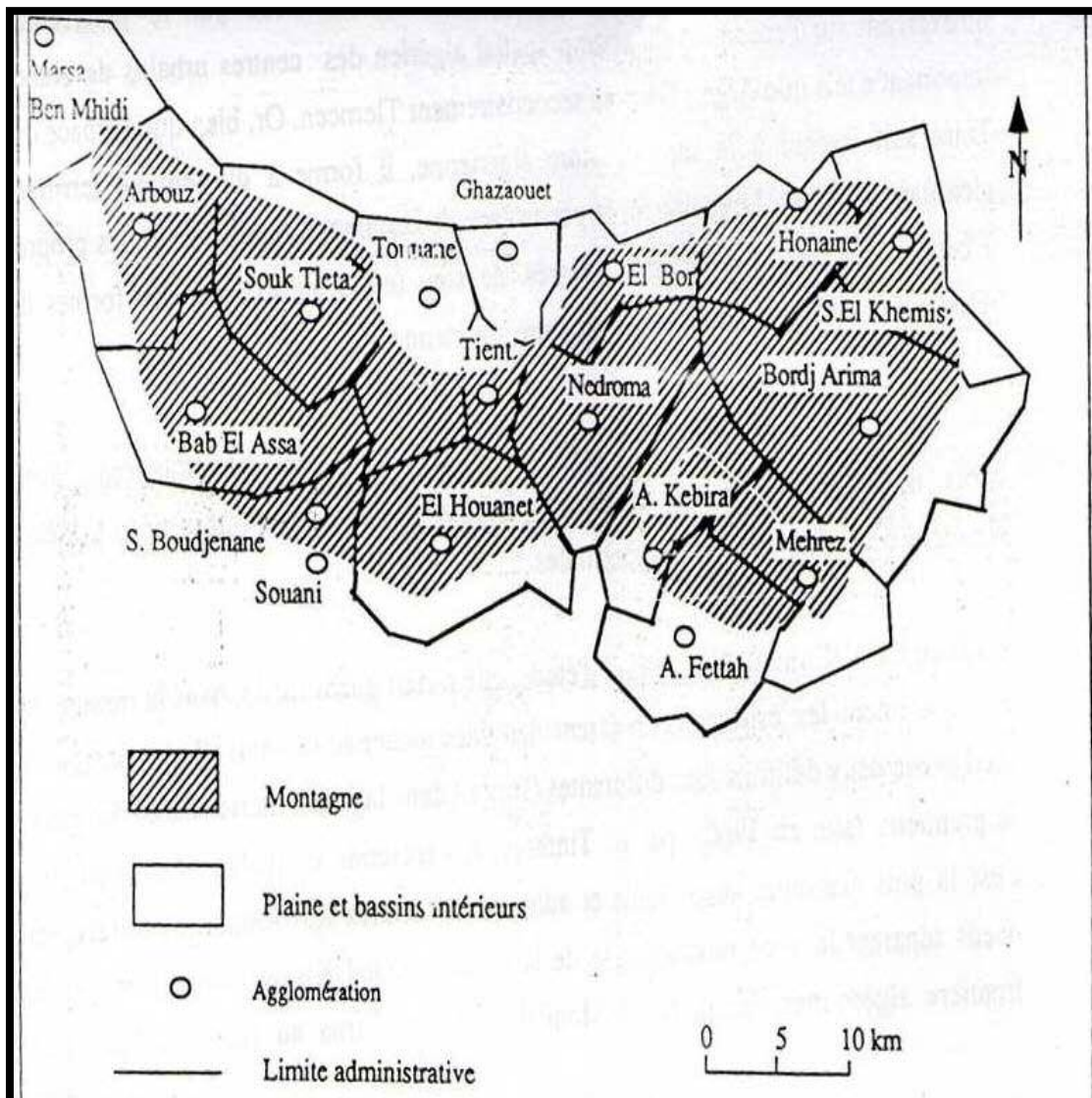


Figure N°03 : Répartition des tribus dans la région des monts des Trara (A.N.A.T., 1987)

3-4- Hiérarchie social et généalogie des Trara

Jusqu'au début de la colonisation, la tribu chez les Trara était l'institution suprême, dotée de ses propres structures permettant l'identification de chaque tribu **(BERQUE, 1974)**.

En effet, l'Homme de l'Algérie précoloniale s'identifiait selon une organisation sociale très hiérarchisée : Arch.- Farqa- Ayla. A ce propos, ADDI en 1985, écrit : «dans celle-ci (Algérie coloniale), la société globale identifiait l'individu par son appartenance à telle tribu et dans la tribu, il appartenait soit à telle Farqa, soit à telle Ayla ».

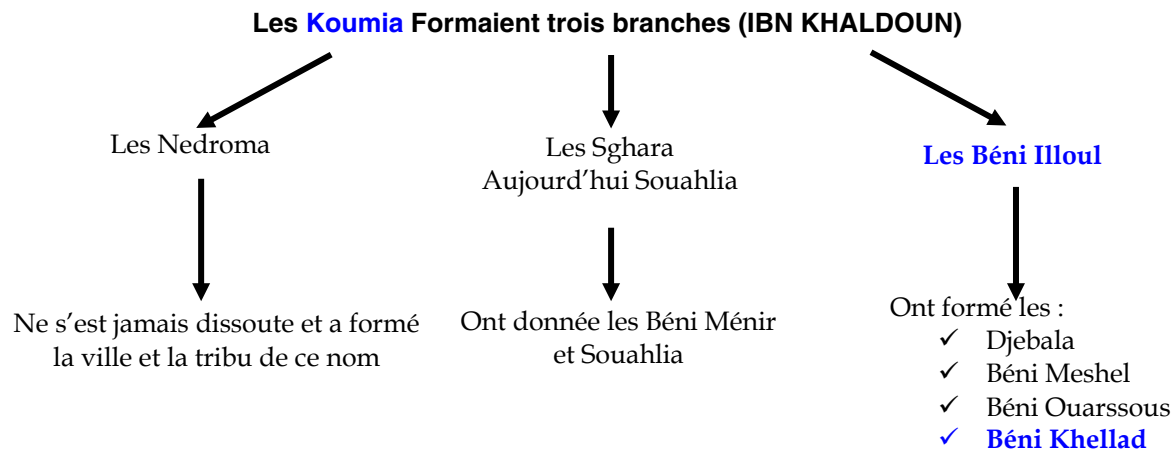
La tribu qui représente l'instance la plus élevée et donc le premier niveau de la hiérarchie sociopolitique. « La famille » représente le troisième niveau de cette organisation après la fraction **[(BOURDIEU, 1958) ; (ADDI, 1985)]**.

La tribu se distinguait toutefois des autres par son territoire, ces ancêtres éponymes et/ou un marabout particulier, « elle correspond a un ensemble de groupes familiaux ou qui absorbent l'individu, en le soumettant aux impératifs éthno-religieux, en le dissolvant dans une structure hiérarchique informelle. En contrepartie, elle lui assure la sécurité par la solidarité et l'identification sociale au niveau supérieur, situé au dessus de la famille élargie **(ADDI, 1985)**.

Outre le nom que porte chaque tribu, dans le pays des Trara « chaque unité sociale a son nom propre tenu pour le nom de l'ancêtre» **(BOURDIEU, 1958)**.

La tribu est « administrée » par des chefs de familles qui constituaient la « Djemaâ » (groupe). Celle-ci (la djemaâ) est considérée comme la plus haute instance de la tribu. C'est auprès d'elle que les recours et requêtes sont déposés. Les décisions émanant de la djemaa veillent sur le maintien de la paix au sein de la tribu. C'est au sein de la djemaâ que se règlent les problèmes familiaux (dispute, partage, ...) **(FARHI, 1992)**.

La figure N°04 présente l'arbre ou l'organisation tribale de la population de Honâine.



Le territoire primitivement désigné sous le nom de Béni-Khellad a été à nouveau divisé en deux tribus distinctes ayant chacune leur caïd par arrêté gouvernemental du 02 Mars 1885.

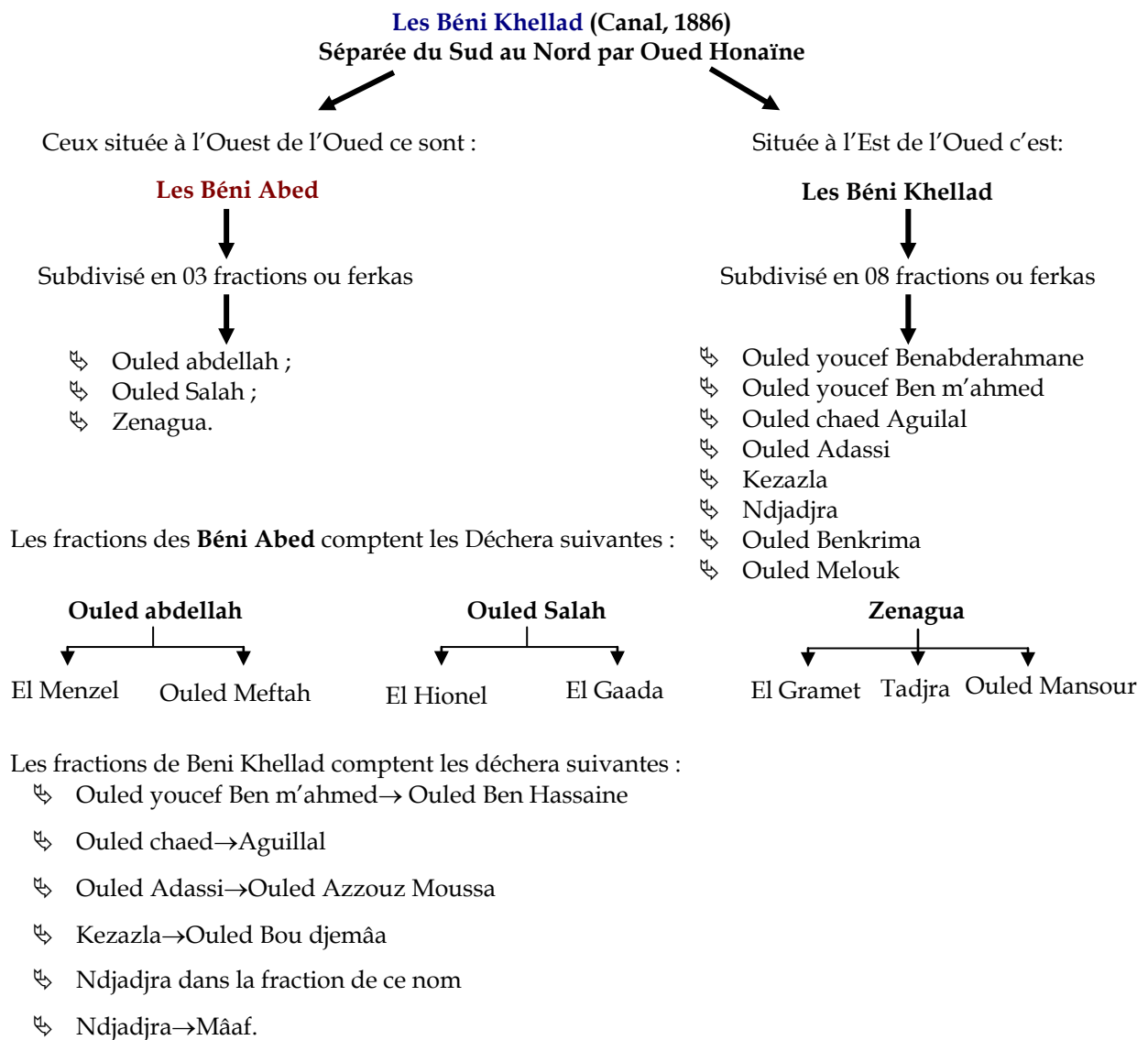


Figure N°04: Généalogie de la tribu de Béni Abed et Béni Khellad

1- Les marqueurs génétiques sélectionnés

Tous les individus qui composent l'espèce humaine sont génétiquement très proches les uns des autres, mais la présence d'un grand polymorphisme dans l'information génétique crée une biodiversité qui rend chaque être humain unique. Ce polymorphisme est la base des moyens d'identification par les groupes sanguins, les empreintes génétiques qui sont constituées par plusieurs marqueurs génétiques. Selon MANSUET-LUPO et al. en 2007, un marqueur génétique est défini par les critères suivants :

- Une transmission Mendélienne.
- Un caractère stable au cours de la vie d'un individu.
- Un grand polymorphisme, c'est-à-dire la présence d'un grand nombre d'allèles.
- Un taux d'hétérozygotie.

Pour caractériser notre population nous avons utilisé deux marqueurs spécifiques à savoir les groupes sanguins et les dermatoglyphes.

1-1- Le polymorphisme génétique des groupes sanguins

1-1-1- La notion de groupe sanguin chez l'Homme

La notion de groupe sanguin est littéralement définie sur deux termes qui sont « groupe » et « sanguin ». Cette dernière est caractérisée par un ensemble d'individus ayant un ou plusieurs caractères en commun. Dans le cadre des groupes sanguins ce(s) caractère(s) commun(s) est (sont) exprimé(s) dans le sang. Il convient d'entendre par « caractères » des spécifications qui sont génétiquement transmises.

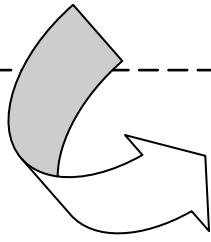
La notion de groupe sanguin peut être définie comme toute expression de la variabilité génétique humaine détectable dans le sang (**CHIARONI, 2003**).

C'est une notion vaste qui recouvre la totalité du polymorphisme humain représentant l'ensemble des molécules exprimant une variabilité génétique dont l'immunogénicité conditionne son champ d'application et sa méthodologie d'analyse (**Tableau N°05**).

Tableau N°05 : Les polymorphismes génétiques (SANCHEZ-MAZAS, 2006)

Année	Groupes sanguins érythrocytaires	Protéines sériques ou érythrocytaires	Groupes tissulaires	Polymorphismes de l'ADN
1900	ABO MNS P			
1940	RH LU K LE FY JK DI	DI HPA GM TF GC AG ACP1	HLA (sérologie)	
1956		CP CHE1 PGD PGM1 Pi C3 ADA	HLA-A, HLA-B	
1961		GPT1 PGK Bf GLO1	HLA-C, HLA-D Etc.	
~ 1970				
~ 1975 ~ 1980				Globine
~ 1990				ADN mitochondrial Sites nucléaires aléatoires HLA (oligotypage) Chromosome Y Microsatellites SNPs
~ 2000				

PCR →



Grâce à ces systèmes de groupes sanguins tissulaires, de protéines sériques et d'enzymes et actuellement à l'analyse du polymorphisme de l'ADN lui même extrêmement étendu, chacun d'entre nous peut être identifié avec une précision telle qu'on ne puisse pas le confondre avec un autre (**NAJMAN et al., 1994**).

1-1-2- Systèmes des antigènes des groupes sanguins

Les groupes sanguins érythrocytaires peuvent être définis comme l'ensemble des antigènes allotypiques, génétiquement transmis, détectés par des anticorps spécifiques à la surface de la membrane érythrocytaire (**CHIARONI et al., 2005**).

Un système de groupes sanguins comprend un ou plusieurs antigènes codés par un locus génétique unique ou par un ensemble de plusieurs gènes homologues étroitement liés entre lesquels une recombinaison extrêmement rare (haplotype) (**CARTRON et al., 2006**).

Vu le nombre considérable et la complexité des systèmes sanguins et des antigènes érythrocytaires, la nécessité surgit d'établir une nomenclature internationale (**DANIELS et al., 1998**).

Actuellement, on dénombre chez l'Homme plus de 250 antigènes, dont 229 d'entre eux sont regroupés en systèmes sanguins selon la nomenclature recommandée par la Société Internationale de Transfusions Sanguines (SITS) (**Tableau N°06**), mais en réalité plus de 600 facteurs ont été identifiés à la surface de l'hématie (**OLSSON, 1997**) ; (**IRSHAD, 2001**).

Tableau N°06 : Principaux polymorphismes érythrocytaires humains (SANCHEZ-MAZAS, 2006)

Acronyme	Nom complet	Découverte	Principaux anti sérum	Allèles/Haplotypes Principaux	Dominance/Récessivité	Chromosome
ABO	ABO	1900	Anti-A, B, A1	A1, A2, B, O	A=B>>O et A1>>A2	9q34
MNS	MNSs	1927-47	Anti-M, N, S, s	MS, Ms, NS, Ns, MSu, NSu	M=N, S=s>>Su	4q28-q31
P	P	1927	Anti-P1, P+P1	P1, P2, p	P1>>P2>>p	6p
Rh	Rhésus	1940	Anti-D, C, c, E, e	R1 (Cde), R2 (cDE), R0 (cDe), Rz (CDE) r(cde), r'(Cde), r''(cdE), ry(CdE)	D>>d, E=e, C=e	1p36.2
LU	Lutheran	1945	Anti-Lu(a), Lu(b)	Lua, Lub	Lua=Lub	19q13.2
K	Kell	1946	Anti-K, k	K, k	K=k	7q33
LE	Lewis	1946	Anti-Le(a), Le(b)	Le, le	Le>>le	19p13.3
FY	Duffy	1950	Anti-Fy(a), Fy(b)	Fya, Fyb, Fy	Fya=Fyb>>Fy	1q21-q22
JK	Kidd	1951	Anti-Jk(a), Jk(b)	Jka, Jkb, Jk	Jka=Jkb>>Jk	18q11-q12
DI	Diego	1955	Anti-Di(a), Di(b)	Dia, Dib	Dia=Dib	17q12-q21

a- Système ABO

Karl Landsteiner a publié le 23 mars 1900 dans le « Central Blatt fur Baktériologie » 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 [(REVIRON et REVIRON, 1984) ; (MORGAN et WATKINS, 2000)].

Les hématies AB furent identifiées deux ans plus tard par Décastello et Sturli [(REVIRON et REVIRON, 1984) ; (OLSSON, 1997) ; (IRSHAD, 2001)].

Cette découverte a eu un intérêt considérable ; elle a démontré que les individus appartenant à la même espèce pouvaient présenter des types sérologiques et biochimiques différents, ce qui permet d'édicter les règles de la compatibilité (RUFFIE et SOURNIA, 1996).

➤ Génétique Formelle

Le gène ABO est localisé sur le chromosome 9 et se compose de 7 exons répartie sur 18 Kb d'ADN (YAMAMOTO et al., 1995).

Ce locus comporte trois allèles courants A, B et O. les allèles A et B sont codominants. L'allèle O est récessif par rapport aux allèles A et B. Ces allèles peuvent formés six génotypes, mais on ne peut pas toujours déduire le génotype à partir du phénotype des groupes A et B.

Ces six génotypes ne donnent lieu qu'aux quatre phénotypes A, B, AB et O (Tableau N°07) (REVIRON et REVIRON, 1984).

Tableau N°07 : Sérologie et génétique du système ABO

Phénotype	Antigènes cellulaires	Anticorps (sérum)	Génotypes
Groupe A	A	anti-B	AA et AO
Groupe B	B	Anti-A	BB et BO
Groupe O	-	Anti-A et anti-B	OO
Groupe AB	A et B	-	AB

En 1990, les bases biochimiques et moléculaires du système ABO ont été précisées. Un gène ABO code pour une enzyme qui modifie un antigène H présent chez tous les individus (SANCHEZ-MAZAS, 2006).

➤ Génétique Moléculaire

Les allèles A et B diffèrent par 7 nucléotides dont 4 responsables de la substitution 4 acides aminés dans la séquence de la glycosyl transférase (YAMAMOTO et al., 1990).

L'allèle A2 résulte de la substitution d'une base en position 467 et la délétion d'une cytosine en position 1059 ce qui entraîne un décalage du cadre de lecture et la synthèse d'une protéine comportant une extension de 21 acides aminés dont l'activité catalytique est diminuée (YAMAMOTO et al., 1992).

Plusieurs mutations responsables du phénotype O ont été identifiées. L'allèle O1 (56% des sujets O) résulte de la délétion d'un nucléotide (G261). Ce qui entraîne un décalage du cadre de lecture du transcrit et la production d'une protéine tronquée dépourvue d'activité catalytique (YAMAMOTO et al., 1990). (Tableau N°08).

Tableau N°08 : Mutations ponctuelles différenciant entre les séquences des allèles du système ABO (YAMAMOTO et al., 1990)

NUCLEOTIDES	261	297	467	526	657	703	796	802	803	930	1059	1096
A1	G	A	C	C	C	G	C	G	G	G	C	G
A2			T								-	
B		G		G	T	A	A		C	A		A
O1	-											
O2		G		G				A				A

A : Adénine, **C** : Cytosine, **T** : Thymine, **G** : Guanine

➤ Variantes du système

Une première complication provient du fait de la dualité de l'antigène A. il a été démontré que l'anticorps anti-A des sujet du groupe B se compose de deux anticorps : un anticorps anti-A agglutinant la totalité des globules rouges et un autre anticorps qui ne réagit qu'avec 80% des sujets A, appelés A1. Les sujets dont les globules rouges ne sont pas agglutinés par cet anticorps sont appelés A2 (DUGERN et HIRSZFELD, 1911).

Cette subdivision du phénotype A en A1 et A2 conduit à l'identification de six phénotypes ABO : [A1], [A2], [B], [A1B], [A2B] et [O] déterminés par quatre allèles A1, A2, B et O.

Dans l'érythrocyte, de manière synergique et séquentielle, ces glycosyl transférases complètent l'action des gènes du système H pour aboutir à la synthèse des antigènes A et B (CHIARONI, 2003). Si l'allèle H (système Hh) est défaillant, les antigènes A et B ne peuvent pas être synthétisés même si les allèles A et B sont présents. Ce phénotype, caractérisé par un déficit en antigène H et donc en antigènes A et B, est le phénotype Bombay dont la fréquence en Inde de l'Ouest est estimé à 1/6000. Compte tenu de la présence de communautés indiennes, ce type de phénotype est aussi retrouvé à la Réunion, où il coexiste avec un autre phénotype H déficient de type « Réunionnais » caractérisé par un affaiblissement de l'allèle H (LEPENDU et al., 1983).

Il existe également un phénotype Cis-AB où l'individu possède trois allèles avec A et B en Cis sur un même chromosome, et qui ne sont pas transmis comme deux allèles indépendants mais comme une seule unité génétique [(LAFONTAINE et LEBRUN, 1985) ; (ROUBINET et al., 2002)] ce phénotype est connu actuellement dans une vingtaine de familles en Europe et semble être plus fréquent au Japon.

➤ Distribution Populationnelle

En 1982, VOGEL et MOTULSKI ont liés la distribution mondiale du polymorphisme du système ABO à des grandes épidémies et à certaines maladies infectieuses. Ainsi, la fréquence élevée de l'allèle ABO* O chez les Américains peut être attribuée à un avantage sélectif de cet allèle pour la réponse immunitaire à la syphilis.

Les raisons de variations des fréquences du gène ABO d'une population à une autre ne sont pas connues, mais on a de bonnes raisons de croire que la plupart des facteurs sanguins ne sont pas indifférents au milieu et exercent une valeur sélective (RUFFIE, 1998).

En ce qui en est des pays Nord-Africain, ils sont intermédiaires pour le groupe A, négroïde pour le gène B et intermédiaires du côté caucasoïdes ou franchement caucasoïde pour le gène O. Ils se distinguent généralement des populations euro-méditerranéennes par des hautes fréquences de l'allèle B et des haplotypes cDe (FERNANDEZ-SANTANDER et al., 1999).

Chez les populations asiatiques, une fréquence relativement élevée de l'allèle ABO* B, qui peut être le résultat d'une double action sélective de la peste contre l'allèle ABO*O et de la variole pour l'allèle ABO*A (VOGEL et MOTULSKI, 1982).

A l'exception des Américains, les fréquences des groupes ABO sont assez constantes dans le monde et varient moins d'un endroit à l'autre que d'autres gènes (CAVALLI-SFORZA, 1994).

b- Système Rhésus

C'est le système des groupes sanguins le plus complexe. Son nom, il le doit aux travaux de Landsteiner et Weiner (1940) qui avait identifié un anticorps (anti-rhésus) dans le sérum de cobayes et de lapins immunisés par le sang du *Macaca mulatta* (*Macacus rhésus* dans l'article original).

Son importance clinique est due à la grande immunogénécité de ses antigènes qui peuvent causer des accidents transfusionnels graves telle la maladie hémolytique du nouveau né (LEVINE et al., 1941).

➤ Génétique formelle

Le locus Rh est localisé sur le bras court du chromosome 1(1p34p36) (**CHERIF ZAHAR et al., 1991**).

Les antigènes du système Rh sont définis par une famille de polypeptides non glycosilés (Rh30). Ces molécules de polypeptides sont les produits de deux gènes adjacents et hautement homologues (**COLLIN et al., 1991**) RhD et RhCE, organisés en tandem sur le chromosome 1.

Le gène RhD code pour un polypeptide appelé antigènes D dont la présence ou l'absence à la surface des hématies conditionne le phénotype Rhésus (**COLLIN et al., 1991**), et le gène RhCE code pour les allèles des antigènes C ou c et E et e par un épissage alternatif (**MOURO et al., 1993**).

Compte tenu de l'absence de recombinaison, les gènes Rhésus sont transmis en bloc sous forme d'haplotypes qui sont notés : DCE, DcE, dce, Dce, dCe, dcE, DCE et dCE où d représente l'allèle RHD en délétion ou inactif.

Au niveau de ces haplotypes, les formes alléliques C et c d'une part et E et e d'autre part sont codominantes.

Deux modèles génétiques initialement proposés furent:

- Le modèle de R.A. FISHER : trois gènes contigus bialléliques ;
- Le modèle d'A.S. WIENER : un seul gène avec effets pléiotropes (**SANCHEZ-MEZAS, 2006**) (Tableau N°09).

Tableau N°09 : Nomenclatures de Wiener et Fisher (**SANCHEZ-MEZAS, 2006**)

A.S.WIENER	R.A.FISHER
R1	Cde
R2	Cde
R0	CDe
RZ	CDE
R	Cde
R'	Cde
R''	CdE
Ry	CdE

Conformément à l'analyse de Fisher, huit haplotypes peuvent être identifiés avec des fréquences variables d'une population à l'autre (MOURANT, 1976).

En accord avec la thèse de Fisher et Race (1946), Carrit (1997), proposa que dCe apparu à la suite d'une recombinaison entre DCe et dce. De même, dcE serait apparu après une recombinaison entre DCe et DcE. Le très rare haplotype Dce serait apparu à la suite d'une recombinaison de dCe et dcE (Figure N°05).

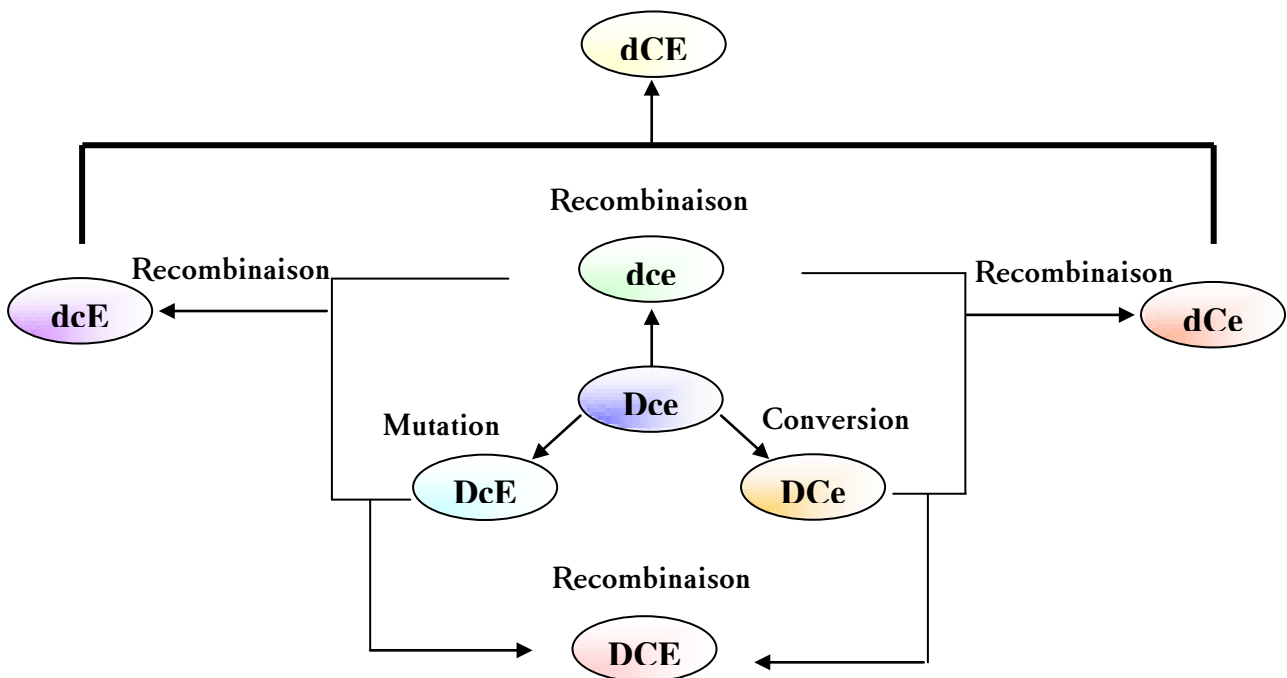


Figure N°05: Mécanismes évolutifs générant les différents haplotypes du système Rhésus (CHIARONI *et al.*, 2005)

➤ Génétique moléculaire

Les bases moléculaires du polymorphisme des gènes et des protéines Rh ont été établies par l'analyse de nombreux variants communs et rares :

Le polymorphisme E/e résulte d'une substitution (pro→ala) en position 226 causée par une mutation C-G du nucléotide 676 du gène CE.

Le polymorphisme C/c résulte d'une substitution (ser→pro) en position 103 causée par une mutation T-C du nucléotide 307 du gène CE (CARTON, 1996) ; (IRSHAD, 2001).

Les autres polymorphismes résultent essentiellement d'évènement de conversion entre les gènes Rh ou bien de mutations ponctuelles.

Ces remaniements du gène CE conduisent chez certains variants à des gènes hybrides (codant pour des protéines hybrides ayant perdu tout ou une partie des antigènes CE).

Les analyses comparées des anomalies immunologiques et moléculaires observées chez les gens de phénotype « D partiel » ont également permis d'établir une cartographie préliminaire des épitopes D sur la protéine D, au moins neufs épitopes ont été définis (**CARTON, 1996**).

Les sujets de phénotypes « D partiel » peuvent produire un allo-anticorps anti-D dirigé contre un ou plusieurs épitopes manquants (**REVIRON et REVIRON, 1984**). Le mécanisme du crossing-over ou de conversion génique représente la base moléculaire essentielle du polymorphisme des variant « Du » et autres variantes génétiques du locus Rh (**CARTON, 1996**).

➤ Variantes du système Rhésus

En ce qui concerne l'allèle D, on retrouve différentes réactions faibles de D qui sont toutes appelées « D^u » ou rhésus faibles.

Les hématies D faibles ne sont pas agglutinées par tous les anti-D dans les tests de routines. Par contre elles sont beaucoup mieux détectées en utilisant des techniques plus sensibles telles que le test de Combs indirect ou l'utilisation des hématies préalablement traité par une protéase.

Pour ce qui en est de l'allèle C, le plus fréquent est l'antigène C^w (C Willis), cet antigène est mis en évidence par un allo-anticorps spécifique anti-C^w.

La présence de cet antigène est liée à l'existence de l'allèle C ou c, le plus souvent situé au niveau de l'haplotype (Dce) qui devient aussi Dc^we. En France, la fréquence de cet allèle est de 1/200 (**RACE et SANGER et al., 1975**). On trouve également C^x avec une fréquence de 1/2000.

En fin, les variantes génétiques les plus connues pour l'allèle E sont E^w, E^T et E^u. Alors que pour l'allèle e, il en existe plusieurs dont on cite e^s et e^l (**SALMON, 1980**).

➤ Distribution populationnelle

L'haplotype Rh*cde est fréquent chez les basques et les vallées pyrénéennes occidentales, par contre il est très rare en Asie de l'est et l'Amérique et inexistant en Australie, nouvelle guinée et chez les océaniens (ROYCHOUDHRY et NEI, 1988).

L'haplotype Rh*Cde est exceptionnellement fréquent chez les Indiens d'Amérique et aussi au sud-est asiatique.

La fréquence de l'haplotype Rh*cDe est élevée chez les négroïdes et au proche orient.

Parmi les haplotypes les plus rares, Rh*CDE, qui marque une fréquence de 3% chez certaines tribus australiennes.

c- Système MNSs

➤ Génétique formelle

C'est un système de grande complexité qui comporte 48 antigènes.

Deux couples d'allèles courants M/N et S/s, sont situés sur 2 locis très fortement liés, sur le chromosome 4 (4q28-q31).

L'association des deux couples d'allèle fait l'objet d'un déséquilibre de liaison (CHIARONI, 2003).

Les antigènes M/N sont portés par la glycophorine A (GPA) et S/s par la glycophorine B (GPB).

Les études familiales ont permis de confirmer l'existence de quatre haplotypes différents qui déterminent 9 phénotypes et 10 combinaisons génotypiques (Tableau N°10).

Tableau N°10 : Phénotypes et génotypes du système sanguins MNSs

Phénotype	Anti-M	Anti-N	Anti-S	Anti-S	Génotypes
MS	++	+	++	-	MS/MS
MSs	++	+	++	++	MS/Ms
Ms	++	+	-	++	Ms/Ms
MNS	++	++	++	-	MS/NS
MNSs	++	++	++	++	MS/Ns ou Ms/NS
MNs	++	++	-	++	Ms/Ns
NS	-	++	++	-	NS/NS
NSs	-	++	++	++	NS/Ns
Ns	-	++	-	++	Ns/Ns

(++) : réaction forte ; (+) : réaction très faible ; (-) : absence de réaction

➤ **Génétique moléculaire**

Les deux antigènes antithétiques M et N sont codés par les allèles M et N qui se différencient par 17 substitutions nucléotidiques. Seul trois d'entre elles aboutissent à deux substitutions d'acide aminée, Ser1Leu (lié à une substitution nucléotidique TCA /TTA) et Gly5Glu (lié à deux substitutions nucléotidiques GGT/GAG). Bien que ces résidus de 1 à 5 soient responsables du polymorphisme M/N, la glycosylation joue un rôle majeur dans la présentation stérique de la molécule et dans l'expression antigénique M/N (CHIARONI *et al.*, 2005).

En ce qui est des antigènes S/s ils se différencient par un seul acide aminé, Met29Thr. Toutefois, les résidus en positions 34 et 35 et la glycosylation de la Thr 25 jouent un rôle critique dans leur expression antigénique (CHIARONI *et al.*, 2005).

➤ **Variantes du système MNSs**

Le système MNSs est caractérisé par un nombre croissant de variant génétique. Le plus cité est l'antigène U qui est universel qui fut classé par Race et Sanger (1975) comme un allèle du locus S/s appelé S^u. Les rares sujets u sont de phénotype silencieux au locus Ss (ERRAHAOUI, 2002).

Pour les allèles M et N, on peut citer une série de variantes rares à savoir pour M : M^c, M², M^{JK}, M^{MV} ...et N : N², NA (AFKIR, 2004).

➤ **Distribution populationnelle**

La distribution de ces haplotypes dépend essentiellement de la fréquence de l'allèle Ss*S, du fait qu'il est plus fréquent que Ss*S en Europe, en Asie et en Afrique. Les allèles MN*M et MN*N ont une distribution géographique régulière (AFKIR *et al.*, 2004). Ce pendant, les haplotypes Ms et Ns sont toujours plus fréquents que MS et NS, et l'haplotype Ms est plus fréquent que Ns en Afrique du Nord et en Europe du Sud (ROYCHOUDHRY *et NEI*, 1988).

d-Système Duffy

➤ **Génétique formelle**

Le système Duffy a été le premier à être localisé sur un autosome, chromosome 1(1q22) où l'on trouve également le système Rh (1p36) (THOMPSON *et THOMPSON*, 1978).

Il comporte dans les populations Européenne deux allèles courants (FYA, FYB) et un allèle plus rare (FYX codant pour un antigène FYB faible).

Un autre allèle FyO a été mis en évidence dans le sang des Africains ne donnant aucune agglutination avec les deux anticorps anti- Fy*a et anti- Fy*b (**SANGER, 1955**). Les allèles FYA, FYB et FYX sont codominants, l'allèle FyO est récessif. Les phénotypes du système Duffy sont en nombre de quatre (**Tableau N°11**).

Tableau N°11 : Phénotypes et génotypes du système sanguin Duffy

Phénotype	Réaction avec		Génotypes possible
	Anti- Fy*a	Anti- Fy*b	
Fy (a+, b -)	+	-	Fy ^a Fy ^a ou Fy ^a Fy
Fy (a-, b +)	-	+	Fy ^b Fy ^b ou Fy ^b Fy
Fy (a+, b +)	+	+	Fy ^a Fy ^b
Fy (a-, b -)	-	-	Fy Fy

(+) : présence de réaction ; (-) : absence de réaction

Tous les anticorps anti-Duffy, résultent d'allo immunisation interhumaine. L'anti-Fya, de nature IgG est un des plus immunogènes, du moins chez les caucasiens. Les sujets noirs produisent très rarement cet anticorps. Il est responsable à la fois de la maladie hémolytique du nouveau né et de réactions hémolytiques post-transfusionnelles. Il présente donc un grand intérêt sur le plan transfusionnel (**THOMPSON et THOMPSON, 1978**).

➤ Génétique moléculaire

Les deux antigènes Fy^a et Fy^b ne diffèrent que par un acide aminé Gly42Asp (**MALLINSON, 1995**) et les allèles par une substitution nucléotidique G125A. La substitution Ala100Thr (G298A) dans le deuxième domaine intra-membranaire, parfois observée avec l'antigène avec l'antigène Fyb, n'apparaît pas affecter l'expression antigénique [(**CHAUDHURI, 1993**) ; (**MALLINSON, 1995**)]. Cette substitution n'a pas été retrouvée chez les sujets originaires d'Afrique Subsaharienne (**OLSSON et al., 1998**).

➤ Les variantes du système Duffy

Les antigènes Fy^a et Fy^b furent les premiers découverts, plus tard, d'autres variantes plus rares ont été mises en évidence : Fy³, Fy⁴, Fy⁵ et Fy⁶ qui réagissent avec d'autres anticorps associés à ce système (**RACE et SANGER, 1975**).

Il existe aussi une variante faible de l'allèle Fy* b qui est considérée comme le produit d'un nouvel allèle appelé Fy*x.

➤ **Distribution populationnelle**

Le locus Duffy a depuis longtemps été considéré comme une cible probable de l'action de la sélection naturelle en raison de l'extrême degré de différenciation géographique de ses trois allèles majeurs (**HAMBLIN, 2000**).

La répartition géographique la plus frappante est celle de l'allèle Fy*o, en Afrique Subsaharienne (**HAMBLIN, 2002**). En Afrique du Nord (Algérie, Lybie et Egypte), la fréquence de l'allèle Fy*o a tendance à s'égaliser avec celle de Fy*a et /ou Fy*b (**AFKIR et al., 2004**).

L'allèle Fy*b est fréquent en Europe et dans quelque région d'Afrique (Lybie, Namibie). Ce pendant, il est rare en Asie, en Australie et en nouvelle Guinée (**CAVALLI-SFORZA, 1994**).

L'allèle Fy*a est omniprésent chez toutes les populations avec des fréquences élevées en Asie de l'Est, très élevé en Australie. Les valeurs les plus faibles de cette allèle ont été retrouvées en Amérique (Sud et Nord), Afrique noire et au Moyen Orient.

1-2- Empreintes digitales (Dermatoglyphes)

Si les indices biologiques sont exploitables depuis un peu plus d'un siècle, ce n'est que récemment qu'ils ont été mis à profit pour établir des empreintes génétiques, une méthode particulièrement précise d'identification issue des progrès de la biologie moléculaire.

L'empreinte digitale est l'une des caractéristiques les plus fréquemment employées dans le domaine d'identification d'auteurs de crimes ou délits ainsi que de personnes. Qu'elle soit digitale, palmaire ou plantaire, l'empreinte reste sans nul doute, le meilleur élément individualisant. Loin des considérations probabilistes, elle est, de nos jours, le seul moyen d'identification formelle d'une personne.

Les empreintes sont immuables, inaltérables et individuelles elles forment chez chaque sujet, pour l'ensemble des doigts et pour chacun d'eux, un dessin qui lui est particulier et possèdent une valeur signalétique incontestable (**GUTIERREZ, 1971**).

1-2-1- Généralités

On désigne sous le nom d'empreinte digitale ou dermatoglyphes (la reproduction des dessins papillaires, de formes très variées localisés au niveau des extrémités antérieures et latérales des doigts, paumes des mains et plantes des pieds (**CUMMINS et MIDLO, 1943**).

Ces dessins, formés par la saillie des crêtes et de sillons, sont visibles au niveau du derme et de l'épiderme. Ils sont absolument fixes quant à leur forme, depuis la naissance jusqu'à putréfaction du corps (**DESBROSSE, 2006**).

Ils ont une fonction antidérapante lors de la locomotion et de la préhension et une fonction sensorielle favorisant le sens du toucher en raison de l'abondance des terminaisons nerveuses (**CUMMINS et MIDLO, 1943**).

1-2-2- Histoire et intérêt anthropologique des dermatoglyphes :

En 1923, JOHANNES EVANGELISTA a mis en évidence l'existence des crêtes, des sillons et des pores.

L'intérêt des dermatoglyphes dans les études des populations humaines n'a été démontré qu'après leurs reconnaissances en tant que caractère anthropologique par Francis Galton en 1829, lorsqu'il a publié son ouvrage intitulé « Finger Prints », dans lequel il a établi l'unicité et la permanence de ces figures cutanées et a observé leurs variabilités biologiques et leurs aspects héréditaires (**CUMMINS et MIDLO, 1961**).

Cette classification scientifique est utilisée jusqu'à nos jours pour les étudier dans des familles et des groupes raciaux.

Avec le développement de l'anthropologie, les dermatoglyphes ne tardèrent pas à intéresser les chercheurs dont le souci majeur était la recherche et la détermination de la variabilité biologique des populations humaines.

1-2-3- Génétique

Les dermatoglyphes sont héréditaires, comme le prouvent les ressemblances observées entre parents et enfants et entre germains, mais leurs modes de transmissions n'ont pas été déterminés. Néanmoins, un grand nombre de chercheurs admettent que le type et le degré d'hérédité varie en fonction du trait dermatoglyphique considéré (**HARICH, 2002**).

Certains auteurs proposent une hérédité simple pour les caractères qualitatifs [(**SLATIS et al., 1976**) ; (**LOESCH, 1971**)], d'autres proposent une hérédité polygénique pour les caractères quantitatifs [(**HOLT, 1949**) ; (**PENROSE, 1969**)].

En 1976, FROELICH a calculé que 20 à 25 gènes seraient impliqués, tandis que Armstrong en propose de 120 à 125 (**AFKIR et al., 2004**).

1-2-4- Les principales classes des dermatoglyphes des doigts et leurs caractéristiques

a- Caractéristiques de l’empreinte digitale

En anthropologie, les traces dermatoglyphiques sont généralement classées selon les règles proposées par Galton (1892) et puis par Cummins et Midlo (1943) et par Penrose (1969). Elles sont toutes basées sur la présence de triradius, points où trois systèmes de crêtes convergent dans trois directions différentes avec des angles d’environ 120° (HARICH, 2002).

Qu’elle soit digitale, palmaire ou plantaire, l’empreinte se définit toujours comme un enchainement unique de crêtes et de sillons qui représente un dessin général (DESBROSSE, 2006) (Figure N°06).

Chaque empreinte est :

- Unique ;
- Constituée d’une grande quantité d’information ;
- Facile à saisir.

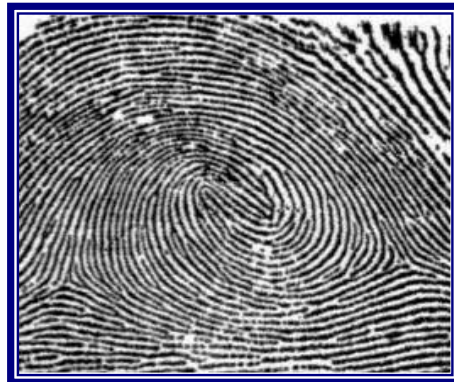


Figure N°06 : Une empreinte digitale « niveau 1 » (PICHARD, 2004).

Une empreinte digitale comporte des informations macroscopiques, dites de « niveau 1 » qui sont les directions générales des sillons. Ces motifs peuvent permettre une première classification des empreintes digitales.

Observée à la loupe, une empreinte digitale laisse apparaître des motifs en « peau de zèbre ». On peut alors voir ce que les spécialistes appellent des « minuties », informations dites de « niveau 2 ». Une minutie est un point qui se situe sur le changement de continuité des lignes papillaires (CHAMPOD *et al.*, 1995).

Ces minuties permettent de différencier deux empreintes digitales (Figure N°07).

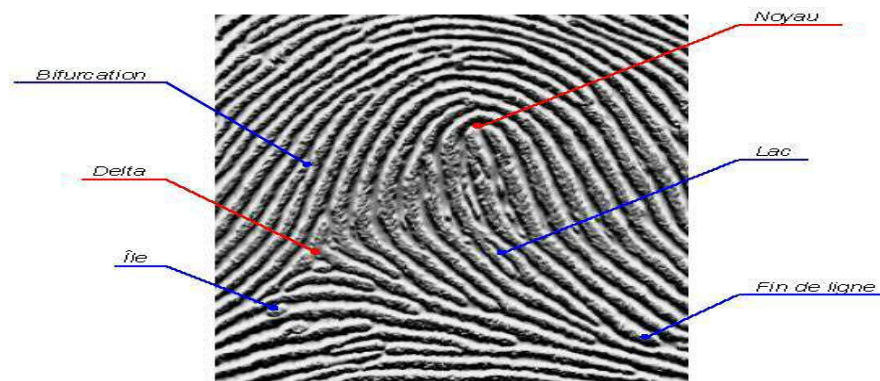


Figure N°07: Les différents points caractéristiques d'une empreinte (PICHARD, 2004).

b- Classification des empreintes digitales

La classification des figures formées sur les phalanges distales des doigts est basée sur l'étude des caractéristiques morphologiques globales des empreintes (**Figure N°08**).

Les variations d'orientation des lignes de crêtes génèrent des points singuliers sur l'empreinte. Ces points se distinguent par les centres et deltas.

Leur quantité ainsi que leur position relative permettent de réaliser une classification des empreintes.

Les empreintes digitales sont regroupées en trois catégories principales. A l'intérieur de chacune de ces catégories, il y a un très grand nombre d'éléments qui nous différencient les uns des autres.

Arcs : c'est le type de figure le plus simple, où les crêtes dermopapillaires sont légèrement courbés ou arqués, sans triradius. Les variantes sont : arcs en tentes et les arcs plats.

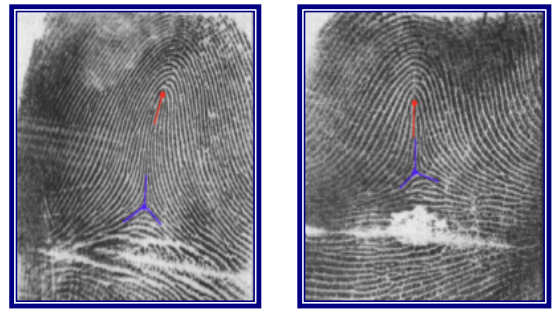
Boucles : formés par les crêtes dont le départ et l'arrivée sont du même côté de la phalange et avec un triradius du côté opposé à l'ouverture de la boucle.

- c- si cette ouverture est orientée vers le pouce, la boucle est dite radiale (Br)
- d- si elle est orientée vers l'auriculaire la boucle est dite ulnaire (Bu).

Tourbillons : ce sont les figures les plus complexes et sont associées à deux triradi. Ces dessins sont plus ou moins concentriques car les crêtes s'enroulent pour donner des cercles ou des ellipses concentriques ou des spirales. Ils sont symétriques ou asymétriques et parfois ils ont la forme de deux boucles entrelacées (doubles boucles).



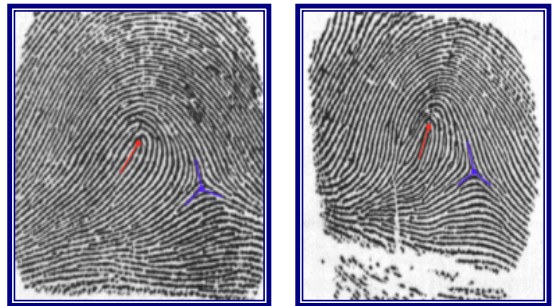
Arcs plats
(ni centre, ni delta)



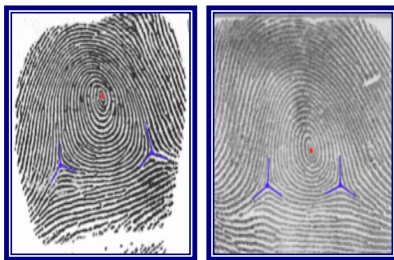
Arcs tentes
(un centre, un delta)



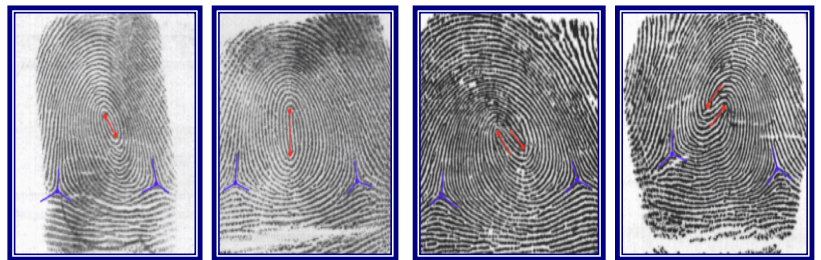
Boucle ulnaire
(un centre, un delta)



Boucles radiales
(un centre, un delta)



Tourbillons Simples
(Deux deltas et au moins un centre)



Double Boucle
(Deux deltas et au moins un centre)

Figure N°08 : Classification des empreintes digitales (PICHARD, 2004).

1-3- Consanguinité

Dans les populations naturelles l'hypothèse panmictique n'est pas toujours réalisée, et les individus reproducteurs peuvent choisir leurs conjoints en fonction des critères variés.

Les individus qui s'accouplent ont un certain degré de parenté. On parle alors de consanguinité

Le mariage consanguin se définit comme l'union entre des individus possédants un ou plusieurs ancêtres communs (**SUSANNE et al., 2001**).

Ces unions sont célébrées depuis les plus anciennes civilisations, déjà les dynasties pharaoniques de l'Egypte antique favorisaient les mariages incestueux entre frères et sœurs (**VAN DEN BERGHE, 1983**).

Les mariages consanguins peuvent avoir des origines géographiques, ainsi à l'intérieur des petites tribus ou villages isolés, les conjoints ont de bonnes chances de posséder des ancêtres communs (**BERNARD, 1983**). C'est ce qu'on appelle consanguinité de position.

La consanguinité influe sur la structure génomique d'une population en augmentant la proportion des homozygotes (**GRIFFITHS, 1993**).

L'accroissement du degré de consanguinité provoque une augmentation de l'homozygotie au niveau des individus et des populations également. Il en résulte une plus grande homogénéité au sein des populations ce qui est à l'origine d'une augmentation de la fréquence d'apparitions des anomalies par fixation des gènes défavorables [(**BIEMONT, 1974**) ; (**SOLIGNAC et al., 1995**)].

Des travaux réalisés en Algérie concluent à des effets néfastes de la consanguinité, évaluée à travers la morbidité et la mortalité observée à l'échelle de la population (**BENALLEGUE et KEDJ, 1984**).

La forme la plus répandue des mariages consanguins lie des cousins germains. Ce type d'union est un trait spécifique des populations arabo-musulmanes [(**KHURI, 1970**) ; (**KLAT et KHUDR, 1986**) ; (**ZLOTOGORA, 1997**) ; (**AOUAR et al., 2004**) ; (**AOUAR et al., 2005**)].

1-3-1- Effet de la consanguinité sur la morbidité

Dans les populations humaines, les effets de la consanguinité ont été étudiés par des enquêtes de type épidémiologique où le degré de consanguinité est corrélé avec la fréquence d'apparition de certaines maladies. Cependant, ces enquêtes sont généralement très délicates à interpréter et l'on peut obtenir des résultats opposés entre populations dont les patrimoines génétiques diffèrent (BERRAHOU, 2003).

Quoiqu'il en soit, les enfants issus d'unions entre cousins germains apparaissent en moyenne plus fréquemment atteints que ceux issus d'unions non consanguines, bien que la majorité se situe dans la gamme des phénotypes normaux de la population (SOLIGNAC et al., 1995).

Il est admis que l'incidence d'enfants malformés issus de consanguins est deux fois plus grande (RITTLER et al., 2001).

Certains auteurs ont montré d'éventuelles relations la consanguinité et maladies. Exemple : le diabète chez les descendants issus de parents consanguins (DEL COURT, 1996).

La consanguinité augmenterait le risque des maladies mentales "Schizophrénie" (EMERY 1986).

Le risque des cardiopathies ischémiques chez les consanguins est en moyenne 6 fois supérieur à celui de la population témoin. Par ailleurs le taux des cancéreux chez les consanguins serait de 3% alors qu'il est de 1.5% chez les témoins (EMERY, 1986).

Le neurologue français Manière suggéra en 1856, que la surdi- mutité chez l'Homme était plus fréquente chez les enfants issus de mariage entre cousins (EMERY, 1986).

1-3-2- Effet de la consanguinité sur la fécondité et la mortalité

On présume que les individus non consanguins ont une grande variabilité biochimique qui leur permet de mieux répondre aux variations du milieu. On parle alors de pouvoir homéostatique réduit chez les individus non consanguins [(BIEMONT, 1974) ; (SOLIGNAC et al., 1995)] ce phénomène est appelé « *dépression de consanguinité* ».

La dépression de consanguinité se manifeste par la réduction de la moyenne phénotypique (moyennes de performance) pour un certain nombre de caractères liés à la reproduction et la vigueur des individus (BONNES et al., 1986).

Elle agit de façon très nette sur les caractères liés à la fitness des organismes, ainsi la fertilité, la fécondité et la longévité sont fortement réduites.

Le taux d'avortements spontanés est d'autant plus élevé dans les familles où la consanguinité se perpétue depuis plusieurs générations à cause de l'effet

d'homozygotie croissante sur le développement du fœtus [(HUSSAIN, 1998) ; (BENER et al., 2001)].

Aussi le taux de mortalité infantile est élevé chez les consanguins comparés aux non consanguins [(AOUAR et al., 2004) ; (AOUAR et al., 2005)].

La consanguinité constituerait un facteur de risque pour la mortalité des enfants durant la première année. L'élimination de la consanguinité réduirait ce risque de mortalité infantile à 28% [(YAQOOB et al., 1998) ; (HUSSAIN et al., 2001)].

Matériel et Méthodes

Ce travail a été réalisé aux laboratoires « Valorisation de l'Action de l'Homme pour la Protection de l'Environnement et Application en Santé Publique » du Département de Biologie et Environnement, Faculté des Sciences et le laboratoire « d'Anthropologie, Faculté des Sciences Humaines et Sociales », Université Abou bekr Belkaïd Tlemcen.

1- Echantillonnage

Notre échantillonnage a été réalisé dans la population de Honaïne. Au niveau ethnique, cette population appartient à la tribu des Koumia établi dans les Trara avant le XVI^{ème} siècle (**BASSET, 1901**).

Les prélèvements sanguins ont été effectués sur des volontaires (toutes les personnes participant à cette étude sont informées sur les objectifs et le déroulement du travail, leur consentement leur est demandé). Les enquêtes menées auprès des habitants ainsi que les conditions de prélèvement des échantillons sanguins suivent rigoureusement des règles fondamentales d'éthique (annexe N° 01). La campagne d'échantillonnage a été réalisée en Mai 2007 avec l'aide du personnel médical du secteur sanitaire de Honaïne. Pour les prélèvements sanguins, les individus sont retenus selon les critères suivant:

- ✓ Pas de lien de parentés
- ✓ Pas de pathologie apparente
- ✓ Les quatre grands parents sont nés dans la même région.

200 prélèvements ont été effectués pour la caractérisation de la population étudiée.

Ces prélèvements sont répartis comme suit :

Tableau N°12 : Répartition de l'échantillon

	Polymorphisme des dermatoglyphes	Polymorphisme des groupes sanguins			
		ABO	Rhésus	MNSs	Duffy
Sexe masculin	100	200	50	20	20
Sexe féminin	100				

Chaque donneur a été prélevé par ponction veineuse sur tubes EDTA.

Le groupage est effectué dans les 48 heures qui suivent les prélèvements.

2- Groupage sanguin

2-1- Préparation de la solution érythrocytaire

Les prélèvements sanguins (0.5 ml) sont centrifugés à 1000rpm/min. Après élimination du surnageant, le culot est lavé 3 fois avec du sérum physiologique à 9‰.

Le culot ainsi obtenu est ressuspendu dans 5 ml de sérum physiologique à une concentration finale de 5% des globules rouges. Cette suspension servira pour la détermination des groupages sanguins qui consiste à rechercher les antigènes à la surface des globules rouges à l'aide d'anticorps spécifiques.

2-2- Groupage ABO

L'analyse a été réalisée sur microplaque, 25 µl de chaque sérum- test (Anti-A, Anti-B, Anti-AB) est déposé dans chaque cupule auxquelles nous avons ajouté 25 µl de la solution d'hématies de l'échantillon à tester. Après une agitation douce de la microplaque pour homogénéiser le mélange, la microplaque est ensuite incubée pendant 10 à 15 minutes à 37°C.

La lecture consiste à rechercher la présence ou l'absence d'agglutination visible à l'œil nu.

2-2-1- Détermination des sous-groupes A

Sur une plaque d'opaline, nous avons déposé 25 µl du réactif Anti-A1, puis nous avons ajouté 25 µl de la suspension érythrocytaire, le mélange est homogénéisé avec le fond d'un tube à hémolyse stérile, ensuite un mouvement de rotation de deux à trois minutes a été effectué sur la plaque afin de voir la présence ou l'absence d'agglutination.

2-3- Groupage Rhésus

Dans six (06) cupules de la microplaque, nous avons versé 25 µl de chaque réactif Anti-D, Anti-C, Anti-c, Anti-E, Anti-e, puis nous avons ajouté 25 µl de la suspension d'hématies à tester. Après une agitation douce, la microplaque est incubée pendant 10 à 15 minutes à 37°C pour vérifier la présence ou l'absence d'agglutination macroscopique.

2-4- Groupage MN (à froid)

Dans deux tubes à hémolyse, nous avons placé 25µl de réactifs (Anti-M et Anti-N) auxquels nous avons ajouté 25 µl de la solution d'hématie à tester. Après homogénéisation les tubes sont incubés pendant 10 à 15 minutes à 4°C, ensuite

centrifugés à 3000rpm/min. La présence ou l'absence d'agglutination est vérifiée à l'œil nu.

2-5- Groupage Ss et Groupage Duffy (à chaud)

Dans quatre tubes à hémolyse, nous avons déposé 25µl de chaque réactif (Anti-S, Anti-s, Anti-Fy^a, Anti-Fy^b) auxquels nous avons ajouté 25µl de la solution d'hématie. Le mélange ainsi obtenu est mis à incuber pendant 40 à 45 minutes à 37°C.

Le mélange est ensuite lavé trois fois avec du sérum physiologique à 9‰ pour éliminer l'excès du réactif. Nous avons ensuite incorporé 25µl de l'Anti-globuline humaine poly spécifique. Après centrifugation du mélange à 3000 rpm/min, nous avons vérifié la présence ou l'absence de l'agglutination.

3- Dermatoglyphes

3-1- Obtention de l'empreinte

Pour les empreintes digitales, la technique consiste à enduire d'encre les terminaisons des phalanges de chaque individu puis les enroulés sur les cases qu'ils leurs sont destinés sur le questionnaire (annexe N° O2).

3-2- Caractères qualitatifs analysés

Pour chaque individu, nous avons déterminé les figures digitales situées à l'extrémité apicale des doigts de chaque mains, celles-ci ont été classés en : Arcs plats (Ap), Arcs en tente (At), Boucles ulnaires (Bu), Boucles radiales (Br), Tourbillons (T) et Doubles boucles (DB).

Les résultats obtenus ont été classés par doigts, main et pour la somme des deux mains aussi bien chez les hommes que chez les femmes.

4- Consanguinité

Dans le cadre de la caractérisation génétique de la population de Honaïne, nous avons mené une enquête par questionnaire préalablement établie (annexe N° O3). Les informations sont recueillies directement chez les habitants et/ou dans le milieu hospitalier. L'échantillonnage se fait de manière aléatoire.

Nous avons recueilli un certain nombre d'informations que nous avons classées selon quatre variables :

- Les faits : variables sociodémographiques et anthropologique
- Les attitudes : sur les mariages consanguins dans la population de Honaïne.
- Les cognitions : éventuellement les risques génétiques des mariages consanguins et leurs préventions.
- Paramètres de santé : mortalité, avortement, morbidité.

5- Analyses statistiques

5-1- Groupes sanguins

5-1-1- Fréquences alléliques et haplotypiques

L'estimation des fréquences alléliques a été calculée manuellement en utilisant :

- ↳ La formule de Bernstein
- ↳ La méthode de maximum vraisemblance.

En appliquant le modèle émis par Hardy-Weinberg (1908) (**SANCHEZ, 2006**).

Le calcul des fréquences haplotypiques est donc complexe et peut être basé sur une méthode de maximum vraisemblance (**FISHER, 1946 et 1947**).

5-1-2- L'hétérozygotie :

L'hétérozygotie permet d'évaluer le degré d'hétérogénéité intra-populationnelles. Elle est calculée en utilisant la formule de Cavallis-Forza (1994) :

$$H = 1 - \sum_{i=1}^p P_i^2$$

Pi= fréquence de l'allèle i

5-1-3-Comparaisons et relations inter populationnelles

a- Comparaisons inter populationnelles des fréquences alléliques et haplotypique

Les comparaisons des fréquences alléliques et haplotypique de notre population avec celles des populations Nord-Africaine, du Moyen Orient et du bassin Méditerranéen ont été effectuées par le test de χ^2 réalisée par le programme BIOSYS-L.

b- Diversité Génétique

Afin de quantifier l'importance de la diversité génétique entre les différentes régions considérées dans cette étude, nous avons utilisé le coefficient F_{ST} de Wright (**WRIGHT, 1978**). Il exprime la diversité intra-région (F_{PR}) mais aussi la diversité inter-région (F_{RT}). Ce test est également réalisé par le programme BIOSYS-L.

Le degré de signification de ce coefficient est testé par le test χ^2 réalisé par le même programme BIOSYS-L.

c- Distances Génétiques

L'analyse de la distance génétique entre les populations est réalisée en utilisant les mesures standard de la variation des fréquences géniques selon le coefficient de conancestralité de REYNOLDS et al., (1983) grâce au programmes Package PHILIP 3.5 (**FELSENSTEINE, 1989**).

5-1-4- Arbres phylogénétique

Les arbres phylogénétiques «Neighbor-Joining» (**SAITOU et NEI, 1987**) sont utilisés afin d'établir le degré de similitude entre les populations et cela grâce au programme PHYLIP.

5-1-5- Analyse en composantes principales (ACP)

Les relations biologiques entre les populations ont été représentées également par un diagramme bidimensionnel obtenu après une analyse en Composante Principal, en utilisant le logiciel Ade-4 (**TOULOUSE et CHESSEL, 2001**).

5-2- Dermatoglyphes

Nous avons calculé les fréquences relatives des différents types de figures digitales (Arcs, Boucles et Tourbillons).

Pour évaluer les différences bimanuelles et sexuelles, nous avons utilisé le programme Mini Tab version MTB12FR. Le programme Biosys L à été utilisé pour étudier les comparaisons inter populationnelles.

Afin de situer notre population par rapport aux populations analysées (Afrique du Nord, Moyen Orient et le Nord de la Méditerranée), les fréquences des différentes figures digitales ont été traitées par analyse en composantes principales ACP en utilisant le logiciel Ade-4 (TOULOUSE et CHESSEL, 2001).

5- 3- Consanguinité

Les résultats relatifs aux paramètres de fitness ont été traités par le test d'indépendance Khi deux (χ^2).

6- Questionnaire Socio-anthropologique

Pour compléter notre étude, nous avons réalisé un questionnaire auprès des habitants de Honaïne (annexe N° 04). Ce dernier, pourra éventuellement nous renseigner sur les traits caractéristiques de la population étudiée.

Il porte sur les critères suivants :

- Famille
- Habitat
- Origine ethnique
- Origine linguistique
- Consanguinité
- Tradition

200 individus ont été questionnés. Il est à noter que les habitants ayant participé au questionnaire socio-anthropologique ne sont pas forcément ceux qui ont été prélevés.

Résultats et Interprétations

1- Résultats du polymorphisme érythrocytaire

1-1- Fréquences phénotypiques et alléliques

Les résultats relatifs à la répartition phénotypique et l'estimation des fréquences alléliques de la population de Honaïne sont regroupés dans le tableau N° (annexe N° 05).

L'hypothèse de l'équilibre d'Hardy-Weinberg est acceptée à un niveau de 5%.

En ce qui concerne le système ABO, nous retrouvons les 3 allèles A, B, O avec des fréquences alléliques respectives de 27.2%, 5.4% et 67.4% avec une prédominance de l'allèle O (**Figure N°09**).

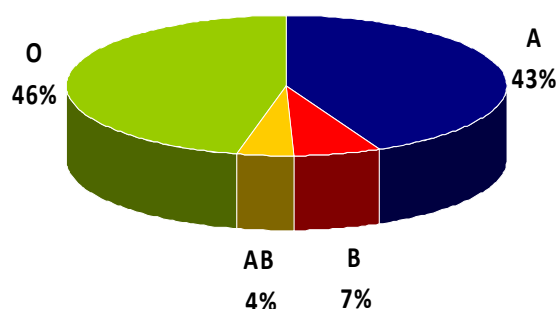


Figure N°09 : Fréquences phénotypiques du système ABO (%)

De même pour le système rhésus avec une forte dominance du phénotype Rh⁺ (91%) au sein de la population étudiée. La détermination des haplotypes du système Rhésus a révélé la présence de 4 haplotypes : cde(r), CDe (R1), cDe (R2), cDE(R0), avec des fréquences respectives, de 34%, 29%, 28% et 9%. L'haplotype cDE est le moins fréquent dans la population de Honaïne (**Figure N°10**).

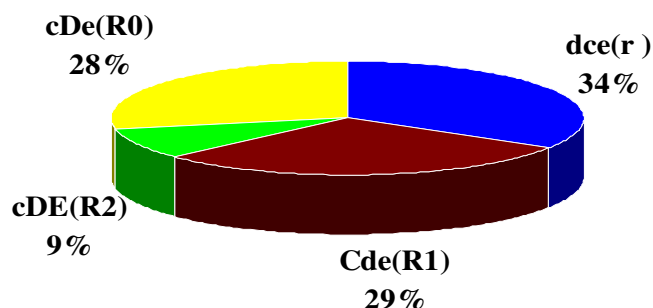


Figure N°10 : Fréquences haplotypiques du système Rhésus (%)

L'utilisation du système MNSs illustre une prédominance des allèles N (67.5%) et s (72.5%) par rapport aux allèles M (32.5%) et S (27.5%). Les haplotypes les plus fréquents sont MNSs*Ns (51.3%) et MNSs*Ms (21.4%), tandis que l'Haplotype MNSs*MS est le moins fréquent (**Figure N°11**).

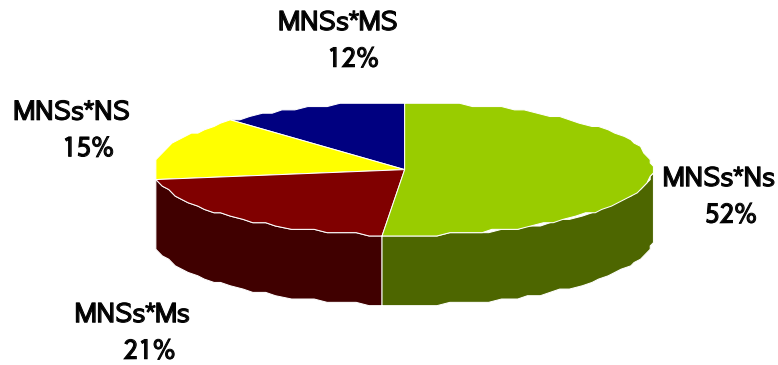


Figure N°11 : Fréquences haplotypiques du système MNSs (%)

En ce qui est du système Duffy, le phénotype le plus fréquent dans cet échantillon de la population de Honaïne est Fy (a-, b-) avec une fréquence de 37.7%.

Quant à l'hétérozygotie, les valeurs calculées par système montrent que le système Duffy est le plus hétérogène ($H=0.66$), alors que le système Rhésus est le moins hétérogène (0.32) (**Figure N°12**).

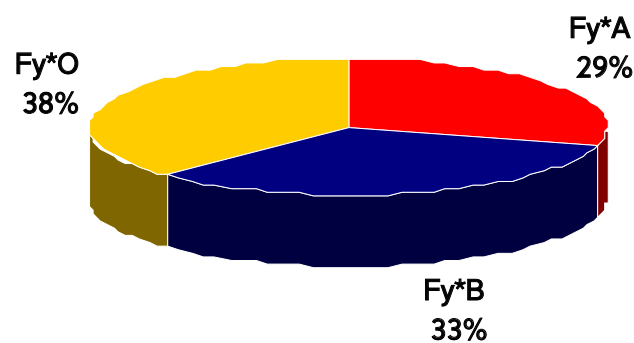


Figure N°12 : Fréquences phénotypiques du système Duffy (%)

1-2- Comparaisons inter populationnelles

Afin de pouvoir situer la population d'Honaïne dans le contexte méditerranéen, nous avons comparé ses distributions de fréquences alléliques et haplotypiques avec celles des populations d'Afrique du Nord, de la rive Nord de la Méditerranée et le moyen orient.

1-2-1- Système ABO

La comparaison des fréquences des trois principaux allèles de ce système sont regroupés dans le tableau N°13.

A l'échelle de l'Afrique du Nord, les résultats de comparaison de la distribution des fréquences montrent un pourcentage des différences non significatives (%DNS) de 25% par-rapport aux populations marocaines. Des différences significatives ont été retrouvées avec les berbères d'Ait-Hdidou, berbères Souss, berbères d'Ouarzazate ainsi que les Arabes méridionaux.

Tableau N°13: Comparaisons de la distribution des fréquences alléliques du système ABO de la population de **Honaïne** avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient

Populations	N	ABO*A	ABO*B	ABO*O	χ^2	Sign.	Références
Afrique du nord							
Honaine	200	0.272	0.054	0.674	-----	-----	Présente étude
Maroc							
Berbères d'Al-Hoceima	110	0.242	0.090	0.668	4.646	N.S	Afkir, 2004
Berbères du Moyen Atlas	140	0.192	0.109	0.699	11.068	*	Harich <i>et al.</i> , 2002
Berbères de Ouarzazate	100	0.204	0.133	0.663	12.899	*	Errahaoui, 2002
Berbères de Sousse	103	0.159	0.097	0.744	11.687	*	Chadli, 2002
Berbères Ait Hdidou	256	0.065	0.044	0.891	76.004	***	Johnson <i>et al.</i> , 1963
Arabes du Béni Mellal	131	0.218	0.074	0.708	2.913	N.S	Ossmani, 2002
Arabes Méridionaux	101	0.173	0.148	0.679	9.719	**	Kandil, 1999
Moulay Driss	100	0.247	0.117	0.636	7.105	*	Mechali, 1957
Algérie							
Oran	15895	0.212	0.105	0.682	16.299	***	Auzas, 1957
Alger	214	0.225	0.119	0.656	11.700	**	Ruffie <i>et al.</i> , 1962
Berbères Tlemcen	245	0.182	0.099	0.719	14.356	**	Ruffie <i>et al.</i> , 1962
Berbères Tizi Ouzou	254	0.170	0.149	0.681	29.671	***	Ruffie <i>et al.</i> , 1966 ⁽¹⁾
Tunisie Galla la Sud	120	0.330	0.050	0.620	3.405	N.S	Chaabani <i>et al.</i> , 1988
Tunisie Montagnes Centre	203	0.190	0.078	0.732	8.614	*	Chaabani <i>et al.</i> , 1984
Libye	168	0.225	0.132	0.643	11.421	*	Walter <i>et al.</i> , 1975 ⁽¹⁾
Egypte Sinaï	297	0.152	0.147	0.701	35.935	****	Bonne <i>et al.</i> , 1971
Egypte Caire	516	0.269	0.211	0.520	54.231	****	Matta, 1937
Egypte sud	208	0.222	0.104	0.674	8.172	N.S	Azim <i>et al.</i> , 1974 ⁽¹⁾
Moyen orient							
Liban	2259	0.296	0.106	0.598	13.676	***	Ruffié et Taleb, 1965 ⁽¹⁾
Koweït	162	0.173	0.127	0.700	18.502	***	Sawhney <i>et al.</i> , 1984 ⁽¹⁾
Jordanie	188	0.180	0.128	0.692	18.558	***	Saha <i>et al.</i> , 1986 ⁽¹⁾
Iraq	2156	0.230	0.156	0.604	31.211	***	Al Khafaji <i>et al.</i> , 1976 ⁽¹⁾
Arabie saoudite tribus Ouest	210	0.162	0.126	0.712	28.364	***	Saha <i>et al.</i> , 1980 ⁽¹⁾
Arabie saoudite tribus Est	465	0.120	0.150	0.730	61.075	***	Maranjian <i>et al.</i> , 1966 ⁽¹⁾
Yémen	164	0.164	0.075	0.761	12.540	***	Tills <i>et al.</i> , 1983

(Suite de tableau N°13)

Nord de la Méditerranée							
Tenerife	634	0.272	0.064	0.664	0.443	NS	Moral. 1986
Centre d'Espagne	226	0.272	0.115	0.613	10.086	**	Mesa et al., 1994 ⁽¹⁾
Andalousie	850	0.295	0.066	0.639	1.808	NS	Planas et al., 1966 ⁽¹⁾
Catalogne	279	0.334	0.065	0.601	5.204	NS	Moreno et moral., 1983
Basques	586	0.230	0.023	0.747	14.067	***	Manzano et al., 1996 ⁽¹⁾
Portugal (Terra de Bouro)	118	0.360	0.052	0.588	5.496	NS	Cruz et al., 1973 ⁽¹⁾
France Sud	968	0.275	0.053	0.672	0.031	NS	Kherummian, 1961 ⁽¹⁾
France Corse	616	0.239	0.041	0.720	3.513	NS	Memmi, 1999 ⁽¹⁾
Italie Lazio Centre	23123	0.237	0.079	0.648	9.793	**	Piazza et al., 1989
Italie Sud	4184	0.216	0.088	0.696	10.626	**	Piazza et al., 1989
Italie Sicile	227	0.218	0.125	0.657	14.140	***	Vona et al., 1998 ⁽¹⁾
Italie Sardaigne	109	0.210	0.076	0.714	3.645	NS	Moral et al., 1994
Grèce (Continental)	114	0.214	0.092	0.694	4.903	NS	Tsiakalos et al., 1980 ⁽¹⁾
Grèce (Plati)	1038	0.321	0.072	0.607	6.381	NS	Tills et al., 1983
Grèce (Crète)	901	0.363	0.146	0.491	49.746	***	Barnicot et al., 1965 ⁽¹⁾
Malte	119	0.257	0.052	0.691	0.249	NS	Ikin., 1963 ⁽¹⁾
Chypre	21311	0.300	0.091	0.609	19.499	***	Poumpouridou et al., 1995 ⁽¹⁾
Turquie (centre)	876	0.288	0.132	0.580	21.569	***	Aksoy et al., 1958 ⁽¹⁾
Turquie (Rive Méditerranée)	506	0.198	0.132	0.670	22.904	***	Aksoy et al., 1958 ⁽¹⁾
NS: (non significatif) $p \geq 0.05$; * : $p \leq 0.05$: significatif ; ** : $p \leq 0.01$: très significatif ; *** : $p \leq 0.001$: hautement significatif							

Sign. : Signification du χ^2
⁽¹⁾: cité dans HARICH, 2002

Le tableau N°13 montre que les fréquences de l'allèle ABO*A dans notre population restent nettement supérieures par rapport aux valeurs enregistrées au Maroc où l'intervalle de variation est de (0.065-0.247) par contre les fréquences des allèles ABO*B et ABO*O s'insèrent dans l'intervalle de variation du Maroc ABO*B (0.044-0.148) et ABO*O (0.636- 0.891).

Des différences significatives sont enregistrées entre les quatre populations algériennes étudiées ainsi que l'Égypte (Caire et Sinaï Sud), où la fréquence de l'allèle ABO* A enregistre le maximum.

La comparaison avec les populations du Moyen Orient, montre des différences hautement significatives avec toutes ses populations, dues à la fréquence de l'allèle ABO*B de notre échantillon qui reste parmi les valeurs les plus faibles, dans l'intervalle de variation du Moyen-Orient ABO*B (0.075-0.165).

Vis-à-vis du Nord de la Méditerranée, les comparaisons révèlent plus de différences non significatives que de différences significatives avec un pourcentage DNS de 52%.

Les fréquences alléliques ABO*A, ABO*B et ABO*O de la population de Honâine s'insèrent dans l'intervalle de variation de ces derniers en Nord de la Méditerranée ABO*A (0.198-0.363), ABO*B (0.023-0.146) et ABO*O (0.491-0.747). Il semble que ces différences dépendent essentiellement des fréquences des allèles A et O.

Nous pouvons dire que l'allèle ABO*A (27.2%) s'insère dans l'intervalle de variation du Nord de la Méditerranée (19.8%-36.3%) et reste parmi les valeurs maximales enregistrées dans les populations algériennes étudiées (17%-21.2%) et au Moyen Orient (12%-29.6%).

La fréquence de l'allèle ABO*B (5.4%) se situe parmi les valeurs intermédiaires notées au Nord de la Méditerranée (2.3%-13.2%) et en Afrique du Nord (4.4%-21.1%) et reste parmi les valeurs minimales enregistrées au Moyen Orient.

Celle du ABO*O, s'insère dans l'intervalle de variation des trois régions étudiées.

Les fréquences de cet allèle présentent une certaine homogénéité car c'est le plus fréquent chez toutes les populations.

1-2-2- Le système Rhésus

Les résultats de comparaisons de la distribution des fréquences haplotypiques du système Rhésus avec les différentes populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient montrent que le pourcentage DNS est de 25% avec les populations marocaines, où des différences non significatives sont enregistrées avec les berbères d'Ait Hdidou et ceux du Moyen Atlas (**Tableau N°14**).

En comparaison avec les populations algériennes, nous notons une différence non significative avec les populations berbères de Tlemcen et celle d'Oran où le pourcentage DNS est de 25%.

En ce qui concerne les populations du Moyen Orient, le pourcentage DNS est de 20% du fait que notre population enregistre des différences hautement significatives avec toutes les populations à l'exception de l'Arabie Saoudite (**Tableau N°14**).

En ce qui en est de la rive Nord de la Méditerranée, les comparaisons révèlent des différences hautement significatives avec toutes les populations européennes.

Ces résultats démontrent la grande hétérogénéité de la distribution des haplotypes du système Rhésus dans le Bassin Méditerranéen.

L'haplotype le plus fréquent dans notre échantillon est cde (34%) ; les comparaisons indiquent que la fréquence de cette haplotype se situe entre les valeurs moyennes enregistrées en Afrique du Nord ainsi que la rive Nord de la Méditerranée et supérieure à la valeur maximale au Moyen Orient.

L'haplotype CDe (29%) se situe parmi les valeurs moyennes à l'échelle de l'Afrique du Nord et reste inférieur à la valeur minimale enregistrée au Nord de la Méditerranée (32.8%-66.5%) et au Moyen Orient (30.5%-51.8%).

L'haplotype cDe marque une fréquence de (28%) ; celle-ci se situe parmi les valeurs les valeurs maximales en Afrique du Nord et reste nettement supérieur à la valeur maximale enregistrée au Moyen Orient ainsi que la rive Nord de la Méditerranée (1.2%-6.7%). Ce qui pourrait faire de cDe un haplotype important pour la discrimination entre les populations des deux rives de la Méditerranée.

L'haplotype cDE (9%) ne présente pas beaucoup de variation par rapport à celles de la plupart des autres populations, du fait qu'il s'insère dans l'intervalle de variation des trois régions étudiées.

Les haplotypes CDE, CdE, Cde et cdE sont absent, de la distribution de notre population comme d'ailleurs dans la majorité des populations des deux rives de la méditerranée (**AFKIR, 2004**).

Tableau N°14 : Comparaison de la distribution des fréquences haplotypiques du système Rhésus de la population de Honaine avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient

	N	CDE	C D e	c D E	c D e	C d E	C d e	c d E	cde	χ^2	Sign.	Références
Afrique du Nord												
Honaine	50	0.000	0,29	0,09	0,28	0.000	0.000	0.000	0,34	-----	-----	Présente Etude
Maroc												
Berbères d'al Hoceima	73	0.000	0.486	0.096	0.216	0.000	0.000	0.000	0.202	11,18	*	Afkir, 2004
Berbères du Moyen Atlas	108	0.052	0.307	0.079	0.223	0.010	0.029	0.017	0.283	12,512	NS	Harich <i>et al.</i> , 2002
Berbères de Ouarzazate	100	0.022	0.168	0.103	0.253	0.000	0.118	0.016	0.320	20.461	*	Errahaoui, 2002
Berbères de souss	86	0.014	0.284	0.075	0.247	0.000	0.116	0.000	0.265	14.406	*	Chadli, 2002
Berbères Ait Hdiddou	256	0.000	0.422	0.080	0.269	0.000	0.008	0.000	0.221	74.865	***	Johnson <i>et al.</i> , 1963
Arabes du Béni Mellal	131	0.000	0.382	0.076	0.225	0.000	0.065	0.073	0.179	15.517	*	Ossmani, 2002
Arabes Méridionaux	101	0.007	0.339	0.124	0.156	0.000	0.069	0.013	0.292	9.636	*	Kandil, 1999
Moulay Driss	100	0.000	0.181	0.134	0.314	0.000	0.044	0.000	0.327	9.507	NS	Mechali, 1957
Algérie												
Oran	88	0.000	0.352	0.114	0.240	0.000	0.018	0.000	0.276	4.028	NS	Aireche <i>et al.</i> , 1988
Alger	315	0.000	0.441	0.098	0.198	0.000	0.012	0.000	0.251	11.380	*	Aireche <i>et al.</i> , 1988
Berbères Tlemcen	137	0.008	0.414	0.065	0.211	0.000	0.023	0.000	0.279	8.875	NS	Aireche <i>et al.</i> , 1988
Berbères Tizi Ouzou	467	0.002	0.434	0.083	0.182	0.000	0.018	0.004	0.277	16.326	*	Aireche <i>et al.</i> , 1988
Tunisie	474	0.000	0.400	0.114	0.151	0.000	0.006	0.007	0.322	13.977	*	Moullec <i>et al.</i> , 1954 ⁽¹⁾
Libye	168	0.000	0.412	0.133	0.110	0.000	0.008	0.008	0.329	20.858	**	Walter <i>et al.</i> , 1975 ⁽¹⁾
Egypte (Sinaï)	297	0.000	0.258	0.114	0.159	0.000	0.003	0.011	0.455	27.390	***	Bonné <i>et al.</i> , 1971 ⁽¹⁾
Moyen Orient												
Liban	2255	0.000	0.518	0.114	0.067	0.000	0.013	0.002	0.268	74.931	***	Ruffié et Taleb, 1965 ⁽¹⁾
Koweït	110	0.022	0.492	0.050	0.088	0.000	0.000	0.023	0.325	30.401	***	Sawhney <i>et al.</i> , 1984 ⁽¹⁾
Jordanie	188	0.012	0.305	0.233	0.128	0.000	0.000	0.000	0.322	21.000	***	Nabulsi <i>et al.</i> , 1997
Arabie saoudite	178	0.000	0.390	0.100	0.226	0.004	0.000	0.025	0.255	8.080	NS	Saha <i>et al.</i> , 1980 ⁽¹⁾
Yémen	254	0.003	0.447	0.140	0.146	0.000	0.007	0.000	0.257	18.699	***	Tills <i>et al.</i> , 1977

(Suite de tableau N°14)

Nord de la Méditerranée												
Espagne												
Menorca	457	0.012	0.476	0.111	0.032	0.000	0.0003	0.003	0.363	107.992	***	Moral, 1986
Alpujarra	163	0.000	0.472	0.138	0.062	0.006	0.000	0.009	0.313	41.499	***	Fernandez et al., 1999
Centre d'Espagne	226	0.000	0.433	0.076	0.048	0.000	0.012	0.007	0.424	55.956	***	Mesa et al., 1994 ⁽¹⁾
Catalogne	282	0.017	0.407	0.142	0.040	0.000	0.005	0.009	0.380	71.556	***	Moreno et moral, 1983
Basques	586	0.039	0.358	0.031	0.012	0.000	0.021	0.005	0.534	224.511	***	Manzano et al., 1996 ⁽¹⁾
Galicie	215	0.015	0.448	0.131	0.032	0.000	0.027	0.005	0.342	73.295	***	Fernandez, 1980 ⁽¹⁾
France												
Sud de France	500	0.002	0.410	0.116	0.067	0.000	0.003	0.007	0.395	53.483	***	Derycke et al., 1965 ⁽¹⁾
Corse	534	0.004	0.469	0.164	0.046	0.000	0.013	0.000	0.304	87.720	***	Memmi, 1999
Italie												
Italie (Nord)	275	0.000	0.434	0.122	0.011	0.000	0.004	0.000	0.429	124.135	***	Piazza et al., 1989
Lazio (Centre)	1032	0.008	0.486	0.120	0.025	0.000	0.014	0.001	0.346	178.254	***	Piazza et al., 1989
Italie (Sud)	368	0.000	0.627	0.108	0.045	0.000	0.000	0.007	0.212	91.000	***	Sangiorgi et al., 1982 ⁽¹⁾
Sicile	101	0.010	0.539	0.109	0.015	0.000	0.016	0.000	0.311	57.803	***	Vona et al., 1998 ⁽¹⁾
Sardaigne	105	0.007	0.665	0.079	0.016	0.000	0.000	0.000	0.233	98.118	***	Vona et al., 1993 ⁽¹⁾
Grèce												
Grèce (Continentale)	114	0.000	0.561	0.101	0.015	0.000	0.014	0.000	0.309	64.706	***	Tsiakalos et al., 1978 ⁽¹⁾
Grèce (Crète)	171	0.000	0.427	0.149	0.073	0.000	0.053	0.000	0.298	38.980	***	Barnicot et al., 1965 ⁽¹⁾
Grèce (Plati)	1038	0.001	0.552	0.113	0.036	0.000	0.020	0.000	0.278	136.177	***	Tills et al., 1983
Malte	119	0.000	0.502	0.151	0.039	0.000	0.000	0.000	0.308	47.051	***	Ikin., 1963 ⁽¹⁾
Chypre	193	0.000	0.511	0.135	0.055	0.000	0.000	0.000	0.299	50.109	***	Plato et al., 1964 ⁽¹⁾
Turquie	108	0.000	0.482	0.171	0.013	0.000	0.014	0.000	0.320	59.878	***	Aksoy et al., 1958 ⁽¹⁾
NS: (non significatif) $p \geq 0.05$;												
* : $p \leq 0.05$: significatif ; ** : $p \leq 0.01$: très significatif ; *** : $p \leq 0.001$: hautement significatif												

Sign. : Signification du χ^2 ⁽¹⁾ : cité dans HARICH, 2002

1-2-3- Le système MNSs

La comparaison réalisée pour la distribution des fréquences des haplotypes du système MNSs chez la population échantillonnée de Honaïne avec les populations du bassin Méditerranéen est groupée dans le tableau N°15.

Nous constatons une grande similitude pour ce système entre la population de Honaïne et les populations algériennes avec un pourcentage DNS de 100% ; nous enregistrons un pourcentage DNS de 33% avec les populations marocaines. En ce qui concerne les autres populations de l'Afrique du Nord à l'exception de la Lybie nous avons retrouvé une différence non significative avec la population d'Egypte.

Par contre, en comparaison avec la population du Moyen Orient, les différences sont hautement significatives. Quant aux populations de la rive Nord de la Méditerranée, le pourcentage DNS est de 42.1%. Il faut signaler que les populations espagnoles représentent 57.1% et les populations italiennes 60%.

Chez la population échantillonnée de Honaïne, l'haplotype le plus fréquent est MNS*Ns (51.3%) cette fréquence n'est comparable à l'échelle de l'Afrique du Nord qu'avec les berbères d'Ait Hdiddou, de Ouarzazate et ceux d'Al Hoceima. En comparaison avec les populations du Moyen Orient cette fréquence reste supérieure à la valeur maximale enregistrée au Koweït (34.5%).

La valeur enregistrée à Honaïne reste supérieure à la valeur maximale reportée sur les populations de la rive Nord de la Méditerranée. Seule la France, la Corse et Malte présentent des fréquences qui se rapprochent de celle de notre population.

La fréquence de l'haplotype MNS*Ms (21.4%) s'insère dans l'intervalle de variation des populations Nord Africaines (17%-48.6%).

Cette valeur reste inférieure à la valeur minimale enregistrée au Moyen Orient (36.7%-57.1%) et au Nord de la Méditerranée (23.2-36.3%).

Tableau N°15 : Comparaison de la distribution des fréquences haplotypiques du système MNSs de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient

POPULATIONS	N	MS	M s	NS	N s	χ^2	Sign.	Références
Afrique du nord								
Honaïne	20	0,121	0,214	0,152	0,513	-----	-----	Présente étude
Maroc								
Berbères d'Al-Hoceima	61	0,191	0,227	0,112	0,470	1,218	N.S	Afkir, 2004
Berbères du Moyen Atlas	140	0,124	0,403	0,200	0,273	10,803	*	Harich et al., 2002
Berbères de Ouarzazate	46	0,171	0,332	0,000	0,497	15,407	**	Errahaoui, 2002
Berbères de souss	93	0,220	0,170	0,325	0,285	11,133	*	Chadli, 2002
Berbères Ait Hiddou	256	0,084	0,192	0,201	0,523	1,426	N.S	Johnson et al., 1963
Arabes Méridionaux	101	0,216	0,486	0,051	0,246	20,393	**	Kandil, 1999
Algérie								
Oran	88	0,218	0,335	0,090	0,357	6,067	N.S	Aireche et al., 1990
Alger	338	0,232	0,280	0,099	0,420	3,454	N.S	Aireche et al., 1990
Tlemcen	136	0,201	0,287	0,073	0,408	5,87	N.S	Aireche et al., 1990
Berbères Tizi Ouzou	467	0,173	0,293	0,103	0,431	2,729	N.S	Aireche et al., 1990
Libye	168	0,276	0,310	0,052	0,362	12,247	**	Walter et al., 1975 ⁽¹⁾
Egypte	144	0,231	0,284	0,068	0,418	6,139	N.S	Donegani et al., 1950 ⁽¹⁾
Moyen Orient								
Koweït	159	0,222	0,381	0,051	0,345	12,842	**	Sawhney et al., 1984 ⁽¹⁾
Jordanie	188	0,332	0,424	0,086	0,158	35,622	***	Nabulsi et al., 1997
Arabie saoudite West	176	0,304	0,571	0,034	0,091	72,623	***	Saha et al., 1980 ⁽¹⁾
Arabie saoudite Est	463	0,256	0,375	0,081	0,289	14,247	**	Maranjian et al., 1966 ⁽¹⁾
Yémen	254	0,363	0,367	0,090	0,180	31,209	***	Tills et al., 1977

(Suite de tableau N°15)

Nord de la Méditerranée								
Espagne								
Alpujarra	157	0.231	0.282	0.135	0.352	5,166	N.S	Ana Fernander <i>et al.</i> , 1999 ⁽¹⁾
Centre d'Espagne	209	0.242	0.323	0.122	0.313	8,415	*	Mesa <i>et al.</i> , 1994 ⁽¹⁾
Catalogne	285	0.256	0.285	0.079	0.380	7,316	N.S	Moreno <i>et al.</i> , 1983
Basques	586	0.275	0.285	0.084	0.356	8,757	*	Manzano <i>et al.</i> , 1996
Galicie	386	0.217	0.283	0.108	0.392	4,279	N.S	Valera <i>et al.</i> , 1996
Portugal	302	0.255	0.299	0.071	0.375	8,506	*	Cunha <i>et al.</i> , 1966 ⁽¹⁾
France (Corse)	132	0.273	0.243	0.079	0.405	6,16	N.S	Ikin, 1963 ⁽¹⁾
Italie								
Italie (nord)	228	0.235	0.324	0.096	0.345	7,5	N.S	Piazza <i>et al.</i> , 1989
Lazio (centre)	309	0.235	0.235	0.302	0.122	6,581	N.S	Piazza <i>et al.</i> , 1989
Italie (sud)	229	0.171	0.375	0.202	0.252	13,374	**	Piazza <i>et al.</i> , 1989
Sicile	734	0.224	0.310	0.120	0.346	6,487	N.S	Piazza <i>et al.</i> , 1989
Sardaigne	103	0.268	0.338	0.151	0.243	13,391	**	Vona <i>et al.</i> , 1993 ⁽¹⁾
Grèce								
Grèce (Continentrale)	114	0.315	0.260	0.078	0.347	9,289	*	Tsiakalos <i>et al.</i> , 1980 ⁽¹⁾
Grèce (crête)	171	0.190	0.363	0.117	0.330	6,964	N.S	Barnicot <i>et al.</i> , 1965 ⁽¹⁾
Grèce (Plati)	1035	0.319	0.231	0.142	0.308	10,607	*	Tills <i>et al.</i> , 1983b
Malte	119	0.268	0.279	0.035	0.418	13,359	**	Ikin, 1963 ⁽¹⁾
Chypre	193	0.270	0.321	0.046	0.363	13,43	**	Plato <i>et al.</i> , ⁽¹⁾ 1964
Turquie								
Turquie (Centre)	876	0.197	0.307	0.191	0.305	8,371	*	Atasoy <i>et al.</i> , 1995 ⁽¹⁾
Turquie (rive Méditer)	506	0.219	0.296	0.178	0.307	8,204	*	Atasoy <i>et al.</i> , 1995 ⁽¹⁾
NS: (non significatif) $p \geq 0.05$; * : $p \leq 0.05$: significatif ; ** : $p \leq 0.01$: très significatif ; *** : $p \leq 0.001$: hautement significatif.								

Sign. : Signification du χ^2 ⁽¹⁾ : cité dans Harich, 2002

En ce qui concerne l'haplotype MNS*MS, sa fréquence dans notre échantillon est de 12.1%, elle se situe entre les valeurs moyennes notées en Afrique du Nord (8.4%-27.6%) mais inférieures à celles du Moyen Orient (22.2%-36.3%). Comparativement au Nord de la Méditerranée (17.1%-31.9%), elle se situe parmi les valeurs les plus faibles.

Concernant l'haplotype MNS*NS (15.2%), nous constatons que les populations berbères (Souss, Ait-Hdidou, Moyen Atlas, El-Hoceima, Tizi Ouzou, Honaïne) enregistrent en Afrique du Nord des fréquences plus élevées comparativement aux populations d'Oran, Tlemcen, Egypte, Berbères de Ouarzazate et les Arabes méridionaux. La fréquence de cette haplotype reste supérieure par rapport à la maximale enregistrée au Moyen Orient (3.4%-9%) et reste parmi les valeurs moyennes reportées dans la rive Nord de la Méditerranée (3.5%-20.2%).

1-2-4- Le système Duffy

Pour ce système nous avons considéré deux types d'analyses, l'une en regroupant les allèles Fyb* et Fyo* parce que ce dernier est quasiment absent en Europe, et l'autre en considérant les trois allèles de ce système. L'introduction des deux populations Africaines (Nigéria et Zaïre) a pour but d'élargir le schéma de distribution des fréquences des allèles de ce dernier. Ces deux populations sub-sahariennes possèdent une fréquence de l'allèle Fy*o voisine de 100% (AFKIR, 2004).

Les résultats de la comparaison des distributions des fréquences des trois allèles, montrent qu'à l'échelle de l'Afrique du Nord le pourcentage DNS est de 33% concernant les populations marocaines avec une différence hautement significative avec les arabes de Béni Mellal (**Tableau N°16**).

Au sein des populations algériennes le %DNS est de 75% à l'exception de la population berbère de Tizi Ouzou où la différence est hautement significative.

Pour le Moyen Orient le %DNS est de 33%, on note des différences hautement significatives avec l'Arabie Saoudite et le Yémen vis à vis du Nord de la Méditerranée les différences sont hautement significatives.

Pour les populations Sub- Sahariennes les différences sont très hautement significatives, ceci est dû à la fréquence très élevé de l'allèle Fy*o.

Les comparaisons des fréquences alléliques Fy*a et Fy *b+o (**Tableau N°17**) montrent qu'à l'échelle de l'Afrique du Nord, le pourcentage DNS est de 100% avec les populations algériennes, Lybie, Egypte et de 51.14% avec les populations

marocaines. Avec les populations du Moyen Orient les comparaisons montrent une différence significative avec le Yémen.

Par rapport à la rive Nord de la Méditerranée, la majorité des populations présente une différence non significative avec un pourcentage DNS de 85% à l'exception de la Grèce et les deux rives de la Turquie.

Tableau N°16 : Comparaison de la distribution des fréquences alléliques du système Duffy de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient

Populations	N	Fy*a	Fy*b	Fy*o	χ^2	Sign.	Références
Afrique du nord							
Honaïne	20	0,293	0,33	0,377	-----	-----	Présente étude
Maroc							
Berbères d'Al-Hoceima	79	0.219	0.456	0.325	2,359	N.S	Afkir, 2004
Berbères du Moyen Atlas	140	0.433	0.386	0.181	8,123	*	Harich <u>et al.</u> , 2002
Berbères de Ouarzazate	100	0.218	0.163	0.619	8,821	*	Errahaoui, 2002
Berbères de souss	93	0.163	0.195	0.642	9,925	**	Chadli, 2002
Arabes du Béni Mellal	101	0.333	0.200	0.467	51,012	***	Kandil, 1999
Arabes Méridionaux	112	0.050	0.083	0.867	3,166	NS	Ossmani, 2002
Algérie							
Oran	87	0.298	0.412	0.290	1,468	N.S	Aireche <u>et al.</u> , 1990
Alger	295	0.269	0.445	0.286	2,381	N.S	Aireche <u>et al.</u> , 1990
Berbères Tlemcen	136	0.321	0.437	0.242	3,439	N.S	Aireche <u>et al.</u> , 1990
Berbères Tizi Ouzou	467	0.340	0.513	0.147	15,678	***	Aireche <u>et al.</u> , 1990
Libye	169	0.390	0.299	0.311	1,317	NS	Walter <u>et al.</u> , 1975
Egypte	200	0.269	0.359	0.372	0,245	NS	Mourant <u>et al.</u> , 1976
Moyen orient							
Jordanie	278	0.330	0.350	0.320	0,514	N.S	Mourant <u>et al.</u> , 1976
Arabie saoudite	243	0.104	0.122	0.774	30,835	***	Marengo Rowe <u>et al.</u> , 1974 ⁽¹⁾
Yémen	236	0.105	0.126	0.769	29,714	***	Mourant <u>et al.</u> , 1976
Nord de la méditerranée							
Espagne							
Alpujarra	142	0.391	0.513	0.096	24,511	***	Fernandez santander <u>et al.</u> , 1999
Centre d'Espagne	296	0.398	0.523	0.079	29,371	***	Mesa <u>et al.</u> , 1994 ⁽¹⁾
Catalogne	125	0.352	0.648	0.000	99,982	***	Aluja <u>et al.</u> , 1988 ⁽¹⁾
Basques	586	0.316	0.598	0.086	38,641	***	Manzano <u>et al.</u> , 1996 ⁽¹⁾
Galicie	169	0.397	0.556	0.047	31,281	***	Valera <u>et al.</u> , 1996 ⁽¹⁾
Portugal	127	0.347	0.547	0.106	20,986	***	Swart et Privilla, 1985 ⁽¹⁾
Afrique sub saharienne							
Nigeria	141	0.000	0.000	1.000	191,086	***	Tills <u>et al.</u> , 1977
Zaïre	93	0.000	0.029	0.971	106,115	***	Govaerts <u>et al.</u> , 1972 ⁽¹⁾
NS: (non significatif) $p \geq 0.05$;							
* : $p \leq 0.05$: significatif ; ** : $p \leq 0.01$: très significatif ; *** : $p \leq 0.001$: hautement significatif							

Sign. : Signification du χ^2 ⁽¹⁾ : cité dans HARICH, 2002

Tableau N°17 : Comparaison de la distribution des fréquences alléliques du système Duffy de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient

Populations	N	Fy*a	Fy*b+o	χ^2	Sign.	Références
Afrique du Nord						
Honaïne	20	0,293	0,707	-----	----	Présente étude
Maroc						
Berbères d'Al-Hoceima	79	0.219	0.781	1,086	N.S	Afkir, 2004
Berbères du Moyen Atlas	140	0.433	0.567	2,516	N.S	Harich <i>et al.</i> , 2002
Berbères de Ouarzazate	100	0.218	0.782	1,193	N.S	Errahaoui, 2002
Berbères de Souss	93	0.163	0.837	4,186	*	Chadli, 2002
Arabes Méridionaux	101	0.333	0.667	0,152	N.S	Kandil, 1999
Arabes du Béni Mellal	112	0.050	0.950	26,86	**	Ossmani, 2002
Algérie						
Oran	87	0.298	0.702	0,002	N.S	Aireche <i>et al.</i> , 1990
Alger	295	0.269	0.731	0,176	N.S	Aireche <i>et al.</i> , 1990
Tlemcen	136	0.321	0.679	0,063	N.S	Aireche <i>et al.</i> , 1990
Berbères tizi Ouzou	467	0.340	0.660	0,28	N.S	Aireche <i>et al.</i> , 1990
Libye (Tripoli+Benghazi)	169	0.390	0.610	1,243	N.S	Walter <i>et al.</i> , 1975 ⁽¹⁾
Egypte	295	0.259	0.741	0,3	N.S	Bonne <i>et al.</i> , 1970
Moyen Orient						
Jordanie	188	0.306	0.694	0,3	N.S	Nabulsi <i>et al.</i> , 1997
Arabie saoudite ouest	208	0.137	0.863	7,548	N.S	Saha <i>et al.</i> , 1980
Yémen	236	0.105	0.895	13,049	***	Mourant <i>et al.</i> , 1976
Nord de la Méditerranée						
Espagne						
Alpujarra	142	0.391	0.609	1,745	N.S	Fernandez santander <i>et al.</i> , 1999
Centre d'Espagne	1988	0.403	0.597	1,229	N.S	Colino, 1978 ⁽¹⁾
Catalogne	125	0.352	0.648	0,413	N.S	Aluja <i>et al.</i> , 1988 ⁽¹⁾
Basques	586	0.351	0.649	0,437	N.S	Manzano <i>et al.</i> , 1996 ⁽¹⁾
Galicie	169	0.397	0.603	1,404	N.S	Valera et Lodereiro, 1980 ⁽¹⁾
Portugal	114	0.415	0.585	1,931	N.S	Cruz <i>et al.</i> , 1973 ⁽¹⁾
France sud	174	0.370	0.630	0,775	N.S	Ruffié, 1958 ⁽¹⁾
France (corse)	132	0.397	0.603	1,401	N.S	Ikin, 1963 ⁽¹⁾
Italie						
Italie (Nord)	320	0.414	0.586	2,029	N.S	Piazza <i>et al.</i> , 1989
Italie (Centre)	450	0.421	0.579	2,312	N.S	Piazza <i>et al.</i> , 1989
Italie (Sud)	640	0.445	0.555	3,323	N.S	Piazza <i>et al.</i> , 1989
Sicile	340	0.403	0.597	1,672	N.S	Piazza <i>et al.</i> , 1989
Sardaigne	566	0.386	0.614	1,21	N.S	Piazza <i>et al.</i> , 1989
Grèce						
Grèce (continentale)	114	0.504	0.496	5,702	*	Tsiakalos <i>et al.</i> , 1980 ⁽¹⁾
Grèce (Crète)	115	0.440	0.560	2,71	N.S	Barnicot <i>et al.</i> , 1965 ⁽¹⁾
Grèce (plati)	1027	0.443	0.557	3,257	N.S	Tills <i>et al.</i> , 1983
Malte	117	0.327	0.673	0,132	N.S	Ikin, 1963 ⁽¹⁾
Chypre	193	0.537	0.563	2,817	N.S	Plato <i>et al.</i> , 1964 ⁽¹⁾
Turquie						
Turquie (Centre)	876	0.478	0.522	4,955	*	Atasoy <i>et al.</i> , 1995 ⁽¹⁾
Turquie (rive mediter)	506	0.492	0.508	5,685	*	Atasoy <i>et al.</i> , 1995 ⁽¹⁾

NS: (non significatif) $p \geq 0.05$; * : $p \leq 0.05$: significatif ; ** : $p \leq 0.01$: très significatif ; *** : $p \leq 0.001$: hautement significatif

1-3- La diversité génétique

1-3-1- Diversité intra-région

Pour chacune des régions considérées dans cette analyse, nous avons calculé le coefficient de diversité F_{st} de WRIGHT (WRIGHT, 1978) à partir des fréquences alléliques et haplotypiques des populations utilisées dans la comparaison inter populationnelle.

Les résultats regroupés sur le tableau N°18 montrent que la signification des valeurs de la diversité intra-région testée par χ^2 dans chacune des régions est très hautement significative.

A l'échelle Nord Africaine, le système ABO est le moins hétérogène (16.10-3), suivi par le système Rhésus (26.10-3) et MNSs (31.10-3) tandis que le système Duffy est le plus hétérogène (99.10-3).

Tableau N°18 : Diversité génétique intra région (coefficient de diversité F_{st} de WRIGHT) pour les groupes sanguins et seuil de signification

Régions Marqueurs	Afrique du Nord	Moyen Orient	Nord de la Méditerranée
ABO	0,018***	0,015***	0,013***
Rhésus	0,028***	0,028***	0,029***
MNSs	0,031***	0,059***	0,011***
Fy (total)	0,088***	0,14***	0,038***
Moyenne	0,043	0,06	0,030

Au Moyen Orient, l'hétérogénéité des quatre systèmes est distribuée de la même manière qu'en Afrique du Nord avec une valeur de la diversité très élevée (14.10-2) pour le système Duffy. Au Nord de la Méditerranée le système Duffy reste le plus hétérogène avec une valeur moindre par rapport au Moyen Orient et l'Afrique du Nord, du fait que la majorité des populations Européenne est dépourvue de cet allèle (CHIARONI, 2003).

Pour l'ensemble des marqueurs, les valeurs de la diversité moyenne indiquent que le Moyen Orient présente la valeur la plus élevée (6.10-2) suivi de l'Afrique du Nord (4,3.10-2) et du Nord de la Méditerranée (3.10-2).

1-3-2 Diversité Totale (F_{PT})

Les résultats de la diversité totale (F_{PT}) et de ses deux composantes intra-région (F_{PR}) et inter-région (F_{RT}) sont groupés dans le tableau N°19.

Les valeurs moyennes, par système montrent que la diversité intra-région est toujours supérieure à la diversité inter-région par allèle ou haplotypes, seul l'haplotype Rh*cDe présente une diversité inter-région supérieur à celle intra-région ; ainsi la diversité entre les populations d'une même région explique la diversité totale.

Tableau N°19 : Diversité génétique intra-inter région et total par allèle ou haplotype et par système des marqueurs des groupes sanguins dans le bassin Méditerranéen

	Allèle ou haplotype	FPR	FRT	FPT
ABO	A	0,014	0,006	0,02
	B	0,012	0,002	0,014
	O	0,017	0	0,017
	Moyenne	0,015	0,003	0,018
48 Populations	CDE	0,018	0,001	0,017
	Cde	0,03	0,011	0,041
	c DE	0,01	0,009	0,018
	cDe	0,015	0,066	0,079
	CdE	0,003	-0,001	0,003
	Cde	0,036	0,004	0,04
	cdE	0,025	0	0,025
	cde	0,024	0,003	0,027
	Moyenne	0,023	0,016	0,039
RHESUS	MS	0,009	0,007	0,016
	Ms	0,018	0,008	0,026
	NS	0,039	0,001	0,039
	Ns	0,023	0,015	0,038
	Moyenne	0,02	0,009	0,029
44 Populations				
MNSs	A	0,038	0,042	0,078
	B	0,059	0,097	0,15
	C	0,174	0,236	0,369
	Moyenne	0,089	0,131	0,208
27 Populations				

a- Système ABO

La diversité intra-région est expliquée par celles des allèles ABO*O, ABO*A et ABO*B. Pour la diversité inter-région c'est l'allèle ABO*A qui intervient le plus.

b- Système Rhésus

Pour ce système la diversité intra-région s'explique essentiellement par les haplotypes Rh*Cde (36.10^{-3}), Rh*CDe (3.10^{-3}), Rh*CdE (3.10^{-3}).

La diversité inter-région est principalement attribuée à l'Haplotypes Rh* (66.10^{-3}).

c- Système MNSs

Les haplotypes MNS*NS (39.10^{-3}) et MNS*Ns (23.10^{-3}) expliquent la diversité intra-région et total.

En revanche l'haplotype MNS*Ms intervient dans la diversité inter-région.

d- Système Duffy

Les diversités intra-région dans le système Duffy sont totales et sont essentiellement liées aux allèles Fy*O et Fy*a. La grande contribution de l'allèle Fy* O est expliquée par les écarts de fréquence qu'il présente entre les deux rives de la Méditerranée.

1-4- Affinités inter populationnelles

La mise en évidence des relations inter populationnelles au sein du bassin Méditerranéen est effectuée par deux types d'analyses :

- Analyse en composante principale.
- Analyse en fonction des distances génétiques schématisées sous forme d'un arbre Neighbor-Joining (**SAITOU et NEI, 1987**).

1-4-1- Analyse en composante principales

L'ACP est réalisé par le logiciel ADE4 (**TOULOUSE et CHESSEL, 2001**).

La représentation graphique des données obtenues par l'ACP à l'échelle de la Méditerranée montrent que les deux axes présentent respectivement 34.67% ,15.50% de la variabilité totale (**Figure N°13**).

Sur le premier axe (F1) 34.67%, s'isolent deux groupes. Le premier groupe est représenté par l'ensemble des populations de la rive Nord de la Méditerranée ainsi que les populations berbères. Le second implique les populations du Moyen Orient et les arabes Méridionaux.

La séparation est, semble t-il, due aux allèles : ABO*A, ABO*B, Rh*cDE, MNS*Ns, MNS*Ms.

Sur le deuxième axe (F2) 15.50%, nous distinguons deux groupes de part et d'autre de l'axe.

- Le premier inclut les populations berbères.
- Le second, regroupe les populations de la rive Nord de la Méditerranée.

Les allèles qui participent le plus dans cette séparation sont essentiellement ABO*A, ABO*B, Rh*CD_e, Rh*cde, Fy (b+o), Fya.

Dans ce contexte la population de Honaine avec les berbères d'el Hoceima occupe une position intermédiaire entre les populations de la rive Nord de la Méditerranée ainsi que les populations berbères (Algérienne et Marocaine « berbères Souss ») dont elle se rattache le plus.

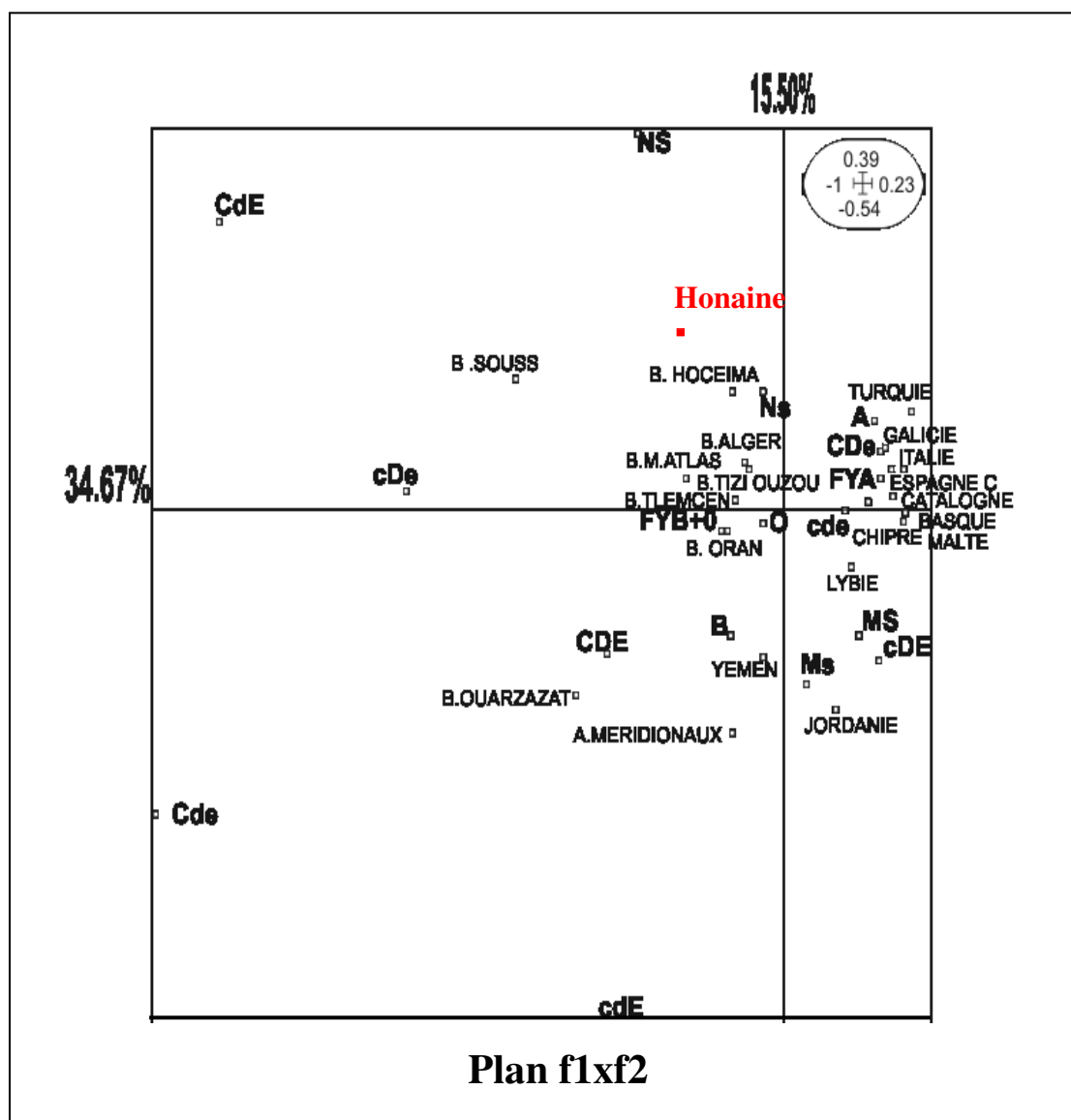


Figure N°13 : Représentation ACP en fonction des groupes sanguins à l'échelle de la Méditerranée

1-4-2- Arbre phylogénétique

Les distances génétiques du Reynolds (**REYNOLDS, 1983**), calculées entre les populations du bassin Méditerranéen en fonction des groupes sanguins sont groupées dans le tableau N°20.

La distance génétique moyenne par région est de 220.10^{-4} avec les populations de l'Afrique du Nord, 391.10^{-4} avec le Moyen Orient et 663.10^{-4} avec le Moyen Orient.

La distance génétique la plus faible est trouvée avec les berbères d'Alger (147.10^{-4}) et la plus élevée avec le Yémen (745.10^{-4}) (**Tableau N°21**).

L'arbre Neighbor-Joining schématisé à partir des distances génétiques, révèle l'existence de deux clusters majeurs (**Figure N°14**).

- Le premier est formé par les populations d'Afrique du Nord.
- Le deuxième est constitué par les populations de la rive Nord de la Méditerranée.

D'après la longueur des ramifications et la position des populations, nous pouvons déduire que le premier cluster est plus hétérogène que le second.

L'interprétation de ces deux clusters montre que chacun d'eux est subdivisé en deux sous cluster, formés par des populations plus affines du point de vue génétique.

Au sein du premier cluster, les berbères d'Afrique du Nord forment un sous cluster et les arabes Méridionaux avec la Jordanie (Moyen Orient) forment un autre sous cluster.

La position de la population de Honaïne, dans le premier sous cluster avec les populations berbères du Maroc et d'Algérie confirme les résultats obtenus par l'ACP.

Tableau N°20 : Distances génétiques ($\times 10^{-4}$) en fonction des groupes sanguins à l'échelle de la Méditerranée

Populations	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
Honaine	185	322	203	364	442	148	147	160	165	293	581	745	377	392	420	312	408	345	454	522
Berbères Al Hoceima		457	348	359	414	140	37	112	120	267	560	431	401	294	536	303	357	199	363	508
Berbère du Moyen Atlas			456	493	148	158	274	207	185	208	253	706	231	326	409	286	235	407	319	263
Berbère de Ouarzazate				459	342	195	258	259	291	387	529	655	545	440	541	518	611	489	640	782
Berbère du Souss					538	315	336	369	413	571	576	429	636	612	659	654	646	633	819	792
Arabes Méridionaux						112	223	182	190	149	99	391	219	271	372	292	240	295	280	339
Oran							45	35	60	102	206	352	210	185	324	212	217	183	245	343
Alger								36	37	122	351	377	228	173	367	184	211	126	225	339
Berbères de Tlemcen									25	87	302	416	199	186	276	189	164	128	208	337
Berbère de Tizi-Ouzou										82	338	515	176	181	316	162	139	136	185	261
Libye											187	517	61	65	204	69	58	78	57	140
Jordanie												360	256	291	390	345	274	344	323	351
Yémen													628	575	660	678	614	473	698	854
Espagne														57	136	53	51	145	80	90
Catalogne															164	22	97	74	79	149
Basques																207	180	228	302	375
Galicie																	58	77	45	83
Italie																		86	58	80
Malte																			87	232
Chypre																				84
Turquie																				

Tableau N°21: Distance génétiques ($\times 10^{-4}$) par ordre décroissant à l'échelle de la méditerranée

Population	Distances
Alger	147
Oran	148
Berbères De Tlemcen	160
Berbère De Tizi-Ouzou	165
Berbères Al Hoceima	185
Berbères de Ouarzazate	203
Libye	293
Galicie	312
Berbère du Moyen Atlas	322
Malte	345
Berbères de Souss	364
Espagne	377
Catalogne	392
Italie	408
Basques	420
Arabes Méridionaux	442
Chypre	454
Turquie	522
Jordanie	581
Yémen	745

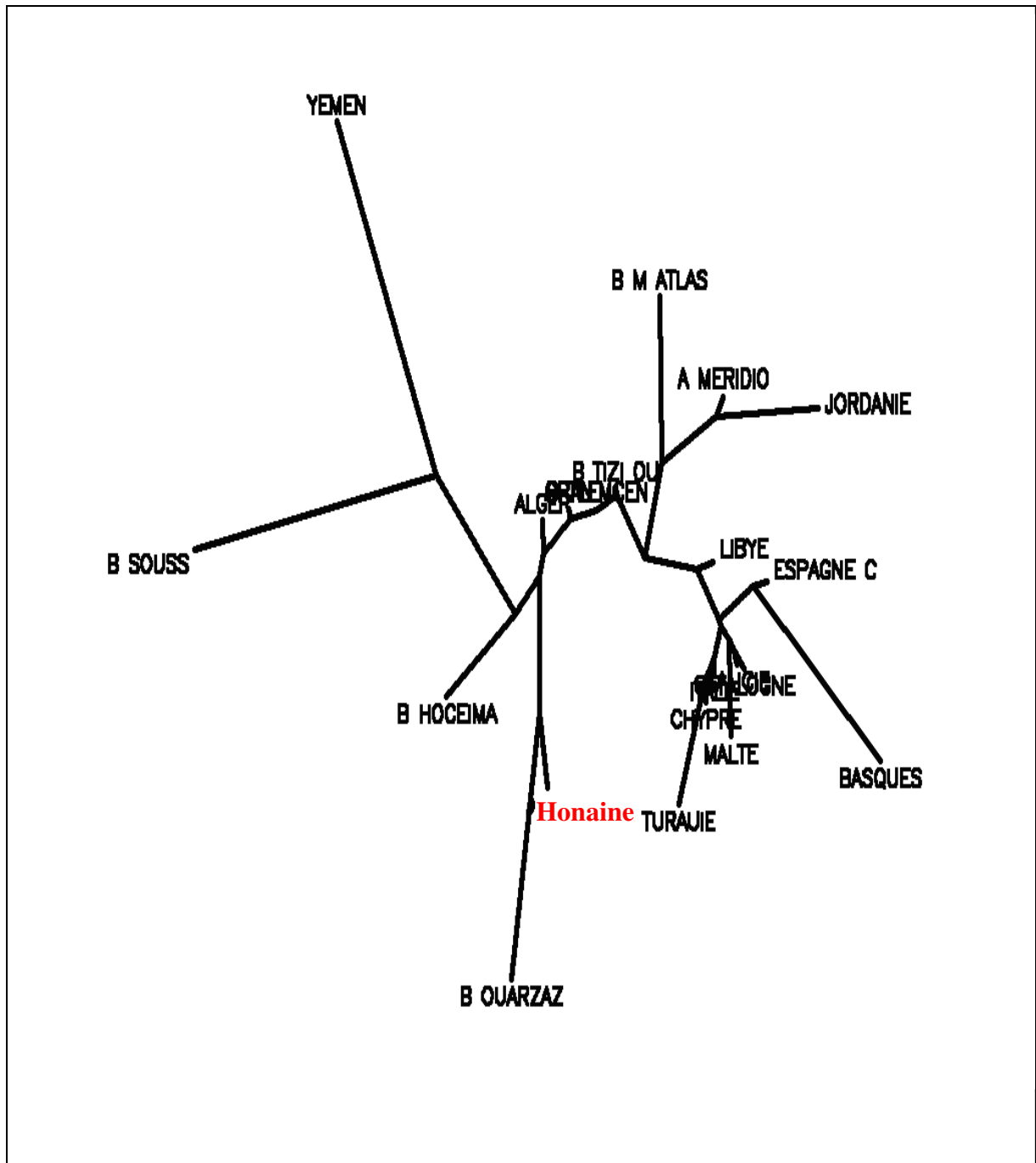


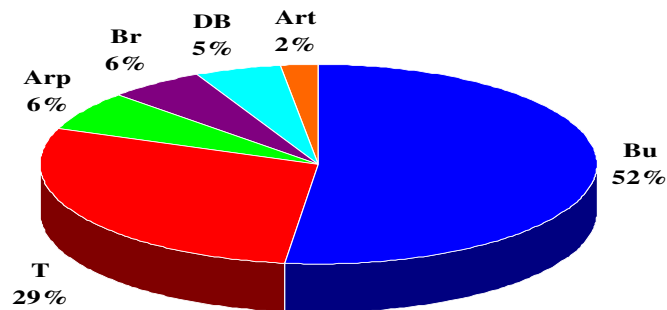
Figure N°14 : Arbre phylogénétique en fonction des groupes sanguins à l'échelle de la Méditerranée

2- Résultats du polymorphisme des dermatoglyphes

2-1- Figures digitales

2-1-1-Fréquences

L'analyse des différents types de figures digitales chez la population de Honaïne, montre que les figures les plus fréquentes pour les deux mains chez l'ensemble de la population sont les boucles ulnaires (52.2%), suivie des tourbillons (29%), des arcs plats (6.3%), des boucles radiales (5.55%), des doubles boucles (5.05%) et enfin les arcs en tente (2.25%) (**Figure N°15**).



T: Tournillons, **Arp**: Arcs plat, **Br**:Boucle radiale, **DB**: Doubles boucles, **Art**: Arcs en tente, **BU**: Boucles ulnaire.

Figure N°15 : Fréquences des figures digitales

Pour les deux sexes les boucles radiales sont plus fréquentes sur la main gauche. Chez le sexe masculin les arcs et les tourbillons sont plus fréquents sur la main droite et les boucles ulnaires sur la main gauche, le contraire se passe chez le sexe féminin (**Tableau N°22**).

Tableau N°22 : Fréquences relatives des figures digitales chez la population de Honaïne

Figures	Sexe	Masculin			Féminin			Les deux sexes		
		D	G	D+G	D	G	D+G	D	G	D+G
Arcs plats		5.6	5.8	5.7	5.6	6.6	6.1	6.4	6.2	6.3
Arcs en tente		2.8	2	2.4	2	2.4	2.2	2.4	2.2	2.25
Total arcs		8.4	7.8	8.1	7.6	9	8.3	8.0	8.4	8.2
Boucles ulnaires		49.6	51.2	50.4	58.4	49.6	54	54.0	50.4	52.2
Boucles radiales		5.2	7.4	6.3	3.2	6.4	4.8	4.2	6.9	5.55
Tourbillons		30.6	28	29.3	26.4	31	28.7	28.5	29.5	29
Doubles boucles		6.2	5.6	29	4.4	4	4.2	5.3	4.8	5.05
Total tourbillons		36.8	33.6	35.2	30.8	35	32.9	33.8	34.3	34.05

Le détail de la distribution des fréquences des figures entre les dix doigts chez les deux sexes, montre que chez les hommes, les boucles ulnaires et les boucles radiales ont la fréquence maximale sur le doigt GV à l'inverse les tourbillons et les arcs ont la fréquence minimale sur ce même doigt.

Sur le doigt DI, nous retrouvons la fréquence la plus élevée des tourbillons et la plus faibles des boucles radiales.

Les boucles ulnaires ont la fréquence la plus faible sur le doigt GIII et la fréquence la plus élevées des arcs sur le doigt GII.

Chez les femmes, les résultats obtenus montrent que les boucles ulnaires fréquentes sur l'ensemble des doigts ont la fréquence maximale sur le doigt DV et ont la fréquence la plus faible sur ce même doigt. Les arcs ont la fréquence maximale sur le doigt GIII et la plus faible sur le doigt le DI. Les boucles radiales ont aussi la fréquence maximale sur le doigt GIII et la plus faible sur le DII (**Tableau N°23**).

Tableau N°23: Fréquences des figures digitales par doigts et par sexe chez la population de Honaïne

Sexe Féminin												
Doigts	I		II		III		IV		V		Total	
	D	G	D	G	D	G	D	G	D	G	D	G
Figures												
Arcs plats	3	4	6	8	7	9	7	5	5	7	28	33
Arcs en tente	0	0	3	2	4	5	2	3	1	2	10	12
Total arcs	3	4	9	10	11	14	9	8	6	9	38	45
Boucles Ulnaires	53	51	60	50	65	46	46	46	68	55	292	248
Boucles Radiales	5	4	2	6	0	8	5	6	4	8	16	32
Tourbillons	32	32	24	29	21	29	34	38	21	27	132	155
Doubles boucles	7	9	5	5	3	3	6	2	1	1	22	20
Total Tourbillons	39	41	29	34	24	32	40	40	22	28	154	175
Sexe masculin												
Doigts	I		II		III		IV		V		Total	
	D	G	D	G	D	G	D	G	D	G	D	G
Figures												
Arcs plats	5	3	7	9	8	10	4	5	4	2	28	29
Arcs en tente	3	1	4	5	3	3	2	1	2	0	14	10
Total arcs	8	4	11	14	11	13	6	6	6	2	42	39
Boucles Ulnaires	46	49	46	47	48	43	51	56	57	61	248	256
Boucles Radiales	1	5	4	9	9	7	5	6	7	10	26	37
Tourbillons	32	33	33	23	29	30	32	28	27	26	153	140
Doubles boucles	13	9	6	7	3	7	6	4	3	1	31	28
Total Tourbillons	45	42	39	30	32	37	38	32	30	27	184	168

2-1-2 Comparaisons bimanuelles

Les comparaisons ont été effectuées par doigts et par mains chez les deux sexes.

Par main, les résultats obtenus montrent qu'il n'y a pas de différence entre les deux mains chez le sexe masculin. Par doigts, nous distinguons une asymétrie pour les boucles ulnaires entre les paires de doigts III. Celles-ci ne pas accentuées les différences entre les deux mains pour ce type de figure.

Chez le sexe féminin, nous observons une différence bilatérale, cette différence est due essentiellement aux boucles ulnaires entre les paires de doigts III (**Tableau N°24**).

2-1-3 Comparaisons sexuelles

L'analyse du dimorphisme sexuel a été réalisée en comparant les fréquences des figures digitales par doigts et par main entre les deux sexes de la population de Honaïne.

Les résultats représentés sur le Tableau N°25, montrent qu'il existe un dimorphisme sexuel pour la main droite en considérant l'ensemble des figures. Ce dimorphisme est surtout dû aux fréquences élevées des tourbillons chez les hommes et aux fréquences élevées des boucles ulnaires chez les femmes. En revanche, la main gauche ne présente pas de dimorphisme sexuel, malgré la fréquence élevée des boucles radiales chez les hommes.

Par paires de doigts et en considérant l'ensemble des figures, des différences significatives ont été trouvées entre les doigts DIII, GIII. Ces résultats peuvent être expliqués par la différence de fréquences des boucles ulnaires et les tourbillons entre les deux sexes.

Tableau N°24: Comparaisons bimanuelles (Droite-Gauche) de la fréquence des figures digitales par doigts et par main chez la population de Honaïne

Sexe masculin						
Figures	DI-GI	DII-GII	DIII-GIII	DIV-GIV	DV-GV	D-G
Arcs	4(NS)	-3(NS)	-2(NS)	0(NS)	4(NS)	3(NS)
Boucles radiales	-5(NS)	-5(NS)	2(NS)	-1(NS)	-3(NS)	-11(NS)
Boucles ulnaires	-3(NS)	-1(NS)	5*	-5(NS)	-4(NS)	-8(NS)
Tourbillons	3(NS)	9(NS)	-5(NS)	6(NS)	3(NS)	16(NS)
X2 (signification)	4.198(NS)	3.468(NS)	12.892**	0.839(NS)	2.823(NS)	2.886(NS)
Ddl	3	3	3	2	3	3
Sexe féminin						
Figures	DI-GI	DII-GII	DIII-GIII	DIV-GIV	DV-GV	D-G
Arcs	-1(NS)	1(NS)	-3(NS)	1(NS)	-3(NS)	-7(NS)
Boucles radiales	1(NS)	-4(NS)	-8(NS)	-1(NS)	-4(NS)	-16(NS)
Boucles ulnaires	2(NS)	10(NS)	19*	0(NS)	13(NS)	44(NS)
Tourbillons	-2(NS)	-5(NS)	-8(NS)	0(NS)	-6(NS)	-21(NS)
χ^2 (signification)	0.342(NS)	3.359(NS)	12.750**	0.150(NS)	4.027(NS)	10.849*
Ddl	3	3	3	1	3	3
NS: (non significatif) $p \geq 0.05$; * : $p \leq 0.05$: significatif ; ** : $p \leq 0.01$: très significatif ; *** : $p \leq 0.001$: hautement significatif.						

Tableau N°25 : Différences sexuelles (Hommes-Femmes) de la fréquence des figures digitales par doigts et par main chez la population de Honaïne

Doigts	I		II		III		IV		V		Total	
	D	G	D	G	D	G	D	G	D	G	D	G
Arcs	5(NS)	0(NS)	2(NS)	4(NS)	0(NS)	-1*	- 3(NS)	-2(NS)	0(NS)	-7(NS)	4(NS)	-6(NS)
Boucles Ulnaires	-7(NS)	-2(NS)	- 14(NS)	- 3(NS)	- 17(NS)	-3(NS)	5(NS)	10(NS)	- 11(NS)	6(NS)	-44(NS)	8(NS)
Boucles Radiales	-4(NS)	1(NS)	2(NS)	3(NS)	9*	-1(NS)	0(NS)	0(NS)	3(NS)	2(NS)	10**	5(NS)
Tourbillons	6(NS)	1(NS)	10(NS)	- 4(NS)	8(NS)	5(NS)	- 2(NS)	-8(NS)	8(NS)	-1(NS)	30**	-7(NS)
χ^2 (Signification)	5.863 (NS)	0.168 (NS)	4.186 (NS)	1.609 (NS)	12.7 **	23.653 ***	0.026 (NS)	0.444 (NS)	3.017 (NS)	5.005 (NS)	8.829 *	1.061 (NS)
Ddl	3	2	3	3	2	3	3	2	2	3	3	3
NS: (non significatif) $p \geq 0.05$; * : $p \leq 0.05$: significatif ; ** : $p \leq 0.01$: très significatif ; *** : $p \leq 0.001$: hautement significatif.												

2-1-4- Comparaisons inter populationnelles

Nous avons effectuée les comparaisons, par sexe aussi bien avec les populations d'Afrique du Nord qu'avec celles du Moyen Orient et de la rive Nord de la Méditerranée.

Chez le sexe masculin de la population de Honaïne, la fréquence des arcs s'insère dans l'intervalle de variation des populations nord africaines mais elle reste supérieure à la valeur maximale aussi bien au Moyen Orient qu'au Nord de la Méditerranée. La fréquence des boucles radiales s'insère dans l'intervalle de variation de la rive Nord de la Méditerranée.

En fin, les fréquences des boucles ulnaires et des tourbillons s'insèrent dans l'intervalle de variation des deux rives de la Méditerranée et restent inférieures à la valeur minimale enregistrée au Moyen Orient.

Pour le sexe féminin, les fréquences respectives des arcs et des boucles radiales s'insèrent dans l'intervalle de variation des populations de la rive Nord de la Méditerranée mais restent supérieure aux valeurs maximales trouvées en Afrique du Nord et au Moyen Orient. La fréquence des tourbillons s'insère dans l'intervalle de variation des populations des deux rives de la Méditerranée. Cependant, la fréquence des boucles ulnaires reste parmi les valeurs les plus faibles enregistrées dans ces deux régions.

Les comparaisons inter populationnelles des fréquences globales confirment le rapprochement de la population de Honaïne des populations de la rive Nord de la Méditerranée (**Tableau N°26**).

Tableau N°26: Variation des fréquences des figures digitales dans la population Méditerranéenne

Figures	Honaïne	Nord d'Afrique	Moyen-Orient	Nord de la Méditerranée
Sexe masculin				
Arcs	8.1	2.3 - 8.8	2.9 - 8.8	1.8 - 7.0
Boucles radiales	6.0	1.6 - 4.3	2.6 - 3.4	3.5 - 5.9
Boucles ulnaires	50.4	51.8 - 58.0	52.3 - 54.5	52.1 - 65.2
Tourbillons	35.2	31.7 - 42.7	39.1 - 41.4	26.9 - 37.8
Sexe féminin				
Arcs	8.3	2.5 - 7.2	5.9	2.1 - 8.7
Boucles radiales	4.8	1.2 - 3.4	3.3	2.6 - 4.6
Boucles ulnaires	54.0	56.3 - 64.8	54.4	55.1 - 65.9
Tourbillons	30.8	27.7 - 36.0	36.4	21.1 - 38.0

Les comparaisons Chez le sexe masculin de la population de Honaïne révèlent un pourcentage de différence non significative (% DNS) de 35.7% dans le contexte nord Africain. Les différences significatives retrouvées avec cette région semblent être dues aux fréquences élevées des boucles radiales et aux faibles tourbillons dans notre échantillon.

Avec les populations du Moyen Orient, le %DNS est nul. En effet, les comparaisons ont révélé des différences hautement significatives avec les populations du Moyen Orient, qui peuvent être rattachées aux différences des figures digitales.

En ce qui concerne le Nord de la Méditerranée, les comparaisons démontrent un pourcentage DNS de 66.66% (**Tableau N°27**).

Pour l'échantillon de sexe Féminin, nous retrouvons plus de différences non significatives que de différences significatives par rapport aux populations nord africaines, en comparaison avec les hommes. Ce résultat montre une grande homogénéité de la population féminine par-rapport à la population masculine.

Quant au Moyen Orient nous remarquons une différence non significative avec le Liban.

Les comparaisons avec le Nord de la Méditerranée révèlent plus de différences non significatives chez les femmes par rapport aux hommes, le %DNS est de 86.66%. Les différences significatives sont surtout dues aux fréquences élevées des tourbillons et des boucles ulnaires chez les européens (**Tableau N°28**).

Tableau N°27: Comparaison inter populationnelle des fréquences globales des figures digitales chez les hommes de Honaïne

Populations	N	A %	BR %	BU %	T %	χ^2	Sign.	Références
Afrique du Nord								
Honaïne	100	8,1	6,0	50,4	35,2	-----	-----	Présente étude
Maroc								
Berbères d'Al Hoceïma	110	4,1	3,2	56,4	36,3	5,839	NS	Afkir, 2004
Berbères Moyen Atlas	120	5,3	3,2	53,9	37,6	3,805	NS	Harich <i>et al.</i> , 2002
Berbères de Ouarzazate	108	2,3	3,2	51,8	42,7	10,518	*	Errahaoui, 2002
Berbères de Souss Haha	94	5,8	2,7	59,9	31,7	5,621	NS	Chadli, 2002
Arabes Méridionaux	105	8,8	2,5	55,8	32,9	4,662	NS	Kandil <i>et al.</i> , 1998
Arabes de Béni Mellal	93	5,4	1,6	52,2	40,9	7,464	*	Ossmani, 2002
Algérie								
Kabyles	1408	4,2	3	56,1	36,7	14,48	***	Chamla, 1961
Total Algérie	2336	3,9	3	56,3	36,8	16,762	***	Chamla, 1961
Algérie Nomades	114	4,3	3	56,6	36,1	5,733	NS	Chamla, 1961
Algérie Orientaux	310	3,6	2,9	55,5	38	12,714	***	Chamla, 1961
Algérie Cent Occident	340	3,2	3,5	55	38	12,307	***	Chamla, 1961
Libye Berbères	250	3,3	4,3	52,5	39,9	9,416	*	Falco, 1917
Libye Arabes	250	3,8	3,3	54,4	38,5	9,644	*	Falco, 1917
Tunisie	1852	4,6	2,7	54,6	38,1	15,162	***	Chamla, 1973
Moyen Orient								
Syrie	231	3,8	2,6	54,5	39,1	11,391	***	Shanklin <i>et al.</i> , 1937 ⁽¹⁾
Liban	240	2,9	3,4	52,3	41,4	13,165	***	Naffah, 1974

(Suite de tableau N°27)

Nord de Méditerranée								
Espagne Galacie	100	3,3	5,2	57,5	34	4,849	NS	Oyhenart, 1983
Espagne Delta EBRE	141	4,1	5,4	60,4	30,1	5,956	NS	Esteban et Moral, 1992 ⁽¹⁾
Espagne Sierra De Gredos	108	4,2	3,5	58,7	33,6	5,496	NS	Fuster et Cabello, 1983 ⁽¹⁾
Espagne Lacarria	339	5,1	4,8	60,6	29,5	7,159	*	Portabales, 1983
Espagne Murcia	163	5,2	4,6	60,5	29,7	5,604	NS	Esteban et Moral, 1992 ⁽¹⁾
Espagne Valencia	200	5,3	4,5	60,1	30,1	5,837	NS	Sala, 1991
Espagne Catalogne	100	4,9	5,9	61,1	28,1	4,958	NS	Pons, 1952 ⁽¹⁾
Espagne Andalousie	911	4,8	3,8	56,2	35,2	8,005	*	Oyhenart, 1985
Espagne Balears	102	5,5	3,8	56,8	33,9	3,121	*	Moreno et Pons, 1985
Portugal	100	3,6	4,3	65,2	26,9	9,954	*	Cunha et Abreu, 1954 ⁽¹⁾
France	184	3,9	5,3	57	33,8	5,821	NS	Gessain et Gessain, 1956 ⁽¹⁾
Italie Bologne	211	3,9	4,5	59,6	32	8,127	*	Gualdi Russo et al., 1982 ⁽¹⁾
Italie Sardaigne	195	3,2	3,8	61	32	11,867	**	Bozicevic et al., 1993 ⁽¹⁾
Malte	164	3,4	4,1	59,1	33,4	8,609	*	Bozicevic et al., 1993 ⁽¹⁾
Grèce	177	6,1	4,1	52,1	37,7	2,173	NS	Bozicevic et al., 1993 ⁽¹⁾
Chypre	79	1,8	4,2	52,2	37,8	7,117	NS	Plato, 1970
NS: (non significatif) $p \geq 0.05$; * : $p \leq 0.05$: significatif ; ** : $p \leq 0.01$: très significatif ; *** : $p \leq 0.001$: hautement significatif.								

Sign. : Signification du χ^2 ⁽¹⁾ : cité dans HARICH, 2002

Tableau N°28: Comparaison inter populationnelle des fréquences globales des figures digitales chez les femmes de Honaïne

POPULATION	N	A %	BR %	BU %	T %	χ^2	Sign.	Références
Afrique du Nord								
Honaïne	100	8,3	4,8	54	32,9	-----	----	Présente étude
Maroc								
Berbères d'Al-Hoceima	104	6,5	2,7	60	30,8	2,406	NS	Afkir, 2004
Berbères moyen atlas	103	5,6	3,4	60,9	30,1	2,699	NS	Harich <i>et al.</i> , 2002
Berbères de Ouarzazate	98	6,3	1,9	60	31,8	3,941	NS	Errahaoui, 2002
Berbères de sous haha	108	5,1	2,4	64,8	27,7	6,84	NS	Chadli, 2002
Arabes Méridionaux	99	7,2	2,6	58,2	32	2,216	NS	Kandil <i>et al.</i> , 1998
Arabes de Béni Mellal	94	6,4	2,7	61,6	29,3	3,386	NS	Ossmani, 2002
Tunisie	241	5,8	2,4	58,2	33,6	1,119	NS	Chamla, 1973
Libye	107	2,5	1,2	60,7	35,6	12,662	***	Pons, 1953 ⁽¹⁾
Moyen orient								
Liban	240	5,9	3,3	54,4	36,4	3,023	NS	Naffah, 1974
Nord de la méditerranée								
Espagne Baléares	80	5,6	4,6	59,4	30,4	1,703	NS	Moreno et Pons, 1985
Espagne Andalousie	887	6,8	3,1	59,9	30,2	4,31	NS	Oyhenart, 1985
Espagne sierra de crédos	107	6,7	3,7	55,3	34,3	0,97	NS	Fuster et Cabello, 1985 ⁽¹⁾
Espagne la caria	314	8,3	3,5	64,1	24,1	8,191	*	Portabales, 1983
Espagne catalogne	100	7,7	4,6	61,1	26,6	2,45	NS	Pons, 1952 ⁽¹⁾
Espagne Galicie	100	8	4,4	65,1	22,5	6,09	NS	Oyhenart, 1983
Espagne valencia	200	7	4,5	61,9	26,6	3,875	NS	Sala, 1991
Espagne Murcia	184	8,7	4,3	65,9	21,1	9,783	*	Esteban et Moral, 1993 ⁽¹⁾
Portugal	500	8,6	3,6	63,2	24,4	7,661	NS	Cunha et Abreu, 1954 ⁽¹⁾
France	163	6,9	3,8	61,6	27,7	3,481	NS	Gessain et Gessain, 1956
Italie sardaigne	91	6,5	2,6	60,1	30,8	4,155	NS	Floris et Senna, 1986 ⁽¹⁾
Italie Bologne	209	7	2,7	59,8	30,5	3,761	NS	Gualdi Russo <i>et al.</i> , 1982 ⁽¹⁾
Malte	115	5,2	2,9	62,5	29,4	4,503	NS	Bozicevic <i>et al.</i> , 1993 ⁽¹⁾
Grèce	155	5,6	2,9	55,1	36,4	3,687	NS	Roberts <i>et al.</i> , 1965 ⁽¹⁾
Chypre	41	2,1	2,9	57	38	4,077	NS	Plato, 1970
NS: (non significatif) $p \geq 0.05$; * : $p \leq 0.05$: significatif ; ** : $p \leq 0.01$: très significatif ; *** : $p \leq 0.001$: hautement significatif.								

Sign. : Signification du χ^2 ⁽¹⁾ : cité dans HARICH, 2002

2-2- Analyse en composante principale

2-2-1-Analyse comparative en composante principal sexe féminin

Les inerties des axes 1 et 2 retenues, sont respectivement de 72.45% et 19.29% soit un pourcentage de 91.74% de la variabilité totale.

Sur le premier axe F1 (72.45%), deux groupes s'opposent. Le premier représenté par les populations de la rive Nord - Est de la Méditerranée auxquelles s'ajoutent les arabes Méridionaux et le Liban avec plus de tourbillons, d'arcs et de boucles ulnaires. Le second englobe l'ensemble des populations berbères marocaines et les populations de la rive Nord - Ouest de la Méditerranée avec plus de boucles ulnaires.

Sur le deuxième axe F2 (19.29%), nous avons une séparation entre les populations nord africaine auxquelles s'ajoutent la Grèce, l'Italie et l'Andalousie avec plus de tourbillon ; et la majorité des populations de la rive Nord de la Méditerranée avec plus d'arcs, de boucles radiales et de tourbillons.

Dans ce contexte la population de Honaïne se trouve avec les populations de la rive Nord Est de la Méditerranée et la Tunisie avec plus de tourbillons, d'arcs et de boucles radiales. Cela est un indicateur d'éventuelles affinités génétiques entre ces populations (**Figure N°16**).

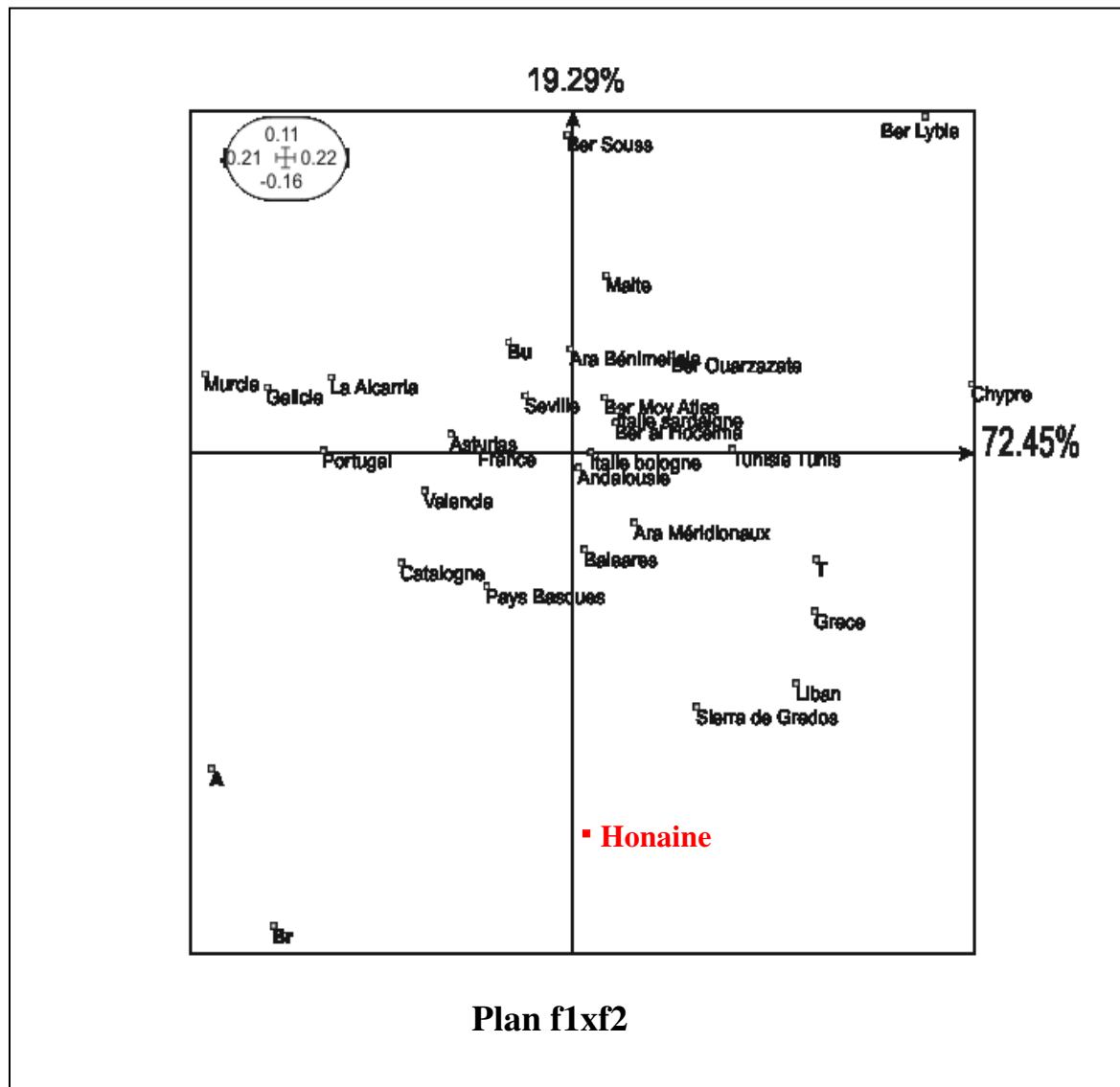


Figure N°16 : Représentation ACP en fonction des dermatoglyphes digitaux sexe Féminin l'échelle de la méditerranée

2-2-2-Analyse comparative en composante principal sexe masculin

L'analyse multi variée nous a permis de projeter deux plans (f1xf2) et (f1xf3), les inerties des axes retenus sont respectivement 56.83%, 29.93% et 16.24%.

Le plan (f1xf2) retient 86.76% de la variabilité totale.

L'axe f1 (56.83%) a fait ressortir deux groupes distincts, les populations de la rive Nord de la Méditerranée avec plus de tourbillons, d'arcs et de boucles radiales ainsi que la majorité des populations nord africaine avec plus de boucles ulnaires.

Sur l'axe f2 (29.93%), une différence entre les populations d'Afrique du Nord auxquelles s'ajoutent la Grèce et Chypre avec plus de tourbillons ; et les populations de la rive Nord de la Méditerranée, arabes méridionaux et les berbères de Sous Haha avec plus d'arcs, de boucles radiales et de boucles ulnaires.

Dans cette concordance la population de Honaïne se regroupe avec les populations de la rive Nord de la Méditerranée et la Tunisie. Cette concordance peut être à l'origine d'une affinité génétique entre ces populations (**Figure N°17**).

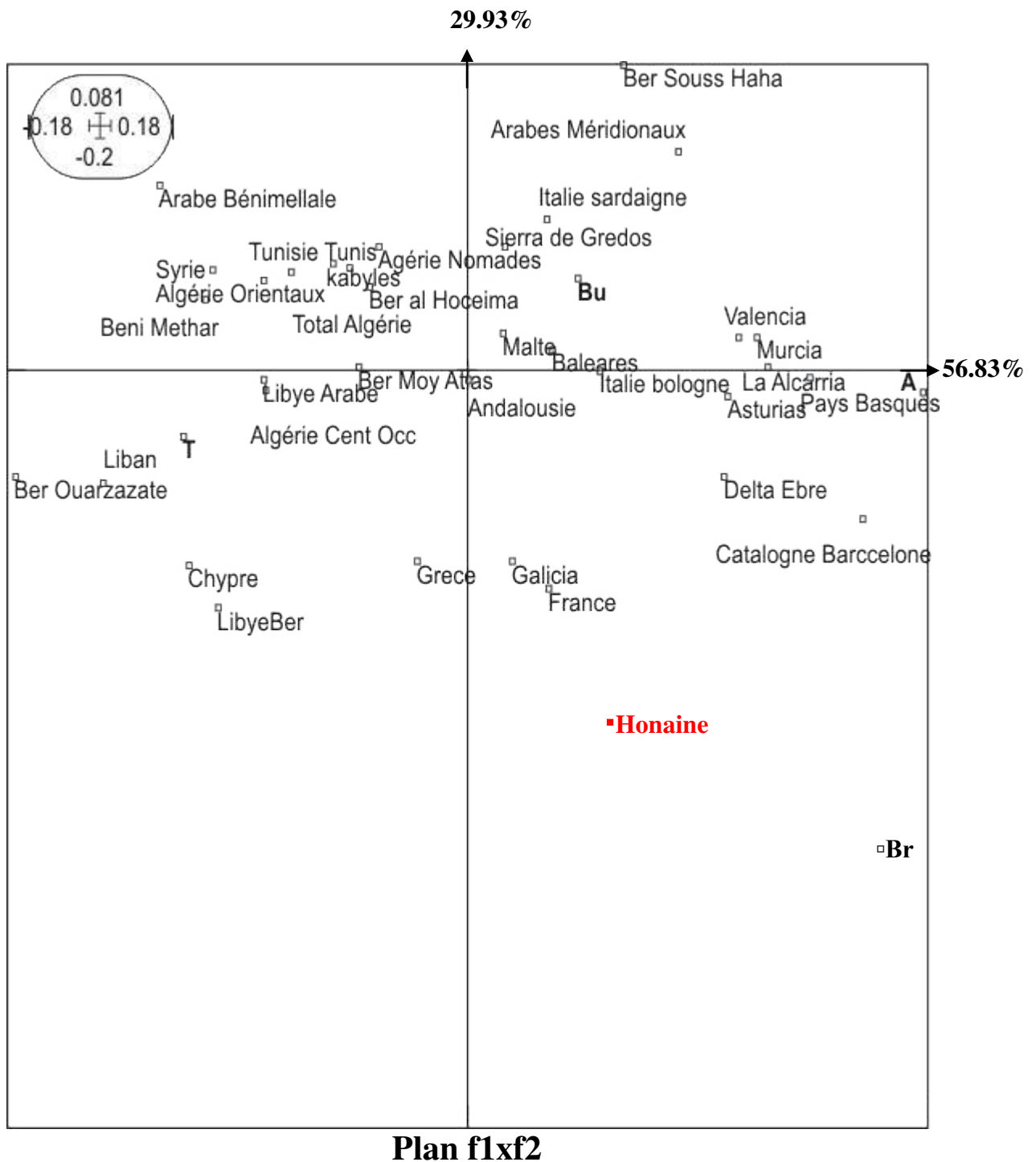


Figure N°17 : Représentation ACP en fonction des dermatoglyphes digitaux sexe Masculin a l'échelle de la méditerranée

3- Consanguinité

3-1-Fréquence de la consanguinité

Les résultats relatifs à la fréquence de la consanguinité dans la population de Honaïne montrent un taux élevé de mariage consanguin. Il est estimé à 29.66% de couples apparentés recensés dans la population étudiée. De même, ces résultats nous révèlent que la fréquence des unions entre cousins du premier degré est plus élevée que celle du deuxième degré (**Tableau N°29**).

Tableau N°29 : Répartition de la consanguinité dans la population de Honaïne

Couples	Localité	Honaïne
		Effectifs
Couples du 1 ^{er} degré	%	19%
	Effectifs	23
Couples du 2 ^{ème} degré	%	11,5%
	Effectifs	139
Couples non consanguin	%	69,5%
	Total	200

Les résultats rassemblés sur le tableau N°29 montrent que les mariages consanguins constituent 30,5% des unions dans la population de Honaïne.

En moyenne, 19% des unions sont contractées entre cousins du premier degré et 11,5% entre cousins du second degré.

Tableau N°30 : fréquence de la consanguinité dans la population de Honaïne comparée à celle d'autres pays

Villes	Fréquences de la consanguinité %
Honaïne (nos résultats)	30,5%
Littoral (AOUAR <u>et al.</u> , 2005)	31,03
Monts de Tlemcen (AOUAR <u>et al.</u> , 2004)	57,55
Hauts plateaux	85,49
Ouest algérien (AOUAR <u>et al.</u> , 2004)	33 (valeur moyenne)
Algérie (FOREM, 2007)	38,5 (valeur moyenne)
Egypte (HAFEZ <u>et al.</u> , 1983)	22
Beyrouth (Liban) (KLAT, 1988)	25
Syrie (PRONTHRO et DIAB, 1974)	33
Jordanie (PRONTHRO et DIAB, 1974)	41
Koweït (ABA-WABI, 1986) ⁽¹⁾	54
Emirats A-U (BENEIP, 2001) ⁽¹⁾	50,5

⁽¹⁾ : Cité dans **AOUAR et al., 2004**

Les résultats obtenus mettent en évidence un taux de consanguinité de 30,5% au sein de la population de Honaïne qui reste légèrement inférieur à la moyenne algérienne qui est de 38,5% (**BENALLEGUE et KEDJ, 1984**).

Cependant, la fréquence de la consanguinité dans notre population est comparable à la moyenne de l'Ouest algérien qui de 33% (**AOUAR et al., 2004**), et à celle du littoral de la wilaya de Tlemcen (31,03%) (**AOUAR et al., 2005**).

Par ailleurs, le taux de consanguinité dans notre population reste nettement inférieur à celui des hauts plateaux de la wilaya de Tlemcen (85,49%), des monts de Tlemcen (57,55%), de la Jordanie, Koweït et Emirats Arabes.

Une préférence pour les mariages consanguins entre cousins du premier degré caractérise les populations des hauts plateaux, des monts et le littoral. Ce type d'union constitue en effet, un trait caractéristique des populations Arabo-musulmanes [(**KLAT, 1986**) ; (**ZLOTOGORA, 1997**)].

3-2- Conséquence de la consanguinité sur la descendance

Nous avons tenté d'évaluer les conséquences de la consanguinité dans notre population à travers trois indicateurs sanitaires :

- L'avortement (mortalité fœtale précoce et intermédiaire) ;
- Mortalité périnatale (mortalité fœtale tardive et mortalité néonatale) ;
- Morbidité.

3-2-1- Effet de la consanguinité sur la mortalité

Tableau N°31 : Taux de mortalité et lien de parenté des conjoints

Enfants issus	Localité	Honaïne	Total des couples
	Couples du 1 ^{er} degré	Effectifs	15
%		45,45	
Couples du 2 ^{er} degré	Effectifs	9	20
	%	27,27	
Couples non consanguins	Effectifs	9	40
	%	27,27	
Total		33	78

Généralement, la consanguinité exerce un effet significativement néfaste ($p < 0,01$) sur la mortalité au sein de la population étudiée.

Les résultats représentés sur le tableau N°31 montrent un taux de mortalité élevé chez les enfants issus de couples consanguins. Ce dernier est de 72,72%, alors qu'il n'est que de 27,27% pour les enfants issus de couples non consanguins.

3-2-2- Effet de la consanguinité sur les avortements

Le tableau N°32 regroupe les résultats relatifs à l'effet de la consanguinité sur l'avortement dans la population étudiée.

Ces résultats mettent en évidence un effet significativement néfaste de la consanguinité sur l'avortement ($P < 0,01$) au sein de la population d'Honaïne. De plus, ils révèlent un taux d'avortement important chez les couples consanguins (79,16%) comparés aux couples non consanguins (20,83%).

Ainsi, si nous tenons compte du degré de répétabilité, la proportion d'avortements est plus importante chez les couples consanguins du premier degré que ceux du second degré (Annexe N° 06).

Tableau N°32 : Taux d'avortement et lien de parenté des conjoints

Localité		Honaïne	Total des couples
Enfants issus			
Couples du 1 ^{er} degré	Effectifs	10	18
	%	41,66	
Couples du 2 ^{er} degré	Effectifs	9	20
	%	37,5	
Couples non consanguins	Effectifs	5	40
	%	20,83	
Total		24	78

3-2-3- Morbidité

Les données recueillies sur les éventuelles relations entre la consanguinité et la morbidité sont regroupées dans le tableau N°33.

Tableau N°33 : Répartition du taux de morbidité en fonction du degré de consanguinité dans la population de Honaïne

Type de maladies	C1		C2		NC		Total	P
	Effectifs	%	Effectifs	%	Effectifs	%		
Diabète	16	18,61	20	23,25	50	58,14	86	P<0,01
Hypertension artérielle (HTA)	21	27,27	14	18,18	42	54,55	77	P<0,01
Asthme	4	21,05	2	10,52	13	68,42	19	P>0,05
Trouble mentaux	3	75	0	0	1	25	4	P>0,05

C1 : Couple Consanguin du 1^{er} degré
 C2 : Couple Consanguin du 2^{ème} degré
 NC : Couple non Consanguin

Le teste d'indépendance (Khi deux) révèle une relation hautement significative entre la consanguinité et la proportion de diabète, d'hypertension artérielle. ces pathologie seraient beaucoup plus fréquentes chez les couples consanguins du premier degré comparés a ceux du second degré.

Par ailleurs, nous observons une indépendance entre la consanguinité et certaines maladies réputées pourtant plus fréquentes chez la descendance apparentée.

4- Discussion

Notre étude révèle un effet significativement néfaste de la consanguinité sur les avortements ($p < 0,01$) et sur la mortalité ($p < 0,01$).

Il est connu depuis longtemps que la consanguinité augmente le degré d'homozygotie et favorise l'apparition de gènes délétères dans le pool génétique de la population [(BIEMONT, 1979) ; (KLAT, 1986) ; (SLIGNAC et al., 1995) ; (BENER et al., 2001)].

La plupart des études réalisées pour estimer les effets biologiques de la consanguinité s'accordent sur le fait que la proportion d'avortement chez les consanguins est beaucoup plus élevée, particulièrement dans les familles où la consanguinité se perpétue pendant plusieurs générations, à cause de l'effet de l'homozygotie croissante sur le développement du fœtus [(HUSSAIN, 1998) ; (BENER et al., 2001)].

La plupart des auteurs qui ont étudié la mortalité prénatale et post-natale dont VERNA (1992) ; EDMOND et al. (1993) et SAHA et al. (1990), s'accordent sur le fait que la consanguinité augmente inéluctablement le taux de mortalité [HUSSAIN, 1998) ; (YAQOOB et al., 2001)].

Les auteurs interprètent généralement cette absence d'effet par un mécanisme d'adaptation de la consanguinité par élimination progressive des gènes létaux au fur et à mesure des générations consanguines [(KLAT, 1986) ; (BENER et al., 2001) ; (BITTLES et al., 2001) ; (RITTLER et al., 2001)].

Nos résultats mettent également en évidence une relation hautement significative ($p < 0,01$) entre la consanguinité et certaines maladies telles que le diabète et l'hypertension artérielle.

D'après nos résultats, les consanguins semblent être plus prédisposés au diabète. Ce résultat corrobore celui de BENALLEGUE et KEDJ, (1984) et BITTLES, (2001).

A l'issue de cette étude, nous observons une indépendance entre la consanguinité et certaines maladies réputées pourtant plus fréquentes chez la descendance d'apparentés telles que les troubles mentaux ; ceci peut être lié à un biais d'échantillonnage du fait que les facteurs sociaux empêchent l'enquêté d'avouer.

En effet, la littérature décrit un grand nombre de maladies autosomiques récessives et/ou malformations congénitales rares et spécialement fréquentes chez la descendance consanguine ; ces maladies s'accompagnent généralement de troubles mentaux et handicaps physiques très lourds [(ZLOTOGORA et al., 1997), (VEDANARAYANAN et al., 1998) ; (RITTLER et al., 2001)].

5- Résultats du questionnaire Socio-anthropologique (fiche technique)

L'anthropologie et la démarche anthropologique (l'étude de l'être humain, la réflexion sur l'humain dans sa variété et son unicité) ont un fort potentiel d'utilité et de coopération, dans les interventions de santé, dans le domaine social et celui du travail, par la participation aux efforts de compréhension des processus sociaux et identitaires, des changements familiaux, sociaux et culturels, des relations sociales, du fonctionnement des institutions sociales, politiques, religieuses, de l'évolution ou de la permanence de certaines valeurs fondamentales. Limitant son objet, « le local peut être considéré comme une aire culturelle au sein de laquelle les différents groupes sociaux trouvent leur lieu d'expression (MARGOUM, 2004).

Dans notre étude sur la région de Honâine (Ouest algérien), nous avons analysé les principaux traits qui caractérisent cette société, en se basant sur cinq éléments fondamentaux :

- ✓ Famille ;
- ✓ Habitat ;
- ✓ Origine ethnique, origine linguistique ;
- ✓ Consanguinité ;
- ✓ Tradition.

Pour ce faire, nous avons enquêté auprès des foyers de cette région.

5-1- Habitat, famille

L'habitat de type traditionnel existe aujourd'hui de moins en moins. Cela apparaît clairement dans les réponses consignées (Annexe N° 07, Q1). Sa disparition est inévitable, car les habitants ayant découvert une architecture moderne ne construisent plus selon ce style archaïque. Les observations faites sur le terrain témoignent de l'ampleur de la progression vers la modernité de cadre bâti. Ce choix de modernisme n'est autre qu'un symbole de la promotion sociale et économique que cette population a connue.

Les transformations sociales que la société a subies sont des manifestations dans l'espace. En effet, l'apparition de certaines, voire des milliers de maisons modernes dans le milieu rural, marque la promotion sociale des hommes et symbolise les vertus du changement social.

En effet, la maison d'autrefois construite pour accueillir des familles élargies, a été réduite pour ne recevoir que des familles restreintes. L'émigration, l'exode rural et

l'apparition d'une population néo-citadine constituent des indices du changement social au sein de la famille.

5-2-Origine de la population et de la langue parlée

L'origine de la population de Honaïne n'est pas encore clairement établie. Les réponses recueillis montrent qu'il y a une ambiguïté totale entre la notion d'origine ethnique et d'appartenance linguistique. Ceci laisserait alors supposer que la conquête arabe a été, sur cette population, un phénomène principalement culturel avec l'islamisation et l'arabisation de certains groupes.

Ainsi, 80% des personnes interrogées se considèrent comme des arabes, 15% se considèrent comme des arabo-berbères et seulement 5% se considèrent comme des berbères (Annexe N° 07 Q2).

Toutes ces observations semblent être en accord avec le fait que les berbères actuels portent les traits de la culture arabo-musulmane. Mais qui a su préserver dans une certaine mesure ses originalités culturelles, notamment ses coutumes.

Le parlé dans cette région comme dans le reste du pays est une langue non officielle, non nationale et non étrangère. La proportion de l'arabe parlé est de 70% suivie du 15% pour le langage Dialectal (arabo-français), 15% pour l'arabo-berbère (Annexe N° 07, Q3).

5-3- Traditions culinaires et vestimentaires

Une fois à la recherche d'un passé gastronomique lointain, nous avons noté, que cette région, oscillerait, non pas entre tradition et modernité, mais plutôt vers les capacités économiques, les revenus et le niveau de vie. C'est pour cela que la cuisine traditionnelle à savoir couscous, soupes...etc. restent de rigueur.

Ces paramètres ont défini des traditions qui ont été plus ou moins conservées selon les régions du monde. En effet, les traditions vestimentaires semblent avoir subi de profondes modifications au cours de ces dernières années. Elles ont parfois perduré, sans connaître de bouleversements profonds, jusqu'à nos jours. Les principales tenues traditionnelles de la région de Honaïne citées par les sujets de notre échantillon sont : djellaba pour les hommes et blousa arabe pour les femmes.

Cependant, les jeunes refusent de se plier aux habitudes de leur milieu et adoptent volontairement des coiffures ou des vêtements différents, mais plus adaptés à leur façon de faire et de concevoir leur vie. On s'aperçoit souvent que ce refus des règles crée de nouvelles tendances entre l'ancien, le traditionnel et l'indéniable moderne qui représente 75% (Annexe N° 07, Q4).

5-4- Pratique de la consanguinité

Une préférence pour des mariages entre cousins apparaît clairement dans les réponses des individus interrogés. 77.5% des réponses recueillis étaient « Oui » contre 22.5% des réponses « Non », ce qui indique la forte proportion de ce type de mariage dans cette région (Annexe N° 07, Q5).

Par ailleurs, la proportion dans l'échantillon d'individu conscient des risques de maladies que peut engendrer une telle pratique, il ressort que, 60% de la population questionnée est sans opinion. Les personnes qui ont répondu « Oui », se sont argumentés comme suit : « J'ai entendu ça mais je ne sais pas comment au juste » Ou bien « Pour ne pas hériter des maladies héréditaires ».

En revanche, les personnes qui ont répondu « Non », leurs justificatifs, chez les deux sexes, étaient « c'est une pratique sociale qui date depuis nos arrières grands parents» (Annexe N° 07, Q6).

Les principales maladies citées étaient : Les malformations, les avortements, les retards mentaux et la stérilité. Ces réponses se limitaient surtout à des personnes plus au moins instruites (Annexe N° 07, Q7).

Bien qu'il soit impossible, dans cette étude, de faire la part des influences génétiques et des influences de l'environnement familial. Les pathologies existent en réalité et dans les esprits aussi. La conscience et la mémoire collective retracent et envisagent la part de responsabilité de la consanguinité dans l'apparition de certaines tares familiales.

La consanguinité paraît devoir être envisagée en tant que pratique sociale, qui doit répondre à des mesures préventives (diagnostic prénatal) lorsque cela est nécessaire.

5- 5- La médecine traditionnelle

Actuellement, la médecine traditionnelle se modernise et nos thérapeutes pourraient être simplement appelés phytothérapeutes c'est pour cela que la population de la région a recourt à la médecine traditionnelle en première intention. En seconde intention le somatique sera laissé aux soins de la médecine moderne. L'aspect mystique sera confié aux mains de personnes initiées ou enfin à la baraka des marabouts (Annexe N° 07, Q8).

5-6-L'artisanat

L'artisanat se meurt dans cette région. Les artisans ont été de ce fait touchés de plein fouet par la crise économique. De la poterie à la céramique d'art en passant par la confection de chapeaux et d'ustensiles de ménage à base de Doum et l'Halfa tiennent une part importante dans cet artisanat reste modeste aussi en absence du tourisme dans la région (Annexe N° 07, Q9).

Conclusion

Actuellement, la population de Honaïne est marquée par une évolution sociale induite par l'impact des mutations économiques. Cette dernière se caractérise par la continuité de certaines structures sociales qui ont résisté à toutes formes de destruction (invasions, émigrations....) des valeurs sociales locales telle que la solidarité familiale dans les moments les plus difficiles. D'autres ont connu une discontinuité ou ont complètement disparu. Ainsi, l'éclatement des grandes familles et leur nucléarisation en des familles biologiques, la dispersion spatiale de ces familles et la perte du pouvoir patriarcale sont les ébranlements les plus importants que cette société ait connus.

L'instauration du régime communal comme nouveau mode d'organisation a contribué à l'effondrement de certaines structures locales notamment l'organisation tribales et celle de la djemaa.

Par ailleurs, l'ouverture sur le monde extérieur renforce cette promotion sociale qui s'est traduite par un changement de mentalité. Les femmes, autrefois prisonnières dans leurs maisons ont accédé au travail.

La promotion économique et sociale de la région de Honaïne s'est traduite dans l'espace par l'amélioration de l'habitat qui se caractérise par la modernisation de ce dernier qui le différencie de celui de la période précoloniale.

Comme toutes les populations algériennes, la population de Honaïne est marquée par les arts populaires : chants, danse rituelle, proverbe, jeux de carabine Lors de la célébration des noces et des fêtes nationales ou autres. Ces arts représentent la conscience collective des habitants et un symbole de fraternité et d'amour.

Par ailleurs, nous avons pu constater que les mariages sont monogames consanguins en raison de certains facteurs sociaux culturels.

Discussion générale

La caractérisation anthropogénétique de la population de Honaine à travers l'analyse comparative du polymorphisme des groupes sanguins et des dermatoglyphes nous a permis de définir les principales caractéristiques expliquant la position de cette population dans le contexte Nord Africain et Méditerranéen.

S'agissant des dermatoglyphes, les résultats obtenus montrent une prédominance des boucles ulnaires, suivie des tourbillons, arcs et boucles radiales. Ce schéma est en accord avec celui de la majorité des populations humaines (PONS, 1950).

Chez la population de sexe féminin, nous avons observé une grande homogénéité comparativement au sexe masculin. Ce résultat pourrait s'expliquer par une expansion continue des femmes et discontinues des hommes, au cours de la formation des premiers peuplements Nord Africain (CAVALLI-SFOZA *et al.*, 1994).

L'analyse du polymorphisme des groupes sanguins indique que les quatre systèmes (ABO, Rhésus, MNSs et Duffy) sont en équilibre génétique.

La comparaison inter populationnelle de la distribution des fréquences alléliques et haplotypiques ont permis de mettre en évidence les principales caractéristiques de la population de Honaïne, ainsi notre population se caractérise par la fréquence élevée de l'haplotype Rh*cde et de l'allèle Fy*b, et par une faible fréquence de l'haplotype Rh*cDE comparativement aux autres populations Méditerranéennes.

L'analyse de la diversité génétique révèle que les quatre systèmes présentent une diversité intra-région supérieure à la diversité inter-région, ce qui peut être lié aux phénomènes migratoires entre les populations considérées et dont l'impact sera d'autant plus important que la population sera de faible effectif (CHIARONI, 2003).

Les relations inter populationnelles étudiées au moyen de distances génétiques des groupes sanguins montrent les grandes affinités entre la population de Honaïne et les populations Nord Africain en général, Berbère en particulier. De plus, les arbres phylogénétiques et les analyses en composantes principales confirment ce résultat.

L'analyse de la consanguinité montre que ce type de croisement reste une pratique courante dans cette région avec une préférence pour les unions entre cousins du premier degré.

Le taux de consanguinité est de 30,5%. Ce taux reste légèrement inférieur par rapport à la moyenne algérienne qui est de 38,5%.

L'être humain ne peut être défini par sa seule biologie et génétique, il faut l'expliquer également par des critères linguistiques, sociaux culturels. Nous avons voulu aussi montrer dans cette modeste contribution l'évolution de la pensée du social, du vécu

et de l'ancestral qui dessinent, dans la société les contours d'une contrée fidèle à ces concepts religieux, moraux, historique et qui se veut et se meut pour affronter les changements sociaux culturelle.

Dans ce contexte, le village continue à exister entre modernité et tradition, et sa population s'adapte de plus en plus à de nouvelles situations. Nous constatons sans cesse une combinaison, un équilibre entre élément venu du passé et emprunts récents, cela est du, à notre avis, à plusieurs facteurs économiques, politiques, sociales et culturels, qui se sont imbriqués les uns dans les autres pour conduire à cette société de la région de Honaïne à son état actuel.

Conclusion générale

Les résultats concernant l'exploration des quatre systèmes de groupes sanguins érythrocytaires (ABO, Rh, Fy, MNSs), montrent en premier lieu une position intermédiaire de notre population entre les berbères Nord Africains de l'Est et l'Ouest. On parle plus d'une similitude génétique horizontale Est-Ouest.

- Pour le polymorphisme des dermatoglyphes, une similitude génétique avec les populations de la rive Nord de la méditerranée principalement l'Andalousie voir une similitude verticale Nord-Sud. Mais elle garde aussi sa propre identité pour les boucles radiales et les arcs.

- La proximité des populations Arabophones et Berbérophones et aussi un résultat important à souligner, en accord avec la majorité des observations effectuées à l'aide de nombreux autres marqueurs génétiques. Cette proximité indique que contrairement à l'idée reçue d'une islamisation principalement culturelle du Nord de l'Afrique, celle-ci aurait eu aussi un impact génétique important.

- Le taux de consanguinité est de 30,5%. Ce taux reste légèrement inférieur par rapport à la moyenne algérienne qui est de 38,5%.

En effet, il est également important de souligner que l'histoire de quelques gènes ne traduit pas fortement celle d'une population. D'où la nécessité de recouvrir à un grand nombre de gènes variables pour retracer les migrations et mesurer les distances génétiques.

Pour compléter ce travail, et dans la perspective de mieux caractériser notre population nous comptons élargir sa caractérisation par l'application du polymorphisme étudié sur un grand nombre de populations appartenant aux différents groupes linguistiques et de confirmer ses résultats par la prospection d'autre marqueurs classiques (protéine sérique, enzyme érythrocytaire) et moléculaire (AND, chromosome Y, STRs, SNPs...).

Références Bibliographiques

A

ADERSON M.W., BONNE-TAMIR B., CARMELLI D. et THEMPSON E. A., 1979. Linkage analysis and inheritance of arches in a habbanite isolate. *Am. S. Hum. Genet.*, 31 : 620-629.

ADDI L., 1985. De l'Algérie précoloniale à l'Algérie coloniale, « économie et société », ANAL, Alger.

AFKIR A., 2004. Caractérisation anthropologique de la population berbère d'Al Hoceïma « analyse comparative du polymorphisme des dermatoglyphes des groupes sanguins ABO, Rhésus, MNSs et Duffy à l'échelle de la Méditerranée. Diplôme des Etudes Supérieures Approfondies. Univ. Charaïb Doukkali. Faculté des sciences d'El jadida. Maroc.

AÏRECHE H. et BENABAJI M., 1994. Les fréquences géniques dans les systèmes ABO, P et Lutheran en Algérie. *TCB*, 3, 279-289.

AÏRECHE H. et BENABAJI M., 1990. Kidd and MNSs gene frequencies in Algeria. *Gene Geogr.*, 4: 1-8.

AÏRECHE H. et BENABAJI M., 1988. Rh and Duffy gene frequencies in Algeria. *Gene geogr.*, 2: 1-8.

A.N.A.T., Agence National de l'Aménagement du territoire de la wilaya de Tlemcen.

AOUAR A. et BERRAHOUI S., 2002. Genetic characterization by blood groups ABO and Rh in some West Algeria populations. *International Congress of biological and cultural anthropology.* Tunisia.

AOUAR A., BERRAHOUI S., CHALABI F.Z., MOKEDDAM R. et MOUSSOUNI A., 2004. Characterization anthropologic by consanguinity abortion neonatal mortality and morbidity in some Western Algerian populations. *Laboratoire d'anthropologie des religions comparées. Etudes socio-ethnologiques. Travaux de laboratoire de violence et religions.* Tome 1 : 17-31.

AOUAR A., MOUSSOUNI A., MOKEDDAM R., CHALABI F.Z., 2005. Caractérisation anthropogénétique dans les populations du littorale, des Monts de Tlemcen, des hauts plateaux par la consanguinité, mortalité et morbidité. *Travaux de laboratoire de violence et religions.* Tome 3 : 17-22.

AUZAS C., 1957. Les flittas, Etude ethnologique et sérologique. *Bull. et Mem. De la Soc. d'Ant. de Paris*, T8, 10^{ème} série, p : 329-340.

B

- BASSET R., 1901.** Nedroma et les Trara. Le roux, Paris
- BENABADJI M. et CHEMLA M.C.I., 1971.** Les groupes sanguins ABO et Rhésus des Algériens. *Anthrop. (Paris)*, 75 : 427-442.
- BENABADJI M., AÏRECHE H., 1988.** Rh and Duffy gene frequencies in Algeria. *Gene geography*, 2 : 1-8.
- BENALLEGUE A., KEDJ F., 1984.** Consanguinité et santé publiques. Une étude Algérienne. *Archives Françaises de Pédiatrie*, 41 : 435-440.
- BENER A., DENIC S., AL MAZSOUEI M., 2001.** Consanguinity and family history in children with leukemia and lymphomas. *American cancer society*, 92 : 1-6.
- BERNARD J., 1983.** Le sang et l'histoire. Ed. Buchet/ Chastel. Paris.
- BERRAHOUI S., 2003.** Caractérisation génétique dans quelques populations de l'Ouest Algérien par marqueurs sanguin ABO et Rhésus, consanguinité et maladies. Thèse de Magister. Univ. Tlemcen.
- BERQUE J., 1974.** « Qu'est ce qu'une tribu Nord Africaine ? ». SNED-Ducoulot, Alger
- BIEMONT C., 1974.** Influence de la structure génétique d'une population sur sa sensibilité à la consanguinité. *Bulletin biologiques*, 1 : 71-79.
- BIEMONT C., 1979.** Effets de mécanismes de la consanguinité chez *Drosophila melanogaster*. Thèse de doctorat-ès-science. Univ. Lyon.
- BITTLES A.H., 2001.** Consanguinity and its relevance to clinical genetics. *Clin. Genet.*, 60 : 89-98.
- BONNES G., DAVE A., FUGIT G., GADOUD R., JUSSIAN R., NADREAU N., PAPET A. et VALOGNES R., 1986.** Amélioration génétique des animaux d'élevage. Ed. Foucher. Paris. pp 285.
- BONNE B., ASHBEL S., MODAL M., GODBER M.J., MOURANT A. E., TILLS D. et WOODHEAD G., 1970.** The Habbanite isolate genetic markers in the blood. *Human Heredity*, 20 : 609-622.
- BOURDIEU P., 1958.** Sociologie de l'Algérie. (1^{ère} édition 1985). P.U.F.- Q.S.J.

C

- CANAL, 1886.** Monographie de l'arrondissement de Tlemcen. *Blu. Trim. de Gev.* 137, p : 174-179.
- CARRIT B., KEMP T., POULTEI M., 1997.** Evolution of the human Rh (Rhesus) blood group genes: a 50 year old prediction (partially) fulfilled. *Hum. Molec. Genet.*, 6 : 843-50.

- CARTON J.P., 2006.** Biologie moléculaire des groupes sanguins et impact en médecine transfusionnelle. 49^{ème} journées de Biologie clinique.
- CARTRON J.P., 1996.** Vers une approche moléculaire de la structure, du polymorphisme et de la fonction des groupes sanguins. TCB, 3, 181-210.
- CAVALLI-SFORZA L.L., MENOZZI P. et PIAZZA A., 1994.** History and geography of human genes. Princeton University Press.
- CHAABANI H. et COX D.W., 1988.** Genetic characterization and origin of human Tunisian Berbers. Hum. Hered., 38: 308-316.
- CHAABANI H., MARTIN J.P., FRANTS R.R., LEFRANC G., 1984.** Genetic study of Tunisian Berbers II-Alpha-1 antitrypsin (Pi) polymorphism : Report of new allele (PIS berbers). Expl. Clin. Immunogenet., 1: 19-24.
- CHADLI S., 2002.** Contribution à la caractérisation anthropogénétique de la population Berbère de Souss-Haha : analyse du polymorphisme des dermatoglyphes et des systèmes sanguins ABO, Rh, MNSs et Duffy. Mémoire DESA, Univ. Chouaïb Doukkali, El Jadida, Maroc.
- CHAMLA M.C.I., 1973.** Structure anthropologique des Algériens du Nord. L'anthropologie. 77 : 717-754.
- CHAMLA M.C.I., 1961.** Les empreintes digitales de 2336 Algériens musulmans. L'anthropologie. 65 : 444-466.
- CHAMPOD C., EDMOND LOCARD, 1955.** Numerical standard and « probable » identification. J. Forensic identifi. 45 (2) : 136-159.
- CHAUDHURI A., POLYAKOVA J., ZBREZEZNA V., 1993.** Cloning of DNA, which encodes the major subunit of the Duffy group system and the receptor for the *Plasmodium vivax*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 90 : 10793-7.
- CHENOUEFI B.,** Archéologue conservateur du patrimoine archéologique, historique et muséal de Tlemcen.
- CHERIF ZAHAR B., MATTEI M.G., LEVANKIN C. BAILLY P., CARTON J.P. et COLLIN Y., 1991.** Localisation of human Rh blood group gene structure to chromosome 1. p 34. 3-1 p 36. 1 region by in situ hybridation. Hum. Genet., 86 : 398-400.
- CHIARONI J., FERRERA V., DETTORI I., ROUBINET F., 2005.** Groups sanguins érythrocytaires. Red-Cell blood groups. EMC-Hématologie, 2 : 53-112.
- CHIARONI J., 2003.** Etude anthropogénétique de la population comorienne de Marseille. Doctorat de l'université de la Méditerranée. Aix. Marseille II. Faculté de Médecine.

CUMMINS et MIDLO, 1943. Finger Prints, palms and soles. An Introduction to dermatoglyphics. The Blakiston Co., Philadelphia.

CUMMINS et MIDLO, 1961. Finger prints palms and soles. 2^{ème} Ed. New York, Dover publications.

COLLIN Y., CHERIF ZAHAR B., LEVANKIN C., RAYNAL V., VAN HUFFEL V. et CARTON J.P., 1991. Génétic basis of Rh-positive and Rh-negative blood group polymorphism. Blood, 78: 2747-2752.

D

DANIELS G.L., FAAS B.H.W., GREEN C.A., 1998. The Rh VS and V blood group polymorphisms in Africans. A serological and molecular analysis. Transfusion, 38: 951-8

DELCOURT L., 1996. Le diabète et ses complications dans la population Française. Flammarion, 5-9.

DESBROSSE X., 2006. Les empreintes digitales. Revue Francophone des laboratoires, N° 392.

DHINA A., 1985. Le royaum Abdelouwadid (OPU, Alger), p 246-250.

DUGOUJON ,J.M.,LEMAIRE O.,GUITARD,E.,SEVIN A.,LAROUY G.,BAALI A.,SABIR B et CHERKAOUI M 2003.Etude de la diversité des haplotypes des immunoglobulines(système GM et KM) d'une population berbère de la vallée de Tacheddirt (Haut Atlas, Maroc).Comparaison à d'autres population berbères,Africaines et Européennes (soumis aux buletins et mémoires de la société d'Anthropologie Paris)

E

ERRAHAOUI M.I., 2002. Caractérisation anthropogénétique de la population de Ourzazate : analyse comparative du polymorphisme des dermatoglyphes et des groupes sanguins ABO, Rh, MNSs et Duffy à l'échelle Méditerranéen. Mémoire DESA, Univ. Chouaïb Doukkali, El Jadida, Maroc.

EMREY A.E.H., 1986. Abrégés génétiques médicale. Masson, 131-154.

EXCOFFIER L., 1987. Genetic and history of Sub-Saharan Africa. Yeaabook of physical Anthropol., 30 : 151-94.

F

FALCO G., 1971. Sulle figure papillare deipopatrelli dell dita nei libici-Rivista, Anthopologia. 22 : 91-148.

Farhi S., 1992. Migration, Urbanisation et développement local : les cas des Trara dans l'Ouest Algérien. Thèse de Doctorat et géographie. Université de PAU et des Pays de l'Adour.

FELSENSTEINE J., 1989. Phylip phylogeny inference package (version 3.2). Cladistics, 5: 164-166.

FERNANDEZ SANTANDER A., KANDIL M., LUNA F., ESTEBAN E., GIMENEZ F., ZAOU D. et MORAL P., 1999. Genetic relationship between southeastern Spain and Morocco : New data on ABO, RH, MNSs and Duffy polymorphism. American Journal of biology, 11: 745-752.

FISHER R.A., RACE R.R., 1946. Rh gene frequencies in Britain. Nature 157: 48-9.

FISCHER R.A., 1947. Note on the calculation of the frequencies of the Rhesus allelmorph. Ann. Eug., 13: 233-4.

FOREM, 2007. La fondation national pour la promotion de la santé et le développement de la recherche.

FROEHLICH J.W., 1976. The quantitative genetics of fingerprints. In: Gils I., Fridlaender J., Ed. The mesure of man: Methodology in biologocale anthropology landridge press.

G

GAULDI-RUSSO E., ZANNOTI M. et CENNI S., 1982. Digital dermatoglyphics in Italians. Hum. Biol., 54 (2) : 373-386.

GESSAIN M., et GESSAIN R., 1956. les crêtes digitales et palmaires de 346 français. Bulletin et mémoires de la sociétés d'Anthropologie de Paris, 8 : 341-353.

GRIFFITHS A.J.F., MILLER J.H., SUZUKI D.T., LEWONTIN R.C. et GILBERT W.M., 1993. An introduction to genetic analysis (Greemand and Co) : 840.

GRIMAUD J., 1929. Monographie de la commune du Pont de l'Isser ste anonyme de P. Fouque. Oran 1929, p. 48.

GSELL S., 1844. L'histoire de l'Afrique du Nord. Cité dans « Exploration scientifique de l'Algérie pendant les années 1840, 1841, 1842 » Paris. Imprimerie Royale- 1844. Ouvrage publié par ordre du gouvernement. Ed. Sciences Historiques et Géographiques. Tome VI, p : 311-324.

GUTIERREZ A.G., 1971. Les jumaux homozygotes et leur devin papilaire. O.I.P.C. p: 246.

H

HAFEZ M., EI TAHAN M., AWADALLAH M., EI-KHAYAT H., ABDEL-GAFAR A., GHONAIM M., 1983. Consanguineous matings in the Egyptian population. *Journal of Medical Genetis*, 20: 58-60.

HAMBLIN M.T., DI RIENZO A., 2000. Detection of the signature of natural selection in human : evidence from the duffy blood group locus. *Am. J. Hum. Genet*, 66: 1669-79.

HAMBLIN M.T., THOPPSON E., DI RIENZO A., 2002. Complex signatures of natural selection at the Duffy blood group locus. *Am. J. Hum. Genet*, 70: 369-83.

HARICH N., 2002. Caractérisation anthropogénétique de la population Berbères du Moyen Atlas. Thèse d'état. Univ. Choaïb Doukkali. El. Jadida. Maroc.

HARICH N., ESTEBAN E., CHAFIK A., LOPEZ-ALOMAR A., VONA G., MORAL P., 2002. Classical polymorphisms in berbers from Moyen Atlas (Morocco): genetics geography and historial evidence in Mediterranean peoples. *Annals of Human Biology*, 29 (5): 473-487.

HARICH N., ESTEBAN E., CHAFIK A., MORAL P., 2002. dermatoglyphic characterization of berbers from Morroco: qualitative and quantitative digital and palm data. *Ann. Of Hum. Biol.*, 29 (4) 442-456.

HUSSAIN R., 1998. The role of consanguinity and in breeding as a determinant of spontaneous abortion in karache. *Pakistan. Ann. Hum. Genet.*, 62, 147-157.

HUSSAIN R., BITTLES A.H. ET SULLLIVAN S., 2001. Consanguinity and early mortality in muslim populations of India and Pakistan. *Ann. Hum. American Journal of Human Biology*, 13 : 777-787.

HOLT S.B., 1949. A quantitative survey of fingerprints of a small sample of the British population. *Ann. Eugen.*, 14 : 329(Cité par Holt, 1968).

I

IRSHAID N.M., 2001. Correlation between phenotype and genotype in some clinically impotant blood groups systems. *Lund University*, 8-20.

IBN KHALDOUN A., 1956. Histoire de berbères. Trad. de Slane. Paris, 4T.

J

JOHNSON RH., IKIN E.W. et MOURRANT A.E., 1963. Blood groups of the Art-Hdidou berbère of Morroco. *Hum. Biol.*, 35 (4): 514-523.

K

KANDIL M., LUNA F., CHAFIK A., ZAOUI D. et MORAL P., 1998. digital dermatoglyphic patterns of marrocan arabs : relation ships with Mediterranean populations. *Annals of Human Biology*, 25 (4): 319-329.

KANDIL M., 1999. Etude anthropogénétique de la population arabe du Maroc Méridional (Abda, Chaouia, Doukkala et Tabla). Thèse d'état, Univ. Chaouiïb Doukkali, El Jadida, Maroc.

KHALIFA A., 1988. Honaine à travers ses mounuments. Les Actes de l'U.R.A.S. 2^{ème} Ed. p29.

KHURI F.I., 1970. Parallel cousin marriage considered : a middele eaetern that nullifies the effects of marriage on the intensity of family relation ships. Man, 5 (4): 597-618.

KLAT M. ET KHUADR A., 1986. Religious endogamy and consanguinity in marriage petternes in Beirut, Lebanon. Social Biology, 33: 138-145.

L

LAFONTAINE M. ET LEBRUN S., 1985. Immun hématologie Montréal. Décarie. Parie : Maloine.

LANDSTEINER K., 1990. Zur Kenn this der antifermentativen, lytischen und agglutinerenden wirbungendes blut serum und der lymph. Zbl Bakt, 27 : 357-62.

LETHIELLEUX P.J., 1974. Le littorale de l'Oranie occidentale, p : 20.

LEPENDU J., CLAMAGIRANT-MUET C., CARTON J.P., GERARD G., VITRAC D., ORIOL R., 1983. H-Deficient blood group of reunion I pland III. Alpha-2-L-fucosyl transferase activity in oera. Ann. Hum. Genet., 35 (3) : 497-507.

LEVINE P., KATZIN E.M. et BURHHAM L., 1941. Iso immunisation in pregnancy, its possible bearing on the ethiology of erythroblatosis fetalis. J. Am. Ass., 116: 825-827.

LOESCH D., 1971. Genetics of dermatoglyphic patterns of palms. Ann. Hum. Genet., 34 : 277-293.

M

Mac CARTHY, 1956. Algeria Romania, in revue Africaine-T.1, page 168-171.

MALLINSON G., SOO K.S., SCHALL J.J., PISACKA M., ANSTEE D.J., 1995. Mutations in the erythrocyte chemokine receptor (Duffy) gene. The molecular basis of the Fy^a/Fyb, antigene and identification of a deletion in the Duffy gene of an apparently healthy individual with the Fy (a-b) phenotyp. Br. J. Haematol, 90 : 823-9.

MANSUET-LUPO A., ROUGER P., VANHUFFEL V., 2007. Les empreintes génétiques : nouvel outil en médecine légale. Immuno analyse et biologie spécialisée, 22 : 209-214.

MARÇAIS G., 1953. Tlemcen et le commerce Eurafricain au moyen âge, in Eurafrique, Alger.

MARGOUM M., 2004. Etude anthropologique d'un cas « Medrissa Ouest algérien ». colloques du groupement des anthropologistes de langues française (GALF).

MECHALI M.M., LEVEQUE J. et FAUREL P., 1957. Les groupes sanguins ABO et RH des Haratin du Maroc. Bull. et Mem. De la Soc. D'Ant. de Paris. 196-204.

MEMMI M., 1999. Etude anthropogénétique de la population Corse et sa relation avec les populations Euro-méditerranéennes. Thèse. Ph. D. Université Corse-France.

MORAL P. SANDIUMENGE T., VIVES S., ORTEGA F. et FUSTER V., 1986. Human genetic variation in the Siena de Gredos (centre Spain): study several polymorphisms. Annals of Human Biology, 3: 213-221.

MORENO P., PONS J., 1885. Dermatoglifos digitales y palmares en habitantes de Menorca. Act. IV. Cong. Esp. Anthr. Biol. (Barcelona, Espana).

MORENO P., MORAL P., 1983. Distribution de grupos sanguineos y enzimas eritrocitarios en una poblacion de Gerona (Espana). Sep Gracia de Orta. Ser. Anthropobiol. Lisboa, 2 (1-2): 275-282.

MORGAN W.T.J. et WATKINS W.M., 2001. Unravelling the biochemical basis of blood group ABO and Lewis antigenic specificity. Glycoconjugate Journal, 17: 501-530.

MOURO I., COLIN Y., CHERIF ZAHAR B., CARTRON J.P. et LEVANKIN C., 1993. Molecular genetic basis of the human Rhesus blood group system. Nature genetics, 5: 62-65.

MOURANT A.E., KOPEC A.C., DOMANEIWSKA-SOBEZACK, 1976. The distribution of the human blood groups and all her polymorphism. Oxford Blackwell Ed.

N

NABULSI A., CLEVE H. et RODWELD A., 1977. Serological analysis of the Abbad tribe of Jordan. Hum. Biol., 69: 357-373.

NAJMAN A., VERDY E., PATON G., ISNARD P., 1994. Hematology. Précis des maladies du sang. T1 et T2. Ellipes.

NAFFAH J., 1974. Dermatoglyphics and flexion creases in the Lebanese population. Am. J. Phy. Anthrop., 41: 391-410.

O

OLSSON M.L., SMYTHE J., HANSSON C., POOLE J., MALLINSON G., JONES J., AVENT H., DANIELS G., 1998. The phenotype Fy* is associated with a missense mutation in

the Fy^b allele predicting Arg 89 Cys in the Duffy glucoprotein. Br. J. of Haemat., 103: 1184-91.

OLSSON M.L., 1997. Molecular genetic studies of the blood group ABO Locus in man. Lund University. 7-42.

OSSMANI H., 2002. Caractérisation anthropogénétique de la population arabe de Béni Mellal : Etude avec les populations du bassin Méditerranéen. Mémoire DESA, Univ. Chouïb Doukkali, El Jadida, Maroc.

OYHENARD M.F., 1983. Dermathoglifos en Gallegos I. Carcaters de apreciacion cualitativa. Actas III Cong. Antro. Biol. (Santiago de Compostela, Espana).

OYHENARD M.F., 1985. Aproximacion a la descripcion dermatoglifica de los Espanoles del Sud Oeste: Extremenos y Andaluces béticos. Tesis Doctoral, Fac. Biologia, Univ. de Barcelona, Espana.

P

PENROSE L.S., 1969. Effects of additive gene at many loci compared with those of a set of alleles at one locus in parent child and sib correlation. Ann. Hum. Genet. 33 : 15-21.

PDAU, 2005. Plan Directeur d'Aménagement et d'Urbanisme de la commune de Honâine (P.D.A.U : Phase 1).

PIAZZA A., OLIVETTI E., BARBANTI M., REALI G., DOMINIC R., BERCIOLINI P., CAENAZZO L., CORVITO P., BESTITTI A., BONAVITA V., CRINO C., PASCALI V., FIORI A. et BARGAGNA M., 1989. The distribution of some polymorphisms in Italy. Gene Geography, 3 : 69-139.

PICHARD J., 2004. L'empreinte digitale: un moyen simple d'identification. Biom. Hum. et Anthropol., 22 (1-2): 33-40.

PLATO C.C., 1970. Dermatoglyphics and flexion creases de Cypricot. Am. J. Phys. Anthropol., 23 : 421-427.

PLINE et SOLIN 1844. Cité dans « Exploration scientifique de l'Algérie pendant les années 1840, 1841, 1842 » Paris. Imprimerie Royale- 1844. Ouvrage publié par ordre du gouvernement. Ed. Sciences Historiques et Géographiques. Tome VI, p : 311-324.

PONS J., 1953. Impresiones dermatopapilares en varias poblaciones (Bantu de Natal, Berberes de Giado, Caraitas de Polonia y Danada del fezzan). Trad. Instit. Bernardino de Sahagum, Athropologia y Ethnologia, 33 : 413-420.

PORTABALES M.D., 1983. Dermatoglifos en la poblacion de la Alcania (Guadalajara): configuracion es digitales. Bol. De la Soc. Esp. de Anthropologia Biologia, 4: 41-50.

PRONTHRO E.T., DIAB L.N., 1974. Changing family patterns in the arab East. Amer. University of Beirut, p 66, Libanon.

R

RACE R.R. et SANGER R., 1975. Blood in man. 6th Ed. Oxford: Blackwell scientific Publications.

REYNOLS J., WEIR B.S., COCKER C.C., 1983. Estimation of the coancestry coefficient. Basis for a schort-term genetic distance. Genetic distance. Genetic, 105: 767-779.

REVIRON J., REVIRON M., 1984. Les groupes sanguins erythrocytaires humains. Encyclo. Med. Chir. (Paris, France). Sang, 1300 M⁵⁰, 11 : p8.

REYNOLDS J., WEIN B.S. et COCKERHAM C.C., 1983. Coefficient: Basis for a short term genetic distance. Genetic, 105: 767-779.

ROYCHOUDHURY A.K., et NEI M., 1988. Human polymorphism genes world distribution. New York, Oxford University Press.

RITTLER M., LIASCOVICH R., LOPEZ-CAMELO J., CASTILLA E.E., 2001. Parental consanguinity in specific type of congenital anomalies. American Journal of medicinal genetics, 102 : 36-43.

ROUBINET F., JANVIER D., BLANCHER A., 2002. Immuno hematology : A novel cis AB allele derived from a B allele through a simple point mutation. Transfusion, 42: 239-246.

RUFFIE J., 1998. L'hématopologie. Nouvelle encyclopaedia Universalis. 4^{ème} Ed. V. 11.

RUFFIE J., SOURNIA J.C., 1996. La transfusion sanguine. Ed. Fayard, coll. Le temps des sciences, p211.

RUFFIE J., CABANNES R., LARROUY G., 1962. Etude hématologiques des populations berbères de m'Sirda Fouaga (Nor-Ouest Oranais). Bulle et Mein. Soc. D'anthropo. De Paris, 3 : 294-314.

S

SAITOU N. et NEI M., 1987. Human polymorphic genes world distribution. New York, Oxford.

- SAITOU N. et NEI M., 1987.** The Neighbor-Joining method : A new method for reconstructing polylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.*, 4 : 406-425.
- SALA J., 1991.** Análisi dermatoglífica de la poblacion de Valencia. Memoria de Licenciado en Biología. Univ. de Barcelona (España).
- SALMON CH. et GOUDEMANT M., 1980.** Immuno hématologie et immuno génétique. Flammarion Eds., Paris (France).
- SALMON CH., 1995.** Ne cherchez pas votre sosie. Les groupes sanguins, chroniques des années de recherche. Ed. Frison. Roche.
- SANCHEZ-MAZAS A., 2006.** Cours de biologie humaine. Ver. 07-11-2006.
- SANGER R., RACE R.R. et JACK J., 1955.** The Duffy blood groups of New York Negroes : The phenotype Fy (a-b). *Brit. J. Haematol.*, 1 : 370-374.
- SARI D., 1991.** La reconnaissance d'un débouché de l'Or transaharien. Honaïne. Algérie
- SLATIS H.M., BAT-MIRIAM M. et BONNE TAMIR B., 1976.** The inheritance of fingerprints patterns. *Ann. J. Hum. Genet.*, 28 : 280-289.
- SOLIGNAC M., PERIQUET G., ANXOLABEHÈRE D., PETIT C., 1995.** Génétique et évolution 1 : la variation des gènes dans les populations. Collect. Meth. Hermam. Ed. des sciences et des arts, pp 289.
- SOLAL-HANOUN R., AUZAZ W., 1952.** Répartition des groupes sanguins AB O et Rhesus dans la population Oranaise. In Mourant, 1954.
- STRABON, 1844.** Cité dans « Exploration scientifique de l'Algérie pendant les années 1840, 1841, 1842 » Paris. Imprimerie Royale- 1844. Ouvrage publié par ordre du gouvernement. Ed. Sciences Historiques et Géographiques. Tome VI, p : 311-324.
- SUSSANE C., REBATO E., CHIARELLI B., 2001.** Anthropologie biologiques: Evolution et Biologie Humaine. Ed. Dc Boeck.
- I**
- TERZIAN C. et BIEMONT C., 1988.** Les théories de l'effet fondateur, Mayer, et la génétique des populations. *Gén ét. Sel. Evol.*, 20 : 111-122.
- THOMPSON J.S. et THOMPSON M.W., 1978.** Précis de génétique. Médical-Doin. Editeurs, 2^{ème} édition.
- TINTHOIN R., 1960.** Les Trara, étude d'une région Musulmane d'Algérie, bulletin de la société de géographie et d'archéologie de la Province d'Oran T. LXX III.

TILLS D., WARLOW A., MOURRANT A.E., KOPEC A.C., EDHOLM O.G. et GANARD G., 1977. The blood groups and other hereditary blood factors of y Emerrite and Kurdish jews. *Ann. Hum. Biol.*, 4 : 259-274.

TILLS D., KOPEC A.C. et TILLS R.E., 1983. The distribution of human blood groups and other polymorphisms. Supplement 1. Oxford.

TOULOUSE J. et CHASSEL D., 2001. Logiciel de traitement statistique ADE-4. Université Claude Bernard, Lyon.

V

VAN DEN BERGHE P.L., 1983. HGuman inbreeding avordance culture in nature. *The behavioural and brain sciences*, 6 : 91-123.

VERDANARAYANAN V.V., SMITH S., SUBRAMONY S.H., BOCK G. O. et EVAMS O.B., 1998. Lethal neonatal autosomal recessive axonal sensorimotor polyneuropathy. *Muscle Nerve*, 21: 1473-1471.

VOGEL F. et MOTULSKI A., 1982. Humain genetics. Springer Verlag. Berlin.

W

WILAYA DE TLEMCEN, 2007. Monographie de la Wilaya de Tlemcen. Cabinet de la Wilaya de Tlemcen.

WRIGHT S., 1978. Evolution and the genetics of populations Vol. 4. Variability within an among natural populations. Chicago. University of Chicago press.

Y

YAMAMOTO F., CLAUSSEN H., WHITE T., MARKEN J. et HAKAMORI S.I., 1990. Molécular genetic basis of the histo blood group AB O system. *Nature*, 345: 229-233.

YAMAMOTO F., MC NEILL P.S. et HAKAMORI S.I., 1992. Human histo blood group A2 transferase coded by A2 allele, one of the A sub-type, is characterized by a single base deletion in the coding sequence which results in an additional domain at the carb oxyl terminal. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 187 : 366-374.

YAMAMOTO F., 1995. Molécular genetics of the histo blood group system. *Vox Sang.*, 69: 1-7-

YAQOOB M., CNATTINGIUM S., JALIL F., ZAMAN S., LENNART I. et GESTAVSON K-H., 1998. Risk factor of mortality in Young Children living under various social economic condition in Lahore, Pakiston: With particular reference to inbreeding. *Clin. Genet.*, 54 : 426-434.

YOUBI A., Enseignant d'histoire. C.E.M de Honaïne.

Z

ZLOTOGORA J., 1997. Genetic disorders palestinian arabs : 1 : Effect of consanguinity. American Journal of Medicinal genetics, 68: 472-475.

المراجع العربية:

- 1 د. صالح بن قربة . عبد المؤمن بن علي مؤسسة دولة الموحدين - رواية المراكشي-ص24 / المؤسسة الوطنية للكتاب/1991.
- 2 ابن خلكان. (وفيات الأعيان- تحقيق.ع. حاجيات/القاهرة 1948 - ط2-ج2 ص391.
- 3 محمد بن عمر الطمار- تلمسان عبر العصور ص52- المؤسسة الوطنية للكتاب الجزائر 1984.
- 4 ابن أبي زرع . - روض القرطاس - الرباط 1976 ص 123 - المحلل الموشية في ذكرى الأخبار الأندلسية - الرباط 1936 ص79.
- 5 يحيى بوعزيز . طرق القوافل و الأسواق التجارية بالصحراء الكبرى/كلية الثقافة/ عدد 59 (ديسمبر 1980 -ص13-30).
- 6 عبد الله عنان (الموحدون و المرابطون في المغرب و الأندلس)/ قسم (1) - القاهرة 1964 ص 387-408.

Annexes

**Annexe N° 01 :
Formulaire de consentement éclairé aux participants (malades ou non)**

Le protocole est lu et approuvé par le conseil régional de déontologie médical conformément au décret exécutif n° 92-276 du 6 juillet 1992 portant code de déontologie médicale.

Je soussigné.....Code.....Sexe.....Age.....

Atteint de la pathologie.....

Après avoir pris connaissance des objectifs et des méthodologies relatifs au projet intitulés : « Caractérisation anthropologique et génétique de la population de l'Ouest Algérien par marqueurs génétiques, consanguinité et morbidité ».

Sous la responsabilité de Mme AOUAR METRI A, Maitre de conférences au département de Biologie, Faculté des Sciences, Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen, accepte d'y contribuer pleinement, à savoir :

- Donner des échantillons sanguins pour analyse.
- Répondre à l'interrogatoire (questionnaire) proposé par les chercheurs.

Signature du participant

Annexes N° 02 :
Questionnaire : Empreinte digitale

Annexes N° 03 :
Questionnaire individuel

Annexe N° 04 : Fiche technique

1. Vous habitez la région depuis :
 Une génération Deux générations Trois générations
2. Le Type de l'habitat :
 Type moderne Type traditionnel Entre les deux
3. Enumérer le type :
4. Vous vous considérez comme les notables de la région ?
 Oui Non Pourquoi ?
5. Vous vous considérez comme des :
 Arabes Berbères Turques Chalha Autre
6. Est-ce que la notion du chef de la région existe toujours ?
 Oui Non Sans opinion Pourquoi ?.....
7. Si oui, ce qu'il y'a une différence éthique entre les « Flek » ?
 Oui Non Sans opinion Pourquoi ?.....
8. Le parlat, est-il :
 Arabes Berbère Dialectal (arabe-français) Pourquoi ?.....
9. Les plats soit ils :
 Traditionnels Modernes Entre les deux
10. Quels sont les principaux plats connus dans la région ?
11. Vos tenues vestimentaires sont ils :
 Traditionnels Modernes Entre les deux Pourquoi ?.....
12. Quelles sont les principales tenues traditionnelles de la région ?
13. Les mariages sont –ils classiques ou traditionnels ?
14. Qu'est ce que vous préférez ?..... Pourquoi ?.....
15. Les mariages sont-ils
 Monogamiques Migamiques Polygamiques
16. Est- ce que vous avez une préférence (descendance) pour les filles, garçons ?
 Pourquoi ?.....
17. Est-ce qu'il y'a des mariages consanguins ?
 Oui Non Pourquoi ?.....
18. Si oui, sont-ils nombreux ?
19. Pensez vous qu'un mariage avec un apparenté constitue un arrangement avantageux ?
 Oui Non Sans opinion Pourquoi ?.....
20. Pour le maintien de l'héritage, préférez vous marier vos enfants avec :

- | Des cousins paternels | Des cousins maternels | | |
|---|-----------------------|----------------|-----------------|
| 21. Pensez vous que le mariage entre cousins soit préférable au mariage entre non apparentés ? | | | |
| Oui | Non | Sans opinion | Pourquoi ?..... |
| 22. Conseillerez vous à votre fils / fille d'épouser sa cousine/son cousin ? | | | |
| Oui | Non | Sans opinion | Pourquoi ?..... |
| 23. Pensez vous que le fait d'épouser un apparenté augmente le risque des maladies héréditaires chez les enfants ? | | | |
| Oui | Non | Sans opinion | Pourquoi ?..... |
| 24. Si oui quelles sont les maladies ? | | | |
| 25. Est-ce qu'il y'a autour de vous des maladies issues de mariages consanguins ? | | | |
| Oui | Non | Sans opinion | Pourquoi ?..... |
| 26. Allez vous chez les marabouts ? | | | |
| Oui | Non | Sans opinion | Pourquoi ?..... |
| 27. Vous croyez à l'effet du marabout ? | | | |
| Oui | Non | Sans opinion | Pourquoi ?..... |
| 28. Préférez-vous la médecine traditionnelle ou moderne ? | | | |
| 29. Préférez-vous la médecine traditionnelle ou la Zaouïa ? | | | |
| Oui | Non | | Pourquoi ?..... |
| 30. Préférez vous la médecine traditionnelle ou le marabout ? | | | |
| Oui | Non | | Pourquoi ?..... |
| 31. Qu'elle est l'artisanat connu dans la région ? | | | |
| 32. Quels sont les outils utilisés ? | | | |
| Modernes | Classiques | Entre les deux | |
| 33. Profession de la femme : | | | |
| Travail dehors | A la maison | | |

Annexe N° 05 : Fréquences alléliques et équilibre de Hardy-Weinberg (H.W.) des systèmes de groupes sanguins analysés chez la population de Honaine

Systemes	Phénotypes	Fréquences observées	Fréquences théoriques	Fréquences alléliques ou aptotypiques et équilibre de H.w
ABO H=0,47	A	86	87,98	ABO*A= 0,272 ABO*B=0,054 ABO*O=0,674 $\chi^2=1,165$
	B	13	15.13	
	AB	8	5.87	
	O	93	90.85	
	Total:	200		
Rhésus H=0 ,32	CCD-EE	0	0	Rh*D= 0.66 Rh*d= 0.34 Rh*C=0,29 Rh*c=0,071 Rh*E=0,09 Rh*e=0,91 Rh*CDE=0,000 Rh*CDe=0,29 Rh*cDE=0,09 Rh*cDe=0,28 Rh*CdE=0,000 Rh*Cde=0,000 Rh*cdE=0,000 Rh*cde=0,34 $\chi^2=0,0074$
	CCD-Ee	0	0	
	CCD-ee	4	3.94	
	CcD-EE	0	0	
	CcD-Ee	2	1.95	
	CcD-ee	19	18.72	
	ccD-EE	1	1	
	ccD-Ee	5	5,04	
	ccD-ee	13	13.1	
	CCddEE	0	0	
	CCddEe	0	0	
	CCddee	0	0	
	CcddEE	0	0	
	CcddEe	0	0	
	Ccddee	0	0	
	ccddEE	0	0	
	ccddEe	0	0	
	ccddee	6	6.04	
Total:	50			
MNSs H=0,43	MMSS	1	0.75	MN*M=0,325 MN*N=0,675 Ss*S=0,275 Ss*s=0,725 MNSs*MS=0,121 MNSs*Ms=0,214 MNSs*NS=0,152 MNSs*Ns=0,513 $\chi^2=0,223$
	MMSs	2	2.27	
	MMss	1	0.95	
	MNSS	0	0	
	MNSs	2	2.27	
	MNss	3	3.41	
	NNSS	1	0.95	
	NNSs	3	2.86	
	NNss	7	6.68	
	Total :	20		
Duffy H=0,66	Fy(a+,b+)	5	3.86	Fy*A=0,293 Fy*B=0,330 Fy*O=0,377 Fy*(B+O)=0,707 $\chi^2=1,194$
	Fy(a+,b-)	5	6.11	
	Fy(a-,b+)	6	7.15	
	Fy(a-,b-)	4	2.84	
	Total:	20		

Annexes N° 06 :**Avortement** : Nombre de répétition par couple

Nombre de répétition	Couple du 1 ^{er} degré	Couple du 2 ^{ème} degré	Non consanguin
1	7	4	3
2	3	4	1
3	1	1	1
4	0	0	0
5	1	0	0
6	0	0	0
7	0	0	0

Mortalité infantile : Nombre de répétition par couple

Nombre de répétition	Couple du 1 ^{er} degré	Couple du 2 ^{ème} degré	Non consanguin
1	4	4	5
2	6	1	1
3	2	2	2
4	0	2	1
5	3	0	0
6	0	0	0
7	1	0	0

Annexe N° 07 Résultats du questionnaire anthropo-socioculturel

Question 1 : Type d'habitat

	Moderne	Traditionnel	Entre les deux
Effectif	180	20	0
%	90	10	0

Question 2 : L'origine ethnique

Les individus	Arabe	Berbère	Arabo-berbère	Autre
Effectif	160	30	10	0
%	80	15	5	0

Question 3 : Appartenance linguistique

	Arabe	Arabo-berbère	Français-arabe
Effectif	140	30	30
%	70	15	15

Question 4 : Tradition culinaire et vestimentaire

	Moderne		Traditionnel		Entre les deux	
	Effectif	%	Effectif	%	Effectif	%
Les plats	70	30	100	50	30	15
Les tenus	150	75	20	10	30	15

Question 5 : La consanguinité

	Oui	Non
Effectif	155	45
%	77,5	22,5

Question 6 : Conséquence de la consanguinité sur la descendance

	Oui	Non	Sans opinion
Effectif	50	30	120
%	25	15	60

Question 7 : Morbidité

	Malformations	Avortements	Trouble mentaux
Effectif	11	23	5
%	5,5	11,5	2,5

Question 8 : Médecine traditionnelle

	Moderne	Traditionnel	Pas de réponse
Effectif	60	130	10
%	30	65	5

Question 9 : Artisanat

	Poterie	Chapeaux et ustensiles de ménage à base d'alfa
Effectif	37	41
%	18,5	20,5

Sommaire

Problématique	1
Introduction générale	2
Première partie : Synthèse bibliographique	
Chapitre 1 : Etude anthro-socioculturelle	
1-Présentation générale de la région	4
1-1- Aspect démographique	7
1-2- Les caractérisations géographiques	8
1-2-1-Géomorphologie.....	8
1-2-2- Hydrologie.....	9
1-2-3- Le climat	10
1-3- Activités économiques.....	10
1-3-1- Agriculture et élevage.....	10
1-3-2- Pêche	11
2- Cadre historique	11
2-1- Honaïne dans l'antiquité	11
2-2- Honaïne dans le médiéval	12
2-3- Honaïne dans le contemporain	13
3- Anthropologie humaine de la région de Honaïne	14
3-1- L'homme préhistorique de la région.....	14
3-2- Les tribus ayants occupé la région durant l'antiquité.....	14
3-3- Les tribus de la région durant la période médiévale	16
3-4- Hiérarchie social et généalogie des Trara	18
Chapitre 2 : Etude anthro-physique	
1- Les marqueurs génétiques sélectionnés	20
1-1- Le polymorphisme génétique des groupes sanguins	20
1-1-1- La notion de groupe sanguin chez l'homme	20
1-1-2- Systèmes des antigènes des groupes sanguins	22
a- Système ABO.....	24
b- Système Rhésus	27
c- Système MNS	31
d- Système Duffy	32
1-2- Empreintes digitales (Dermatoglyphes).....	34
1-2-1- Généralités	34
1-2-2- Histoire et intérêt anthropologique des dermatoglyphes	35
1-2-3- Génétique.....	35
1-2-4- Les principales classes des dermatoglyphes des doigts et leurs caractéristiques	36
a- Caractéristiques de l'empreinte digitale	36
b- Classification des empreintes digitales	37
1-3- Consanguinité.....	39

Sommaire

Problématique	1
Introduction générale	2
Première partie : Synthèse bibliographique	
Chapitre 1 : Etude anthro-socioculturelle	
1-Présentation générale de la région	4
1-1- Aspect démographique	7
1-2- Les caractérisations géographiques	8
1-2-1-Géomorphologie.....	8
1-2-2- Hydrologie.....	9
1-2-3- Le climat	10
1-3- Activités économiques.....	10
1-3-1- Agriculture et élevage.....	10
1-3-2- Pêche	11
2- Cadre historique	11
2-1- Honaïne dans l'antiquité	11
2-2- Honaïne dans le médiéval	12
2-3- Honaïne dans le contemporain	13
3- Anthropologie humaine de la région de Honaïne	14
3-1- L'homme préhistorique de la région.....	14
3-2- Les tribus ayants occupé la région durant l'antiquité.....	14
3-3- Les tribus de la région durant la période médiévale	16
3-4- Hiérarchie social et généalogie des Trara	18
Chapitre 2 : Etude anthro-physique	
1- Les marqueurs génétiques sélectionnés	20
1-1- Le polymorphisme génétique des groupes sanguins	20
1-1-1- La notion de groupe sanguin chez l'homme	20
1-1-2- Systèmes des antigènes des groupes sanguins	22
a- Système ABO.....	24
b- Système Rhésus	27
c- Système MNS	31
d- Système Duffy	32
1-2- Empreintes digitales (Dermatoglyphes).....	34
1-2-1- Généralités	34
1-2-2- Histoire et intérêt anthropologique des dermatoglyphes	35
1-2-3- Génétique.....	35
1-2-4- Les principales classes des dermatoglyphes des doigts et leurs caractéristiques	36
a- Caractéristiques de l'empreinte digitale	36
b- Classification des empreintes digitales	37
1-3- Consanguinité.....	39

b- Système Rhésus.....	66
c- Système MNS.....	66
d- Système Duffy	66
1-4-Affinités inter populationnelles	66
1-4-1- Analyse en composantes principales	66
1-4-2- Arbre phylogénétique	68
2- Résultats du polymorphisme des dermatoglyphes	72
2-1- Figures digitales.....	72
2-1-1- Fréquences	72
2-1-2- Comparaison bimanuelles	75
2-1-3- Comparaisons sexuelles	75
2-1-4- Comparaisons inter populationnelles	78
2-2- Analyse en composante principale.....	83
2-2 -1- Analyse comparative en composante principal sexe féminin	83
2-2-2- Analyse comparative en composante principal sexe masculin.....	85
3- Consanguinité	87
3-1- Fréquence de la consanguinité	87
3-2- Conséquence de la consanguinité sur la descendance	89
3-2-1- Effet de la consanguinité sur la mortalité	89
3-2-2- Effet de la consanguinité sur les avortements	89
3-2-3- Morbidité	90
4- Discussion.....	91
5- Résultats du questionnaire Socio-anthropologique	92
5-1- Habitat, famille.....	92
5-2- Origine de la population et de la langue parlée	93
5-3- Traditions culinaires et vestimentaires	93
5-4- Pratique de la consanguinité	94
5-5- La médecine traditionnelle	95
5-6- Les marabouts.....	95
5-7- L'artisanat	95
Discussion générale	97
Conclusion générale	99
Références bibliographiques	100
Annexes	114

Liste des tableaux

Tableau N° 01 : Evolution de la population de Honaïne de 1984 à 2005.....	7
Tableau N° 02 : Structure de la population communale selon l'âge.....	7
Tableau N° 03 : Répartition de la surface agricole utile.....	10
Tableau N° 04 : Répartition de la surface agricole utile.....	11
Tableau N° 05 : Les polymorphismes génétiques.....	21
Tableau N° 06 : Principaux polymorphismes érythrocytaires humains.....	23
Tableau N° 07 : Sérologie et génétique du système ABO.....	25
Tableau N° 08 : Mutations ponctuelles différenciant entre les séquences des allèles du système ABO.....	26
Tableau N° 09 : Nomenclatures de Wiener et Fisher.....	28
Tableau N° 10 : Phénotypes et génotypes MNS.....	31
Tableau N° 11 : Phénotypes, anticorps et génotypes du système Duffy.....	33
Tableau N° 12 : Répartition de l'échantillon.....	42
Tableau N° 13 : Comparaisons de la distribution des fréquences alléliques du système ABO de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient ...	51
Tableau N° 14 : Comparaison de la distribution des fréquences haplotypiques du système Rhésus de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient.....	55
Tableau N° 15 : Comparaisons de la distribution des fréquences haplotypiques du système MNS de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient.....	58
Tableau N° 16 : Comparaisons de la distribution des fréquences alléliques du système Duffy de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient....	62
Tableau N° 17 : Comparaisons de la distribution des fréquences alléliques du système Duffy de la population de Honaïne avec celles des populations du bassin Méditerranéen et du Moyen Orient....	63
Tableau N° 18 : Diversité génétique intra région (Fst) pour les groupes sanguins et seuil de signification.....	64
Tableau N° 19 : Diversité génétique intra-inter région et total par allèle ou haplotype et par système des marqueurs des groupes sanguins dans le bassin Méditerranéen.....	65
Tableau N° 20 : Distances génétiques ($\times 10^{-4}$) en fonction des groupes sanguins à l'échelle de la Méditerranée.....	69
Tableau N° 21 : Distance génétiques ($\times 10^{-4}$) par ordre décroissant à l'échelle de la méditerranée.....	70
Tableau N° 22 : Fréquences relatives des figures digitales chez la population de Honaïne.....	73

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
وزارة التعليم العالي و البحث العلمي
جامعة أبي بكر بلقايد تلمسان
كلية العلوم
قسم الثقافة الشعبية

مذكرة تخرج لنيل شهادة الماجستير في

الخصائص الأنثروبولوجية الوراثية للمجموعة السكنية "هنين"
عن طريق أشكال الفصائل الدموية و البصمات
دراسة مقارنة مقارنة مع مجموعات سكنية على مستوى البحر
الأبيض المتوسط

إعداد الطالبة : عثمانى سليمة

تحت إشراف: د. عوار متري عمارية

اللجنة المناقشة:

رئيسا	أستاذ التعليم العالي، جامعة تلمسان	د. شايف عكاشة
مشرفة	أستاذة محاضرة، جامعة تلمسان	د. عوار متري عمارية
مساعدة مشرفة	مكلفة بالدروس، جامعة تلمسان	أ. يادي باية
عضوا مناقشا	أستاذ التعليم العالي، جامعة تلمسان	د. سعدي محمد
عضوا مناقشا	مكلفة بالدروس، جامعة تلمسان	أ. دالي يوسف ماجدة

السنة الجامعية 2008-2009

ملخص

دراستنا تتناول تحديد الخصائص الانثروبوراثية لسكان مدينة هنين الواقعة في شمال غرب مدينة تلمسان. من خلال مبداء عرقي هؤلاء السكان ينتمون إلى قبيلة الكومية المتموقة في جبال طرارة قبل القرن السادس عشر (BASSET, 1901). وفي هذا الصدد، قمنا بلنجاز دراسة مقارنة لمختلف أشكال الفصال الدموية (ABO, Rhésus, Duffy et MNSs) و البصمات مع المجموعات السكانية المتوسطة إضافة إلى إلقاء لمحة عن المقاربة الدموية و انعكاساتها على سكان منطقة هنين.

فيما يخص الفصائل الدموية إشمتمت الدراسة 200 فرد منتم إلى نفس المنطقة ومختارة بشكل عشوائي. وبينت لنا النتائج جليا أن الأنظمة الأربعة في توازن وراثي. من خلال تحليل نتائج الدراسة المقارنة لتواتر الفصائل الدموية الخاصة بمجموعتنا السكانية على المستوى المتوسطي، فاننا نتميز بدرجة عالية تواتر فصيلة واحدة (cde) تخص النظام الدموي (Rhésus) وأخرى (Fyo*) تخص النظام الدموي Duffy.

إن المقارنة ما بين الفئات السكانية فضلا عن نسبة DNS تدل على وجود قدر كبير من المصاهرة الوراثية مع بربر الحسيمة و بعض سكان الجزائر. تحليل العرض الشعاعي الأساسي (ACP) و شجرة الأنساب المحصل عليها باستعمال معطيات المسافات الجينية يظهر تميزا شمال-جنوب و بربر-عرب، وهذا يبرز توافق الاتجاه الجيني واللغوي.

تحليل التنوع الجيني الكامل الذي يمثل مفاتيح هذه الدراسة، يدل أن الأنظمة الدموية الخمس تتسم بتغير أكبر داخل المنطقة مما هو عليه خارجها. دراسة البصمات قد ركزت على عينة من 200 شخص (مائة من النساء و 100 من الرجال)؛ وتشير النتائج إلى أن الأشكال الأكثر شيوعا هي الحلقات الزندية متبوعة بالحلقات الدائرية ثم الحلقات القوسية و أخيرا الكعبرية. هذه الأنواع الأربعة من الأشكال سواء بين النساء أو الرجال، تدخل في حيز التغيرات في شمالي النحر الأبيض المتوسط نظرا لتواتر عال للحلقات القوسية.

أما نسبة القرابة الدموية داخل المجموعة السكانية "هنين" المقدرة ب 30,5% تبقى نسبيا عالية مع ميول أكثر إلى الزواج ما بين أبناء المجموعة من الدرجة الأولى. من جهة أخرى وجدنا أن لهذه القرابة الدموية انعكاسات سلبية و مباشرة على نسبة الإجهاض و وفيات الأطفال عند الولادة و العديد من الأمراض. الكلمات المفتاحية: غرب الجزائر، جبال تلمسان، هنين، البحر الأبيض المتوسط، تعدد الأشكال، الصلة الوراثية، الفصائل الدموية، القرابة الدموية، البصمات، المعايير الوراثية.

Résumé

Notre étude a porté sur la caractérisation anthropogénétique de la population de Honaïne située au Nord Ouest du chef lieu de la wilaya de Tlemcen. D'un point de vue ethnique, cette population appartient à la tribu des Koumia établie dans les Trara avant le 16^{ème} siècle (BASSET, 1901). Pour cela, nous avons réalisé une analyse comparative du polymorphisme des dermatoglyphes et des groupes sanguins (ABO, Rhésus, MNSs, Duffy) avec les populations d'Afrique du Nord, du Moyen Orient et du Nord de la Méditerranée.

L'analyse hématologique a été effectuée sur 200 individus appartenant à cette même localité et échantillonnés de manière aléatoire. Les résultats obtenus montrent que les quatre systèmes sont en équilibre génétique.

Par rapport aux populations du pourtour méditerranéen, notre population se caractérise par une fréquence élevée de l'haplotype Rh* cde et de l'allèle Fy*o.

Les comparaisons inter populationnelles ainsi que le pourcentage DNS révèlent une grande affinité génétique avec les berbères d'Al-Hoceima et de quelques populations algérienne. L'analyse en composantes principales des fréquences des allèles ainsi que les arbres phylogénétiques schématisés à partir des distances génétiques marquent une différenciation Nord-Sud et Berbères-Arabs. Cela met en évidence la concordance évolution génétique et linguistique.

L'analyse de la diversité génétique totale qui représente les clés de cette étude, montre que les quatre systèmes présentent une diversité intra-région significativement supérieure à celle inter-région.

L'étude des dermatoglyphes a porté sur un échantillon de 200 personnes (100 femmes et 100 hommes) ; les résultats obtenus indiquent que les figures les plus fréquentes pour l'ensemble de la population sont les boucles ulnaires suivies des tourbillons, doubles boucles, arcs et enfin les boucles radiales.

Ces quatre types de figures s'insèrent aussi bien chez les femmes et les hommes dans l'intervalle de variation du Nord de la Méditerranée du faite de la fréquence élevée des arcs.

L'analyse de la consanguinité révèle d'une part un taux de 30,5% ; où le nombre d'unions contractées entre cousins germains est plus élevé par rapport à ceux contractées entre cousins second degrés. D'autre part la consanguinité exerce un effet néfaste sur la mortalité infantile, avortement et morbidité.

Mots Clés : Honaïne, Population, Polymorphisme, Dermatoglyphes, Groupes sanguins, Consanguinité, Fitness, Ouest Algérien, Méditerranée, affinité génétique, marqueurs génétique.

Summary

Our study focuses on the characterization anthropogénétique of the population of Honaïne located in the North Western place chief of the wilaya of Tlemcen. A point of view ethnic, this population belongs to the tribe of Koumia established in the Trara before the 16th century (BASSET, 1901). For this, we have achieved a comparative analysis of the polymorphism of dermatoglyphes and of blood groups (ABO, Rhesus, MNSs, Duffy) with populations of North Africa, the Middle East and North of the Mediterranean and consequences of consanguinity.

The analysis hématologique was established on 200 individuals belonging to this same locality and sampled at random. The results show that the four systems are in balance genetics. Compared with the populations of the Mediterranean, our population is characterized by a high frequency of the haplotype Hr* cde and of the allele Fy* o. Comparisons inter population as well as the % DNS reveal a large genetic affinity with the berbers of Al Hoceima and some populations algerian. The principal-components analysis of frequencies of the alleles as well as the phylogenetic trees summarized from the distances genetic mark a differentiation North-South and Berbères-Arabs. This highlights the concordance genetic evolution and linguistic.

The analysis of the genetic diversity total which represents the keys of this study, shows that the four systems pose a diversity intra-region significantly higher than that inter-region.

The study of dermatoglyphes focused on a sample of 200 persons (100 women and 100 men) ; the results indicate that the figures the most frequent for the whole of the population are the loops ulnaires followed eddies, double loops, arcs and finally the loops radiales.

These four types of figures, was also insert well in women and men in the range of variation of the north of the Mediterranean, made of the higher frequency of the arcs.

The proportion to obtained consanguinity (30,5%) watch this fashion of crossing remains more or less frequents in our population with a preference for unions between cousins first degree. There for the consanguinity exercise a luckless effect on the proportion of abortion of mortality and of morbidity.

Keys words: Honaïne, Population, Polymorphism, Dermatoglyphes, Bloods systems groups, Consanguinity, genetic affinity, Ouest of Algeria, Mediterranean, Genetic markers, Medical parameters.