

Caractérisation génétique de la population du littoral de Honâïne par le polymorphisme des groupes sanguins

Bouazza hayet. Aouar-Metri Ammaria et Otmani Salima

Laboratoire de valorisation de l'action de l'homme pour la protection de l'environnement et application en santé publique (équipe environnement et santé), faculté des sciences, Université Abou Bekr Belkaïd de Tlemcen

Laboratoire d'Anthropologie des Religions comparées, Faculté des Sciences Humaines et Sociales, Université Abou Bekr Belkaïd de Tlemcen.

Résumé

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

L'analyse hématologique a été effectuée sur 200 individus appartenant à cette même localité 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'haplo type Rh*cde et de l'allèle Fy*o.

Les comparaisons interpopulationnelles ainsi que le pourcentage DNS révèlent une grande affinité génétique avec les berbères d'Al-Hoceima et de quelques populations algériennes. L'analyse en composantes principales des fréquences des allèles ainsi que les arbres phylogénétiques 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.

Mots clés: Honâïne, Population, Polymorphisme, Groupes sanguins, consanguinité, Tlemcen, Ouest Algérien, Méditerranée, Affinité génétique, Marqueurs génétiques.

Summary

Our study focuses on the characterization anthropogenetic of the population of Honâïne located in the North West place chief of the wilaya of Tlemcen. A point of view ethnic, this population belongs to the tribe of Koumia established in the Trarab before the 16th century (Basset, 1901). For this, we have achieved a comparative analysis of the polymorphism 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 hemotypologic 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*cd and of the allele Fy*o.

Comparisons interpopulation as well as the percentage DNS reveal a large genetic affinity with Berbers of the Hoceima and some Algerian populations. The principal components analysis of frequencies of the alleles as well as the phylogenetic trees summarized from the genetic markers differentiate North and Berbers-Arabs. This highlights the concordance of genetic evolution and linguistic.

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

Keywords: Honaine, Population, Polymorphism, Blood systems groups, Consanguinity, Tlemcen, Ouest of Algeria, Mediterranean, Genetic affinity, Genetic Markers,

Introduction

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.

Au-delà de toutes les fonctions physiologiques remplies par le sang dans l'organisme des vertébrés supérieurs et de plusieurs invertébrés, le sang a été utilisé comme marqueur génétique pour l'identification des individus bien avant que nous ne connaissions le polymorphisme de l'ADN. Il a permis sur le plan géographique de suivre la migration des populations sur la terre. En anthropologie l'étude des groupes sanguins a montré chez les primates une structuration qui s'élabore au fur et à mesure de l'évolution des singes avec parfois certains paradoxes (Janot, 2002).

Le système de groupe sanguin ABO a été découvert au début du XXe siècle par Landsteiner. L'étude de ce système, pour des besoins transfusionnels, démontra très tôt l'existence des variations génétiques parmi les populations humaines. La distribution des allèles du système dans le monde a été largement étudiée. Elle est souvent associée d'une part, à l'évolution des structures génétiques des populations humaines et d'autre part, à la sélection naturelle. Certains auteurs ont lié la distribution mondiale du polymorphisme du système ABO à de grandes épidémies et à certaines maladies infectieuses.

La distribution des groupes sanguins, en particulier celle des groupes du système ABO dans le monde, a été largement étudiée (Mourant et al., 1975; Goudemand et Salmon, 1980). Elle est souvent associée d'une part, à l'évolution des structures génétiques des populations humaines et d'autre part, à la sélection naturelle. Certains auteurs ont lié la distribution mondiale du polymorphisme du système ABO à de grandes épidémies et à certaines maladies infectieuses (Thompson et Thompson, 1978).

La diversité génétique des populations humaines actuelles reflète le schéma suivi par nos ancêtres au cours de leur conquête du monde. Toutes les populations humaines possèdent à peu près les mêmes variantes génétiques mais dans des proportions qui varient d'une population à l'autre. En étudiant ces différences entre populations, on obtient une mesure de leur ressemblance génétique: plus ces différences sont faibles, plus ces deux populations se ressemblent génétiquement. L'étude de ces différences génétiques connues sous le nom de polymorphisme peut apporter des informations importantes sur les relations de parenté entre individus et sur l'histoire des différentes populations.

Depuis la protohistoire, le pourtour méditerranéen connaît un mouvement ininterrompu d'hommes et d'idées brassant ses peuples et ses cultures. Tous les peuples de la Méditerranée (Phéniciens, Romains, Vandales, Byzantins, Arabes, Turcs et Européens) ont traversé l'Afrique du Nord et ont contribué à enrichir culturellement cette vaste région. Dans le passé, l'Afrique du Nord a toujours été occupée par des Berbères. Les historiens grecs et latins les nommaient sous des noms divers (Garamantes, Maures, Numides, Gétules, Nasamons, Psyles...); les nouveaux arrivants, toujours minoritaires, étaient assimilés dans ce fond berbère autochtone (Camps, 1980).

Dans ce contexte, et Devant la rareté des données anthropo-génétiques sur les populations Algériennes en général et la région de l'ouest en particulier, notre groupe s'est intéressé à combler ce vide par l'étude de la variabilité génétique des populations arabo- berbères de l'ouest Algérien et la mesure de l'impact génétique des populations avoisinante. Dans cette étude nous analyserons Le polymorphisme sanguin. d'une population particulière : la population arabo-berbère de Honaïne située au Nord-Ouest du chef-lieu de la wilaya de Tlemcen.

Les résultats obtenus seront comparés à ceux d'autres populations arabes et berbères Algérienne, nord Africaines ainsi que à celle de l'espace méditerranéen et du Moyen-Orient pour situer la population de Honaïne au sein de cet ensemble.

Matériel et Méthodes

Notre étude a porté sur la caractérisation anthropogénétique de la population de Honaïne d'un point de vue ethnique cette population appartient à la tribu des Koumia établie dans les trara avant le 16ème siècle (Bassat, 1901). La daïra de Honaïne occupe la partie Nord-Est des Traras 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. Distante de 60Km 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 région de Honaïne, présente une morphologie singulière, délimitée par la mer méditerranée sur 12 Kilomètres, fortement accidentée avec des paysages calcaires. La pêche constitue avec l'agriculture et le tourisme les principaux secteurs d'activité économique de la région.

Echantillonnage

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 .

La campagne d'échantillonnage a été réalisée en juin 2009 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 pathologie apparente et originaires de la région de Honaïne,c'est à dire que leurs parents ainsi que leurs quatre grands parents sont nés dans la même région.

Prélèvement sanguin

Quatre systèmes distincts (ABO, RH, MNS, FY,) ont été étudiés par des méthodes immunologiques. Ces systèmes ont été sélectionnés pour plusieurs raisons ;

- Leur capacité, surtout lorsqu'ils sont cumulés, à définir différentes populations humaines;
- La possibilité de mettre en œuvre des méthodes d'exploration validées et maîtrisées,
- Pour les nombreuses données bibliographiques existant dans de multiples populations en vue de comparaison (Chiaroni, 2003).

Le groupage sanguin a concerné un échantillon de 200 personnes non apparentés. Nous avons collecté à partir de chaque individu environ 10 ml de sang par ponction veineuse à l'aide d'une seringue stérile recueillie dans des tubes contenant l'EDTA comme coagulant. Nous avons utilisé une fraction de 1ml de sang pour la détermination des groupes sanguins, le reste a été conservé pour usage ultérieur. Le groupage est réalisé durant les heures qui suivent les prélèvements.

Analyses Statistiques

L'estimation des fréquences alléliques et haplotypiques a été réalisée selon la méthode de

maximum de vraisemblance puis vérifiée selon l'équilibre d'Hardy-Weinberg en comparant les fréquences absolues observées déterminées par les comptages directs des phénotypes, avec les fréquences théoriques. Les relations biologiques entre les populations utilisées pour l'étude comparative (Tableau 2), ont été représentées par un diagramme bidimensionnel obtenu par Analyse en composantes principales grâce au logiciel ADE-4. L'analyse des distances génétiques entre les populations est réalisée en utilisant les mesures standards de la variation des fréquences géniques selon le coefficient de coancestralité de Renolds (Renolds *et al.*, 1983) grâce au programme Phylip 3.5C. L'arbre phylogénétique Neighbor Joining (Saitou et Nei, 1987) est utilisé à partir des matrices des distances génétiques pour établir le degré de similitude entre les populations grâce au programme Phylip 3.5C.

Code Population Référence

Code	Population	Référence
OULHA	Oulhaça	Présente étude
ALG1	Tlemcen (Algérie)	Ruffié et al., 1962 ⁽²⁾
ALG2	Oran (Algérie)	Auzas, 1957
ALG3	Alger (Algérie)	Lefevre et al., 2006
ALG4	Annaba (Algérie)	Lefevre et al., 2006
ALG5	Tizi-Ouzou (Algérie)	Ruffié et al., 1962 ⁽²⁾
ALG6	Laghouat (Algérie)	Lefevre et al., 2006
MAR.1	Berbères d'Al-hoceima (Maroc)	Afkir A, 2004 ⁽¹⁾
MAR.2	Berbères du moyen Atlas (Maroc)	Harich, 2002 ⁽¹⁾
MAR.3	Arabes Méridionaux (Maroc)	Kandil, 1999 ⁽¹⁾
MAR.4	Berbères de Sous-haha (Maroc)	Chadli, 2002 ⁽¹⁾
LYB	Lybie	Walter et al., 1975 ⁽¹⁾
EGY	Egypte	Bonné et al., 1971 ⁽¹⁾
ESP1	Centre d'Espagne	Mesa et al., 2001
ESP2	Catalogne (Espagne)	Moreno- Moral, 1983 ⁽¹⁾
ESP3	Pays Basque (Espagne)	Manzano et al., 1996 ⁽¹⁾
ESP4	Galicie (Espagne)	Guash et al., 1952 ⁽¹⁾
PORT	Portugal	Gruz et al., 1973 ⁽¹⁾
FRC	Corse (France)	Memmi, 1998
MALT	Malte	Ikin, 1996
CHYP	Chypre	Poumpourido, al., 1995
TURC	Turquie	Atasoy et al., 1995
ITA1	Italie centre	Piazza et al., 1989
ITA2	Italie Sud	Piazza et al., 1989
ITA3	Sicile (Italie)	Vona et al., 1998
ITA4	Sardaigne (Italie)	Piazza et al., 1989
GRE1	Grèce Continentale	Tsiakalos et al., 1980 ⁽¹⁾
GRE2	Platie (Grèce)	Tills et al., 1983 ⁽¹⁾
GRE3	Crète (Grèce)	Barnicot et al., 1965 ⁽¹⁾

Tableau 2. Populations ayant servie pour l'étude comparative des groupes sanguins. (1): Cités par A. Afkir, 2004; (2):

Résultats et discussion

Fréquences alléliques et haplotypiques des systèmes sanguins

Les résultats obtenus pour les quatre systèmes de groupes sanguins (ABO, Rhésus, MNSS et Duffy) étudiés dans la population de Honaïne sont regroupés dans le tableau 6. Le test du Khideux (χ^2) relatif à l'équilibre génétique de Hardy Weinberg montre que les quatre systèmes sont panmixtiques.

Tableau 10 : Fréquences alléliques et équilibre de Hardy-Weinberg (H.W) des systèmes de groupes

Systèmes	Phénotypes	Fréquences observés	Fréquences théoriques	Fréquences alléliques ou haplotypiques 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	
	Ccdd ee	0	0	
	ccddEE	0	0	
	ccddEe	0	0	
	ccdd ee	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		

Les affinités interpopulationnelles

La mise en évidence des relations inter populationnelles est effectuée par deux types d'analyses : Analyse en composante principale.

Analyse en fonction des distances génétiques qu'on schématise sous forme d'un arbre Neighbor-Joining (Saitou et Nei, 1987).

À l'échelle Nationale:

La représentation graphique d'ACP de la figure (12), Contribue par 56.9% de la variabilité totale. De ce fait, nous ne constatons que la distribution des populations en fonction des groupes sanguins est corrélée à leurs dispositions géographiques bien que, la majorité des valeurs des allèles ou haplotypes s'articulent autour du zéro (centre) sur les deux Axes.

Selon le premier axe (35.9%), on note une séparation entre la région (10) de Ain- Salah sur le côté positif et notre population sur le côté négatif qui contribue de la plus grande variabilité sur cet axe. la région d'Honaïne, la région(4) d'Alger, la région(5) de Tizi-Ouzou, la région (2) de Saida sur le côté négatif des abscisses, et le reste des populations sur le côté positif.

Selon le deuxième axe (21%), on note une séparation entre la région (4) d'Alger sur le côté positif et la région (10) de Ain-Salah sur le côté négatif qui contribue de la plus grande variabilité sur cet axe. Sur le côté positif on trouve la région (7) de Annaba, la région (5) de Bedjaia et la région (3) de Miliana, la région(4) d'Alger, la région (2) de Saida, la région (9) de Msila et le reste des populations sur le côté négatif.

La représentation graphique de l'arbre Neighbor-Joining (Figure N°17) montre l'opposition des deux grands clusters dus à leur différence des fréquences des groupes sanguins.

À l'échelle méditerranéenne:

La représentation graphique des données obtenues par l'ACP à l'échelle de la Méditerranée contribue par 50.17% de la variabilité totale (Figure N°13).

Sur le premier axe (F1) 34.67%, s'isole deux groupes. Le premier groupe est représenté par les 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 de cet axe semble surtout être 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, comporte les populations de la rive Nord de la Méditerranée. Les allèles qui participent plus dans cette séparation sont essentiellement ABO*A, ABO*B, Rh*CD_e, Rh*cde, Fy (b+o), Fya.

Dans ce contexte la population d'Honaïne 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.

L'arbre Neighbor-joining schématisé à partir des distances génétiques, révèle l'existence de deux clusters majeurs (Figure N°18) : 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, on déduit 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 formé par les 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.

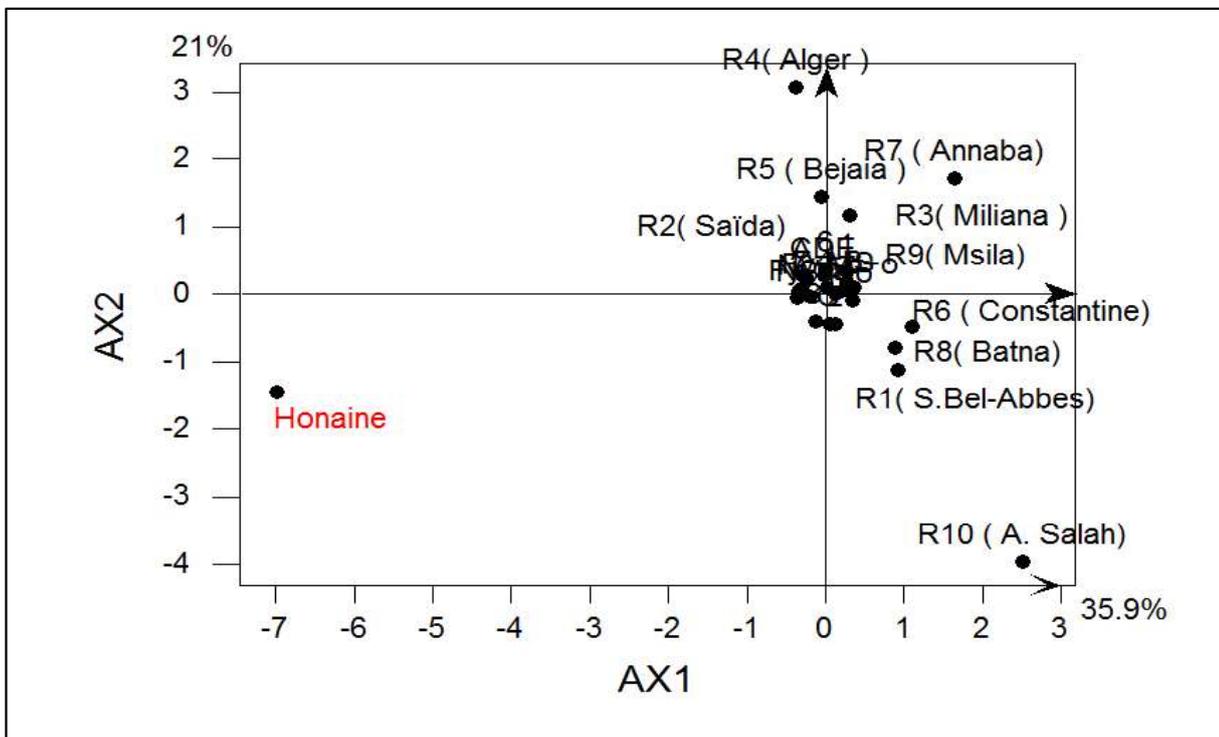
La position de la population d'Honaïne, dans le premier sous cluster à côté des berbères du Maroc et d'Algérie confirme les résultats obtenus par l'ACP.

A l'échelle Nord-Africaine :

La représentation d'ACP (FigureN° 14), présente une contribution de 51.20% à la variabilité totale. Selon l'axe (1) qui contribue par (28,8%), on note une corrélation avec cet axe, entre la population d'Honaïne et les Berbères de Souss, Berbères de Ait Hadidou et Berbères de Ouarzazate auxquelles s'ajoute Ain Salah. On note sur le côté négatif un détachement des populations de Libye, l'Arabes Méridionaux et Moyen Atlas.

Sur l'axe (2) qui contribue par (22.4-%), on note une corrélation positive avec cet axe, entre la population d'Honaïne et les Berbères de Souss, et Berbères de Ouarzazate. Alors que sur le côté positive, on note un détachement des populations d'Egypte, Annaba et la majorité des régions de la population Algérienne. La majorité des valeurs des allèles ou haplotypes des groupes sanguins s'articulent autour du zéro (centre) sur les deux axes.

Les résultats observés dans l'arbre phylogénétique représenté dans la figure (19), montre deux grands groupes. Le premier groupe comprend la population d'Honaïne, Berbères de Souss, Berbères de Ait Hadidou , Berbères de Ouarzazate et la région 10 de Ain Salah, le deuxième renferme plusieurs sous-groupes.



FigureN°12: ACP en fonction des Groupes sanguins à l'échelle Nationale (algérien)

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

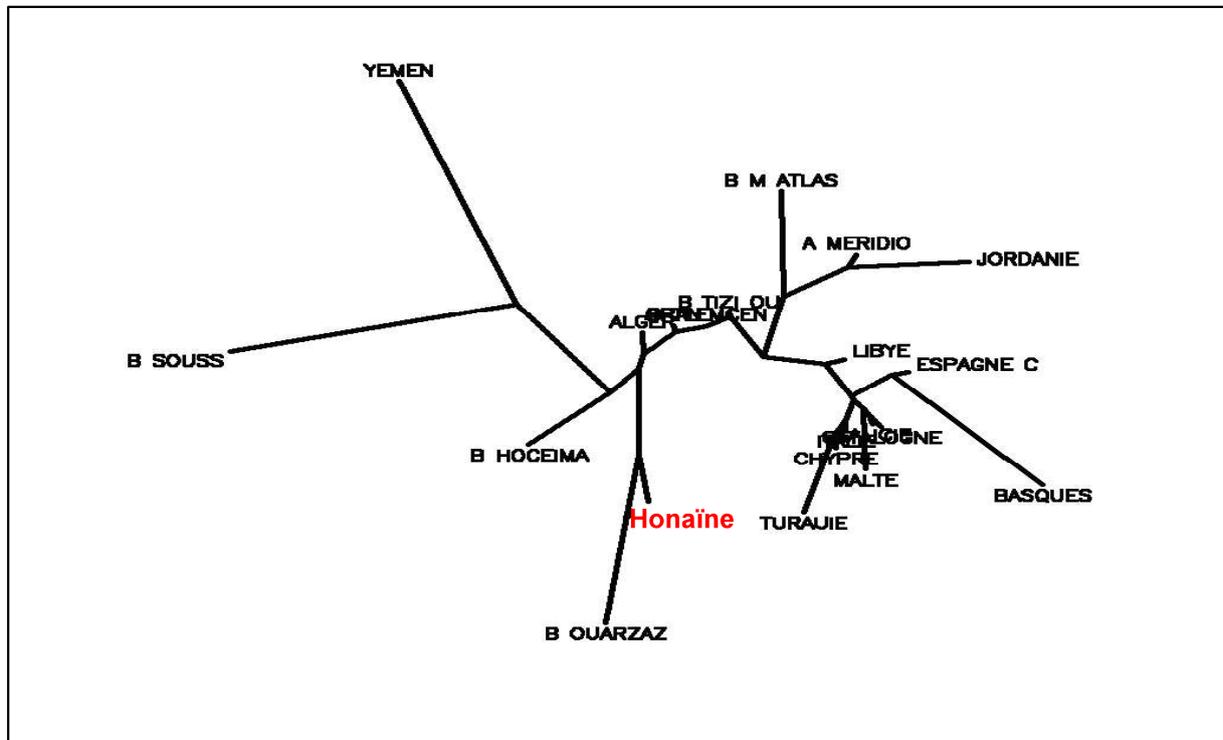


Figure N°18: Arbre phylogénétique en fonction des groupes sanguins à l'échelle de la Méditerranée.

1-BeniOuarsous,2-Oran,3-Alger,4-Tlemcen, 5-Tiziouzou, 6-Annaba,7-Batna,8-B.AlHoceima,9-B.Moyen Atlas,10-B.Souss,11-AitHadiddou,12-A.Méridonaux ,13-Libye,14-Egypte,15-Centred' Espagne,16- Catalogne, 17-Basque,18-Galicie,19-Portugale,20-FranceCorse, 21-ItalieCentre,22-Ita.Scile,23-ITA.Sardagne,24-Grècecontinent,25-GrècePlacie,26-GreceCrête,27-Malte,28-Chypre,29-Turquiecentre

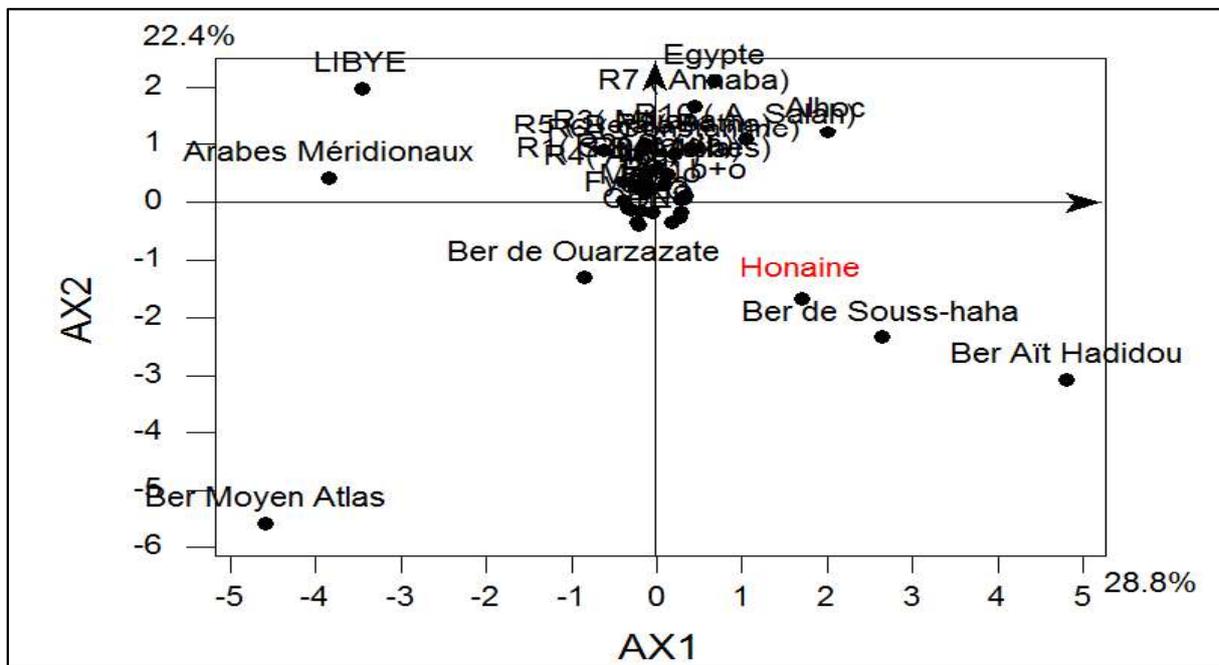


Figure N°14: ACP en fonction des Groupes Sanguin à l'échelle Nord-Africain

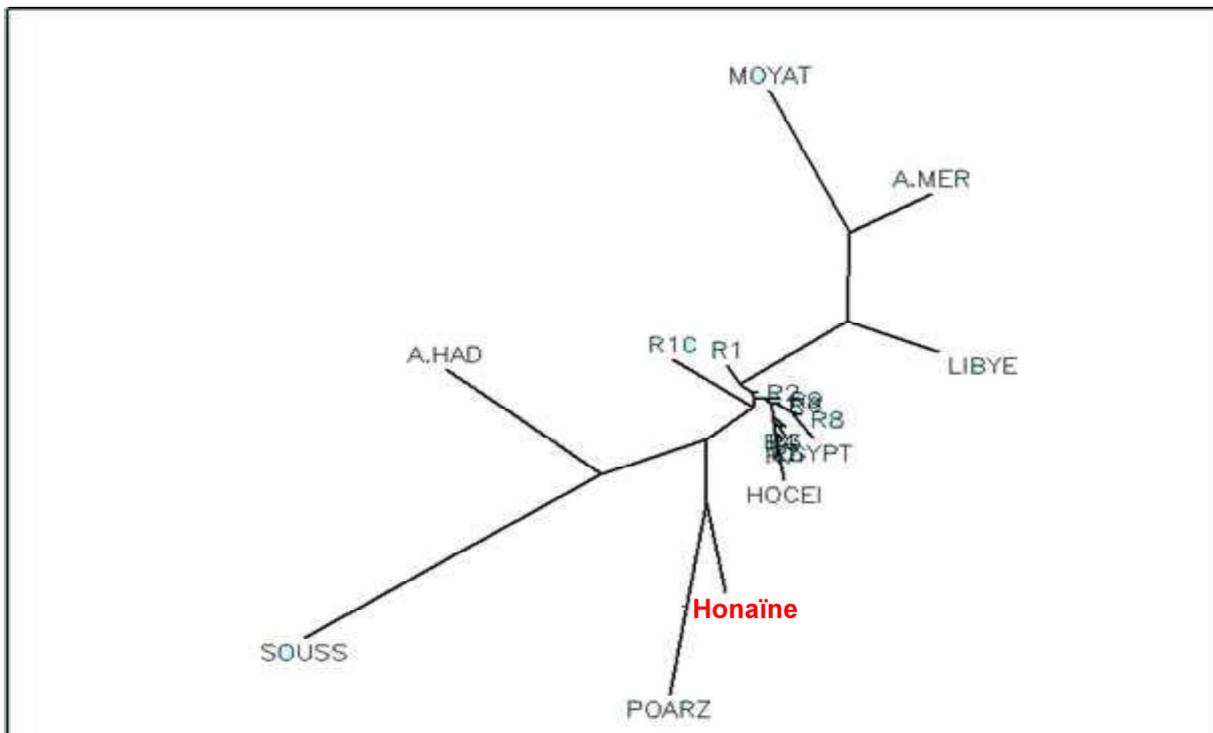


Figure 19 : Arbre phylogénétique en fonction des groupes sanguin à l'échelle Nord-Africaine.

R1 : (S.Belabbes+ Oran+Tlemcen + Mascara+ Mostaganem), **R2**:(Saida+ Bechar),**R3**:(Blida+ Media+Meliana),**R4**:(Alger), **R5** : (Tizi-Ouzou + Bejaia+Bouira), **R6**:(Constantine+ Guelma+ Setif), **R7**:(Annaba+ Skikda), **R8** : (Batna+Tébessa+ Khenchla), **R9** : (Mssila+ Biskra), **R10**:(Ain Salah + Djelfa+ Laghouat)

Conclusion

La caractérisation anthropogénétique de la population de Honaïne à travers l'analyse comparative du polymorphisme des groupes sanguins nous a permis de définir les principales caractéristiques expliquant la position de cette population dans le contexte Nord-Africain et Méditerranéen. Les résultats concernant l'exploration des quatre systèmes de groupes sanguins érythrocytaires (ABO, Rh, Fy, MNSs), montrent en premier lieu une différenciation entre les deux rives de la Méditerranée, et en second lieu, une similitude génétique de notre population avec les populations Nord Africaines en particulier, avec les populations Algériennes et la majorité des populations Marocaines. La comparaison des populations du pourtour méditerranéen de la base de données montre tout d'abord une différenciation des populations en deux grands groupes. Ils reflètent en majorité les populations des deux rives de la Mer Méditerranée. Cette différenciation génétique peut s'expliquer par l'existence d'une barrière géographique à la migration : la Méditerranée aurait pu agir comme une barrière géographique durant une période très éloignée de la nôtre. Elle aurait conduit à une évolution indépendante des populations après leur implantation (Bosch et al., 1997, Simoni et al., 1999).

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 composante principales confirment ce résultat. Arnaiz Villena et Al. (1999 a,b) rapportent que le berbère se parlait des Iles Canaries (Guanche) jusqu'à l'Égypte, et de la côte sud de la Méditerranéenne jusqu'à l'aire subsaharienne. Les peuples berbères ont été forcés à émigrer vers 6 000 ans avant J.-C., lorsque les conditions hyper arides du Sahara se sont établies. Ils se sont dirigés vers les Iles Canaries, vers le Proche Orient, vers la péninsule ibérique et vers les îles méditerranéennes. Les populations d'Afrique du Nord pourraient aussi avoir peuplé certaines régions de l'Europe du Sud et traversé le détroit de Gibraltar à une époque où il n'était pas encore sous les eaux (Chabaani et Cox, 1988).

Une partie du patrimoine génétique et culturel des ibères est due aux Berbères (Arnaiz Villena, 1999). La grande similarité qui existe entre la population de Honaïne et les populations arabes et berbères Nord Africaines et Algériennes en particulier, corrobore avec la majorité des résultats obtenus à l'aide de nombreux marqueurs génétiques (Dugoujon et al; 2003), et rend légitime de supposer que de grandes affinités génétique, géographiques, linguistiques et culturelles sont installées entre ces populations. Ces affinités peuvent avoir des origines plus récentes et être expliquées en partie par les grands flux migratoires et les mouvements démographiques ininterrompus des tribus et des familles de tous les coins de l'Afrique du Nord, ce qui a conduit à une homogénéisation du pool génique.

La proximité génétique des populations arabophones et berbérophones est aussi un résultat important à souligner, en accord avec la majorité des observations effectuées à l'aide de nombreux autres marqueurs génétiques (Dugoujon et al., 2003). 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. En ce qui concerne la population de Honaïne, elle présente des fréquences qui la différencient des autres populations. Cette différenciation peut s'expliquer par son isolement relatif dû aux conditions de vie particulières des zones de haute montagne, propices à l'endogamie, aux effets fondateurs et à la dérive génétique.

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 recourir à un grand nombre de gènes variables pour retracer les migrations et mesurer les distances génétiques.

Références bibliographiques

- ✓ Arnaiz-Villena A, Martinez-Laso J, Alonso-Garcia J. 1999a. Iberia: population genetics, anthropology, and linguistics. *Hum Biol.* Oct;71(5):725-43.
- ✓ Arnaiz-Villena A. 1999b. Berbère et génétique historique. Traduit par Rachid Raha (Président du CMA). *EL PAIS*, 29-12.
- ✓ Atasoy, S., and Abaci-Kalfoglu, E., 1995, Polymorphism of conventional genetic markers and HLA system in Turkey. *Anthropologischer Anzeiger*, 55, 55-61.
- ✓ Bosch, E., Calafell, F., Perez-Lezaun, A., Comas, D., Mateu E. et Bertranpetit J. 1997. Population history of North Africa : Evidence from classical genetic markers. *Hum. Biol.*, 69, pp : 295-311.
- ✓ Bonné, B., Ashbel, S., Modal, M., Godber, M. J., Mourant, A. E., Tillis, D. and Woodhead, G. 1970, Te Habbanite Isolate, Genetic Markers in Te Blood. *Human Heredity*, 20, 609-622.
- ✓ Camps, G., 1980. Les Berbères. Mémoire et identité. (ed). Paris, 260p.
- ✓ Chaabani H. et Cox D.W. 1988. Genetic characterization and origin of Tunisian Berbers. *Hum ered*38: 308-316.
- ✓ Chadli, S. 2002, Contribution à la caractérisation anthropogénétique de la population Berbère du Souss-Haha: Analyse du polymorphisme des dermatoglyphes et des groupes sanguins ABO, Rhésus, MNSs et Duffy. Mémoire DESA, UNIV. Chouaib Doukkali, Eljadida, Maroc. Chiaroni J., 2003. Etude anthropogénétique de la population Comorienne de Marseille. Thèse de Doctora. Université de la Méditerranée – Aix- Marseille II. Faculté de Médecine de Marseille.
- ✓ Dugoujon J.M., Lemaire O., Guitard E., Sevin A., Larrouy G., Baali A., Sabir B. et Cherkaoui M 2003.
Etude de la diversité des haplotypes des Immunoglobulines (systèmes Gm et Km) d'une population berbère de la vallée de Tachedirt (Haut Atlas, Maroc). Comparaison à d'autres populations Berbères, Africaines et Européennes (soumis aux Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris)
- ✓ Goudemand M., Salmon Ch. Immuno-hématologie et immunogénétique. 1980, *Flammarion Médecine-Sciences*.
- ✓ 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 historical evidence in the Mediterranean peoples. *Ann Hum Biol.* 29, 473-487.
- ✓ Janot Christian., Mannessier. L., 2002. Immuno-hématologie et groupes sanguins. Cahier de formation. Bioforma. Biol Médicale.
- ✓ Kandil, M., Luna, F., Chafik, A., Zaoui, D. et Moral, P., 1998, Digital dermatoglyphic patterns of Moroccan Arabs: relationships with Mediterranean populations. *Annals of Human Biology*, 25 (4), 319-329.

- ✓ Lefevre Witier, P., Aireche, H., Benabadji, M., Pierre, D., Melvin, K., Sevin, A., Crawford, M.H., 2006. Genetic structure of Algerian population. *American journal of Human Biology*, 18, 492-501.
- ✓ Manzano, C., Aguirre, A. I., Iriondo, M., Martin, M., Osaba, L. et De La Rúa, C., 1996, Genetic polymorphisms of Basques from Gipuzkoa: genetic heterogeneity of the Basque population. *Ann. Hum. Biol.*, 23 (4), 285-296.
- ✓ Mesa, M. S., Arroyo-Pardo, E., Martínez-Labarga, Cristina., Ocana, M. A., Arroyo, M., Bandres, F., 2001, Variability of Six STR Loci in Populations from Central Spain, *Human Biology*, 73, 5, 745-753.
- ✓ Memmi, M., Moral, P., Calo, C.M., Autori, L., Mameli, G.E., Succa, V., Varesi, L., Vona, G., 1998, Genetic structure of southwestern Corsica (France). *American Journal of Human Biology*, 10, 567-577.
- ✓ Moreno, P. et Pons, J., 1985, Dermatoglyphos digitales y palmares en habitantes de Menorca. *Act. IV Cong. Esp. Anthro. Biol.*, (Barcelona, España).
- ✓ Mourant AE, Kopec A, Sobczak K., 1975, The distribution of the human blood groups and other polymorphisms. *Oxford monographs on medical genetics*. Oxford, (Oxford University Press), p. 84–88.
- ✓ Piazza, A., Olivetti, E., Barbanti, M., Reali, G., Domenici, R., Bercioli, 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.
- ✓ Poupouridou A. Et Scheil H. G., 1995, the distribution of the ABO and Rhesus blood groups (phenotype and allele frequencies) in the population of Cyprus. *Gene Geography*, 9, 197-205.
- ✓ Reynolds, J., Weir, B.S. et Cockerham, C.C., 1983, Estimation of coancestry coefficient: Basic for a short-term genetic distance. *Genetic*, 105, 767-779.
- ✓ Ruffie, J et Colombiers, P., 1987, *Genétique générale et humaine*. Edition se, Toulouse, p. 38-39.
- ✓ Saitou, N et Nei, M., 1987, The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.*, 4, 406-425.
- ✓ Simoni, L., Guerresi, P., Pettener, D., and Barbujani G. 1999. Patterns of gene flow inferred from genetic distances in the Mediterranean region. *Human Biology*, V : 71, N° : 3, pp : 399-415.
- ✓ Thompson, J.S., et Thompson, M.W., 1978, *Précis de génétique Médicale*. Doin Editeurs, 2ème Edition.
- ✓ Vona et al., 1998, Genetic structure of western Sicily. *Inter J Anthro*, 13, 137-147.