

ÉTUDE DU POLYMORPHISME SANGUIN DANS LA POPULATION de HONAÏNE: ANALYSE COMPARATIVE A L'ÉCHELLE MÉDITERRANÉENNE

Hayet Bouazza¹, Ammaria Aouar Metri^{1,2}, Abdellatif Moussouni^{2,3}, Nafissa Chabni⁴, Salima Otmani², Djamel Belkhatir¹, Majda Sahi¹, Adel Sidi-Yakhlef², Fatiha Benkou², Saïd Bachir¹

¹Laboratoire 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, Algérie.

²Laboratoire d'Anthropologie des Religions et comparaison, Faculté des Sciences Humaines et Sociales, Université Abou Bekr Belkaïd de Tlemcen, Algérie.

³Centre national de recherches préhistoriques, anthropologique et historique (Station de Tlemcen).

⁴Cancerlab et Service d'Epidémiologie et Démographie
hbouazza2903@yahoo.com

RÉSUMÉ

Bouazza, Hayet, Ammaria Aouar Metri, Abdellatif Moussouni, Nafissa Chabni, Salima Otmani, Djamel Belkhatir, Majda Sahi, Adel Sidi-Yakhlef, Fatiha Benkou, Saïd Bachir. 2017. Etude du polymorphisme sanguin dans la population de poules de Honaine: Analyse comparative à l'échelle Méditerranéenne. Journal Scientifique Libanais. Vol. 18, No. 2: 255-263.

Dans cette étude, nous présentons les résultats du polymorphisme sanguin chez 200 individus de la population du littoral de Honaine (extrême Ouest de l'Algérie). Quatre groupes sanguins sont sélectionnés (ABO, Rhésus, MNSs, et Duffy). D'un point de vue ethnique cette population appartient à la tribu berbère des Koumia établie dans les monts de Traras avant le 16^{ème} siècle. Les résultats obtenus montrent que les quatre systèmes sont en équilibre de Hardy-Weinberg. Par rapport aux populations du bassin méditerranéen, notre population se caractérise par une fréquence élevée de l'haplotype Rh*cde et de l'allèleFy*o. Les relations inter-populationnelles étudiées au moyen de distances génétiques des groupes sanguins et l'arbre phylogénétique montrent de grandes similitudes entre la population de Honaine et les populations nord-Africaines.

Mots-clés: population, Honaine, littoral d'Algérie, Méditerranée, polymorphisme, marqueurs sanguins, anthropogénétique.

ABSTRACT

Bouazza, Hayet, Ammaria Aouar Metri, Abdellatif Moussouni, Nafissa Chabni, Salima Otmani, Djamel Belkhatir, Majda Sahi, Adel Sidi-Yakhlef, Fatiha Benkou, Saïd Bachir. 2017. A study on blood group polymorphism of Honaine poultry population: comparative analysis at the Mediterranean scale. Lebanese Science Journal. Vol. 18, No. 2: 255-263.

In this study, the results of the analysis of blood group polymorphism (ABO, Rhesus, MNSs, Duffy) in a sample of 200 individual hens from the coastal population of Honaine (Western Algeria) are presented. From an ethnic point of view this population belongs to the Berber tribe of the Koumia established in the Traras mountains before the 16th century. The results obtained showed that the four systems are in Hardy-Weinberg equilibrium. Compared to the populations of the Mediterranean basin, our population is characterized by a high frequency of Rh*cde haplotype and Fy * o allele. The inter-population relations studied using genetic distances of the blood groups and the phylogenetic tree showed a great affinity between the hen population of Honaine and the hen populations of North Africa.

Keywords: population, Honaine, Algeria coast, Mediterranean, polymorphism, markers blood, anthropo-genetics.

INTRODUCTION

En Afrique du nord, les grandes questions de l'histoire du peuplement passent nécessairement par l'étude des populations berbères. En effet, leurs ancêtres sont considérés comme les plus anciens habitants du nord de l'Afrique. Ces Berbères ont par la suite connu un passé historique très mouvementé avec de nombreuses conquêtes, invasions et tentatives d'assimilation. La plus récente et importante d'entre elles est la conquête arabe amorcée au VII^{ème} siècle qui a conduit à de profonds changements culturels, linguistiques et religieux. Le refus d'islamisation et d'arabisation de certains groupes berbères a contraint ces derniers à se retirer dans des régions isolées (Coudray *et al.*, 2006). La diversité génétique des populations actuelles est née des polymorphismes qui se sont accumulés avec le temps et qui ont notamment résisté au tamis de la sélection, de la dérive génétique ou à divers événements démographiques (Mazières et Chiaroni, 2015).

Le sang est considéré comme l'un des outils essentiels pour comprendre l'origine ethnique des personnes et pour la transfusion sanguine. Les groupes sanguins ont un mécanisme héréditaire distinct qui permet de mesurer la variabilité biologique en termes de caractères car ils ne sont pas soumis à l'influence de l'environnement (Ara *et al.*, 2011). Les groupes sanguins sont des marqueurs génétiques présentant un grand degré de polymorphisme, ce qui leur donne un intérêt particulier dans les études de micro différenciation et de l'histoire migratoire des populations (Lefevre et Witier 2006 ; El Ossmani *et al.*, 2008 ; Clavier, 2012). Les groupes sanguins érythrocytaires peuvent être définis comme l'ensemble des variations antigéniques allotypiques, génétiquement transmises, détectées par des anticorps à la surface de la membrane érythrocytaire (Ouchari *et al.* 2013). La majorité des antigènes de ces groupes sanguins peut être regroupée au sein des systèmes, sur des critères génétiques. Même si l'on connaît mieux les fonctions des molécules sur lesquelles ils s'expriment, leur rôle exact sur l'érythrocyte et la signification biologique de leur polymorphisme restent toujours une question d'actualité (Chiaroni *et al.*, 2005).

De nombreuses études ont été réalisées sur différentes populations de l'Afrique du Nord dans le but de d'établir des distances génétiques par rapport à d'autres populations (Aireche et Benabadi, 1994 ; Bosch *et al.*, 2001 ; Amory *et al.*, 2005; Coudray *et al.*, 2006 ; Lefevre et Witier 2006; Ben Halima *et al.*, 2015).

L'objectif de la présente étude est de contribuer à la caractérisation anthro-génétique de l'ouest Algérien par l'étude de la population endogame du littoral de Honâine en analysant le polymorphisme des groupes sanguins ABO, Rhesus, MNSs et Duffy.

La population de Honâine, présente la particularité d'être enrichie génétiquement et culturellement par différentes invasions, et, en même temps, d'avoir préservé une part importante de son patrimoine génétique originel. La structure de sa population et un certain isolement géographique nous ont incités à évaluer sa diversité génétique et à la comparer, d'une part, aux populations nationales et, d'autre part, aux populations du bassin Méditerranéen.

Honâine, ville portuaire est une commune de la wilaya de Tlemcen, située à l'extrême nord-ouest de l'Algérie. Elle est limitée géographiquement au nord par la mer Méditerranée, au sud par la commune de Béni Ouarsous, à l'ouest par la commune de Ghazaouet (ouest Tlemcen), et à l'est par la commune d'Oulhassa (ouest Ain Temouchent) (Figure 1). La commune de Honâine s'étend sur une superficie totale de 6385 hectares (Ha), le nombre d'habitants est de 5408 (PDAU, 2008).

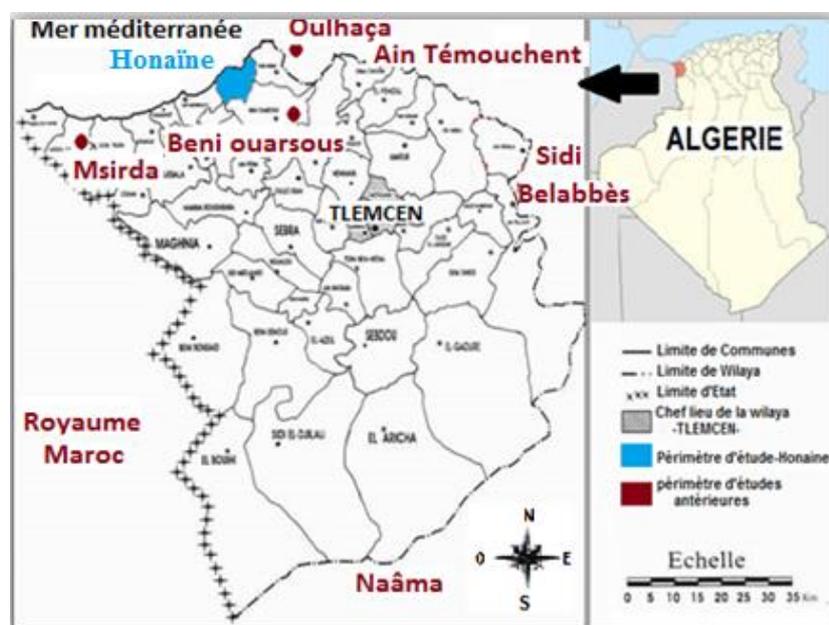


Figure 1. La situation géographique de la commune de Honaïne dans la wilaya de TLEMEN.

MATÉRIELS ET MÉTHODE

L'étude de polymorphisme sanguin a porté sur 200 individus, au sein du laboratoire d'analyses médicales de la polyclinique de Honaïne. Les 200 individus sont volontaires, en bonne santé, originaires de la région depuis au moins trois générations et n'ont pas de liens de parenté.

Toute personne incluse dans cette étude est informée et consentante (décret exécutif n° 276 du 06 juillet 1992 relatif au code de déontologie médicale). Pour chaque individu nous avons déterminé 4 systèmes sanguins (ABO, Rhésus, MNSs et Duffy), avec la méthode classique d'hémagglutination sur diapositives avec des antisérums.

Les fréquences alléliques et haplotypiques ont été déterminées par la méthode du maximum de vraisemblance basée sur l'hypothèse de l'équilibre de Hardy Weinberg. Pour vérifier ce dernier, nous avons utilisé le test du χ^2 qui mesure l'écart entre les fréquences observées et les fréquences théoriques. Les comparaisons inter-populationnelles et la diversité génétique ont été étudiées également par le test du χ^2 réalisé par le programme BIOSYS-1.7.

Le calcul des distances génétiques et la construction des arbres phylogénétiques ont été réalisés à l'aide du programme PHYLIP 3.6 C. Les analyses en composantes principales ont été assurées par le logiciel informatique MINITAB-16.

Pour le degré de la signification du test du χ^2 :

$P > 0.05$: une différence non significative (NS)

$P < 0.05$: une différence significative (*)

$P < 0.01$: une différence hautement significative (**)

$P < 0.001$: une différence très hautement significative (***)

RÉSULTATS

L'hétérozygotie calculée par système révèle que le groupe sanguin le plus hétérogène est le système Duffy avec une valeur $H = 0.66$; suivi par le système ABO ($H = 0.47$) ensuite le système MNSs ($H = 0.43$) alors que le système

le moins hétérogène est le groupe Rhésus avec $H = 0.32$. L'hypothèse de l'équilibre de Hardy-Weinberg est acceptée à $p > 5\%$; nous considérons donc les quatre systèmes: ABO, Rhésus, MNSs et Duffy en équilibre génétique.

Pour trouver des coordonnées qui caractérisent notre population dans le contexte nord-Africain et Méditerranéen, nous avons comparé les distributions alléliques et haplotypiques avec celles des populations du pourtour Méditerranéen (l'Afrique du nord et le nord de la Méditerranée) (Tableau 1). Le but est de rechercher si des liens historiques et de proximités géographiques peuvent être à l'origine de possibles relations génétiques. Ces comparaisons sont réalisées à l'aide des données bibliographiques disponibles.

Tableau 1. Les populations ayant servi pour la Comparaison des fréquences alléliques des groupes sanguins. (1): Cités par Auar *et al.*, 2009

Populations	Nombre	Références
Honaïne	20	Présente étude
Beni Ouarsous	20	Belkhatir <i>et al.</i> , 2014
Mssirda	20	Mortad N., 2013
Oualhaca	20	Aouar Metri <i>et al.</i> , 2009
Oran	87	Aireche <i>et al.</i> , 1990
Alger	295	Aireche <i>et al.</i> , 1990
Berbères de Tizi-Ouzou	467	Aireche <i>et al.</i> , 1990
Berbères d'Al-Hoceima	79	Afkir, 2004 (1)
Berbères du Moyen Atlas	140	Harich <i>et al.</i> , 2002
Berbères de Souss	93	Chadli, 2002
Libye (Tripoli+Benghazi)	169	Walter <i>et al.</i> , 1975 (1)
Egypte	295	Bonné <i>et al.</i> , 1971(1)
Centre d'Espagne	1988	Colino, 1978 (1)
Catalogne	125	Aluja <i>et al.</i> , 1988 (1)
Basques	586	Manzano <i>et al.</i> , 1996 (1)
France (corse)	132	Ikin., 1963 (1)
Italie (Centre)	450	Piassa <i>et al.</i> , 1989 (1)
Grèce (continentale)	114	Tsiakalos <i>et al.</i> , 1980 (1)
Grèce (Crète)	115	Barnicot <i>et al.</i> , 1965 (1)
Malte	117	Ikin., 1963 (1)
Turquie (Centre)	876	Atasoy <i>et al.</i> , 1995 (1)

Les fréquences des allèles A, B et O sont respectivement de 0.272, 0.054 et 0.674. Les résultats montrent que la population de Honaïne ne présente aucune différence significative à l'échelle régionale (Beni Ouarsous, Msirda et Oualhaca) (Figure 1). Cependant des différences significatives sont observées par rapport aux populations nationales (Oran, Alger et Berbères de Tizi-Ouzou).

La détermination des haplotypes du système Rhésus a révélé la présence de quatre haplotypes : cde (r), CDe (R1), cDe (R0), cDE (R2) avec des fréquences respectives de 34%, 29%, 28% et 9%. Le système Rhesus montre une grande hétérogénéité dans la distribution des haplotypes dans le bassin Méditerranéen. La fréquence de L'haplotypes cde (34%) se situe parmi les valeurs moyennes enregistrées en Afrique du nord, ainsi que sur la rive nord de la Méditerranée. Tandis que La fréquence de l'haplotype CDe (29%) reste parmi les valeurs moyennes à l'échelle de l'Afrique du nord et elle est inférieure à la valeur minimale enregistrée au nord de la Méditerranée. La fréquence de l'haplotype cDe (28%) se situe parmi les valeurs maximales en Afrique du nord et reste nettement supérieure à la valeur maximale enregistrée sur la rive nord de la Méditerranée. Ce constat pourrait faire de cDe un haplotype important pour la discrimination entre les populations des deux rives de la Méditerranée. Nous remarquons que l'haplotype cDE (9%) ne présente pas beaucoup de variation par rapport aux valeurs trouvées dans la majorité des autres populations. Il est à remarquer, également, que les haplotypes CDE, CdE, Cde et cdE sont absents.

Les résultats des fréquences alléliques du système MNSs de la population de Honâine montrent que, l'haplotype le plus fréquent est MNS*Ns (51.3%). En comparaison avec les populations méditerranéennes cette fréquence reste supérieure à la valeur maximale enregistrée. La fréquence de l'haplotype MNS*Ms (21.4%) s'insère dans l'intervalle de variation des populations méditerranéennes sélectionnées. Les fréquences des haplotypes MNS*NS et MNS*MS sont respectivement 15.2% et 12.1%.

Pour l'analyse de ce système nous avons regroupé les allèles Fy*b et Fy*o, parce que l'allèle Fy*o est quasiment absent en Europe. Les résultats des comparaisons des fréquences alléliques du système Duffy, montrent que la population de Honâine ne présente aucune différence avec les populations Méditerranéennes à l'exception de la Grèce continentale et de la Turquie, où la différence est significative.

Les résultats de la diversité totale (FPT) et de ses deux composantes intra-région (FPR) et inter-région (FRT) sont groupés dans le tableau 2. Les valeurs moyennes, par système montrent que la diversité intra-région est supérieure à la diversité inter-région à l'exception du système Duffy.

Tableau 2. Diversité génétique intra-inter régions et total des groupes sanguins dans le bassin Méditerranéen.

Groupes sanguins	FPR	FRT	FPT
ABO	0,015	0,003	0,018
RHESUS	0,023	0,016	0,039
MNSs	0,02	0,009	0,029
DYFFY	0,089	0,131	0,208

► Affinités inter-populationnelles

La mise en évidence des relations inter populationnelles est effectuée par deux types d'analyses : l'analyse en composante principale (ACP) et l'analyse en fonction des distances génétiques que nous schématisons sous forme d'un arbre Neighbor-Joining.

L'analyse en composante principale a été effectuée pour localiser notre population dans le bassin Méditerranéen à partir des fréquences des groupes sanguin étudiés.

Les résultats de l'analyse de l'affinité génétique sont représentés par les figures 2 et 3. Les deux premiers axes présentent, respectivement, 21,7 % et 19,7%, soit un total de 41,4% de la variabilité globale.

Globalement sur le premier axe, on remarque que la population de Honâine se situe au milieu du nuage nord-africain et semble corrélée positivement avec les populations Algériennes, alors que l'on observe un détachement de la population de la France vers le côté positif. L'axe 2, oppose les deux continents: la rive nord de la Méditerranée et la rive sud, cette séparation semble être principalement due aux allèles (NS), (Ns), (ABO*B), et (Cde) qui caractérisent les populations nord Africaines. Ceci montre une grande cohérence géographique.

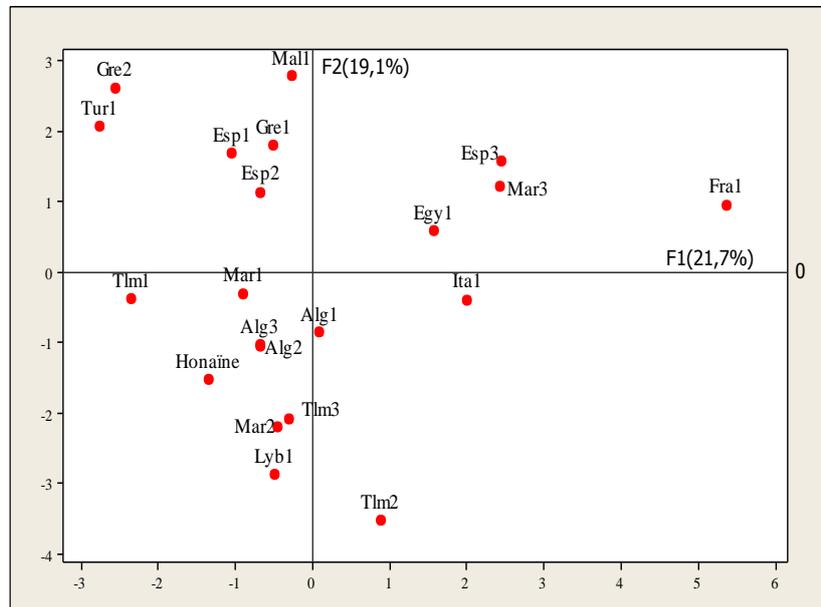


Figure 2. Analyse en composantes principales de la distribution des systèmes sanguins à l'échelle de la Méditerranée.

Beni Ouarsous (Tlm1), Msirda (Tlm2), Oulhaça (Tlm3), Oran (Alg1), Alger (Alg2), Berbères de Tizi-Ouzou (Alg3), Berbères d'Al-Hoceima (Mar1), Berbères du Moyen Atlas (Mar2), Berbères de Souss (Mar3), Libye (Lyb1), Egypte Sinai (Egy1), Centre d'Espagne (Esp1), Catalogne (Esp2), Basques (Esp3), France Corse (Fra1), Italie Lazio Centre (Ital), Grèce (Continentrale) (Gre1), Grèce (Crète) (Gre2), Malte (Mal1), Turquie (centre) (Tur1).

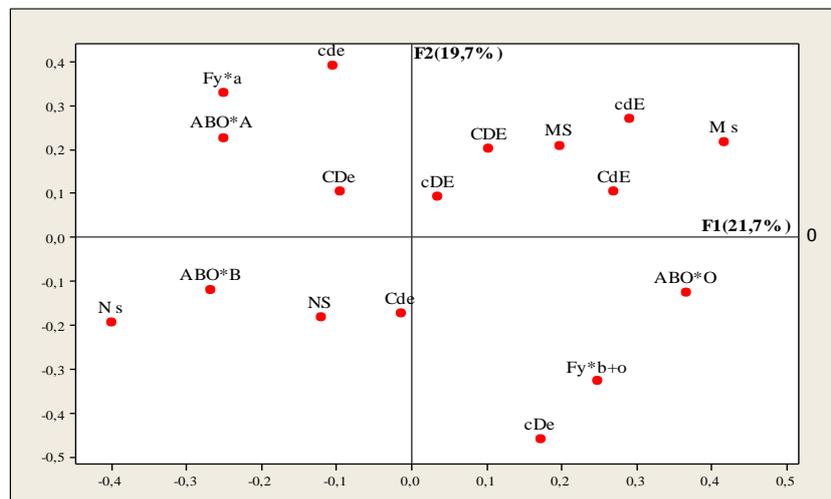


Figure 3. La contribution des fréquences alléliques et haplotypiques des systèmes sanguins dans la figure 2.

La classification hiérarchique (Dendrogramme) obtenue à partir de la matrice des distances génétiques (Figure 4) et de l'arbre phylogénétique de type Neighbor-Joining (Saitou and Nei, 1987) (Figure 5) montrent une distinction entre trois clusters selon l'affinité génétique existante entre les populations: le premier comprend la population de Ouahaca, la Catalogne et la Libye; le deuxième regroupe les populations nord-ouest Africaines et le

troisième les populations nord Méditerranéennes y compris l’Egypte de l’Afrique du nord. La population de Honaïne occupe une position plus proche des populations nord Africaines, cette position pourrait marquer la différenciation qui serait survenue en raison de l’isolement des différents groupes populationnels.

DISCUSSION

L’analyse anthropo-génétique effectuée sur la population berbère de Honaïne par l’étude comparative du polymorphisme des groupes sanguins ABO, Rhésus, MNSs, et Duffy, a permis de dégager les grands contrastes de la structure génétique de cette population expliquant sa positions à l’échelle Méditerranéenne.

L’analyse de la diversité génétique liée à certains haplotypes montre une différence qui oppose les deux rives de la Méditerranée. Ceci pourrait être dû à la barrière géographique qui aurait joué le rôle majeure dans ce contraste, et qui aurait conduit à une évolution indépendante des populations. De même, la divergence culturelle aurait pu contribuer à cette différence (Simoni *et al.*, 1999, Bosch *et al.*, 1997, Sabir *et al.*, 2004).

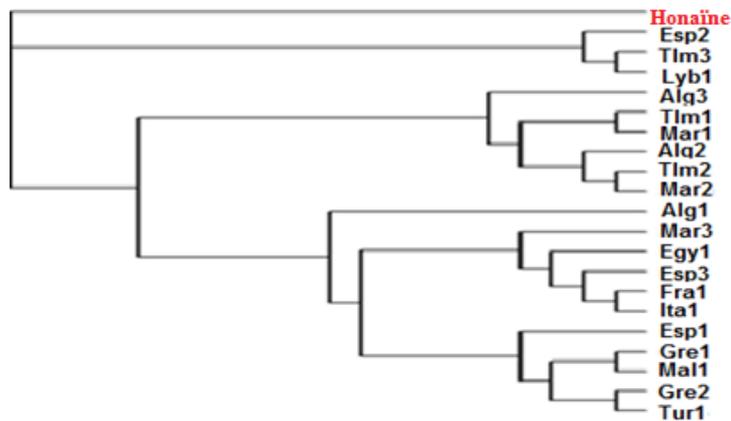


Figure 4. Dendrogramme (distances euclidiennes) obtenu à partir de la matrice des fréquences des groupes sanguins à l’échelle de la Méditerranée.

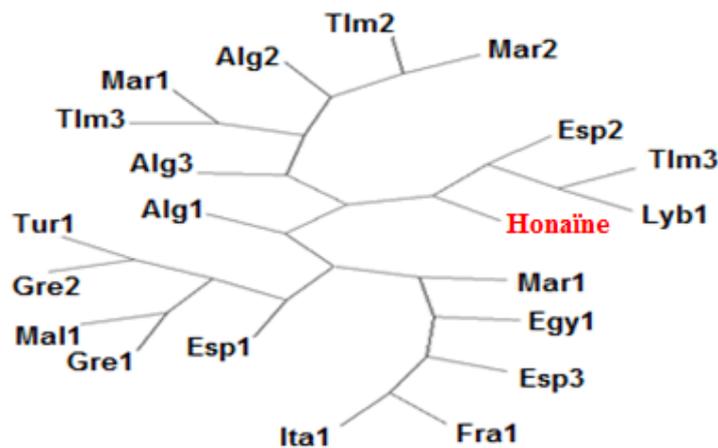


Figure 5. Arbre de type Neighbor-Joining de la matrice des distances génétiques étudiée en fonction des groupes sanguins (abréviation tableau 2).

Par ailleurs, l'analyse de la diversité génétique révèle que trois des quatre systèmes présentent une diversité intra-région supérieure à la diversité inter-région. Ceci pourrait être lié aux phénomènes migratoires entre les populations considérées, dont l'impact serait plus important pour les populations à effectif réduit (Chiaroni et al., 2005 ; Chaabani et al., 1984). En Afrique du nord, seuls certains groupes berbères restent plus ou moins isolés génétiquement, par exemple le groupe actuel à Kesra en Tunisie et la population kabyle au nord de l'Algérie (Chaabani et al., 1984).

Les relations inter populationnelles étudiées au moyen de distances génétiques des groupes sanguins et l'arbre phylogénétique montrent les grandes affinités entre la population de Honaïne et les populations nord-Africaines. La grande similarité qui existe entre la population de Honaïne et les populations berbères nord-Africaines et Algériennes en particulier, corrobore avec la majorité des résultats obtenus à l'aide de nombreux marqueurs génétiques (Bosch *et al.*, 2001 ; Dugoujon *et al.*, 2003 ; Lefevre *et al.*, 2006 et Ben Halima *et al.*, 2015), 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 par les mouvements démographiques ininterrompus des tribus et des familles de tous l'Afrique du nord.

Cependant la population de Honaïne, présente des fréquences haplotypiques qui la différencient des autres populations. Cette différenciation peut s'expliquer par son isolement relatif dû aux conditions de vie particulières, propices à l'endogamie, un taux élevé des mariages consanguins (30%), aux effets fondateurs et à la dérive génétique (Aouar-Metri et al., 2009; Moussouni et al., 2011).

Les résultats des fréquences haplotypiques Rh (Aouar-Metri *et al.*, 2012 ; Ben Halima *et al.*, 2015) ont montré une homogénéité génétique entre les populations de l'Afrique du nord pour des vastes zones, quel que soit leur statut linguistique actuel. Cependant, une micro-différenciation importante pourrait être notée lorsque de petites zones sont considérées.

Enfin, il est important de souligner que la caractérisation anthropo-génétique de notre population par les marqueurs génétiques utilisés dans cette étude, doit être confirmée par d'autres analyses plus approfondies (ADN mitochondriale, chromosome Y, STRs, SNPs...). Dans la perspective d'une caractérisation plus précise et reconnue, qui permettra une meilleure illustration des événements ethno-historiques propres à la région de Honaïne.

REMERCIEMENTS

Nous tenons à remercier la population de Honaïne ainsi que le personnel de la Mairie, le personnel du PDAU et le personnel de l'EPSP de Honaïne.

RÉFÉRENCES

- Aireche, H., Benabadji, M. 1994. Les fréquences géniques dans les systèmes ABO, Pet Lutheran en Algérie. TCB, 3: 279 – 289.
- Aireche, H., Benabadji, M. 1990. Kidd, MNSs gene frequencies in Algeria. Gene Geography, 4: 1-8.
- Aireche, H and Benabadji, M. 1988. Rh and Duffy gene frequencies in Algeria. Gene Geography, 2: 1-8.
- Amory, S., Dugoujon, J.-M., Despiau, S., Roubinet F., El-Chennawi, F. et Blancher A. 2005. Diversité génétique de l'allèle O dans des populations berbères, Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris, 17: 199-207.
- Aouar-Metri A, Sidi-Yakhlef A, Biémont C, Saïdi M, Chaïf, O. and Ouraghi, A. 2012. A genetic Study of nine populations from the region of Tlemcen in Western Algeria: a comparative analysis on the Mediterranean scale. Anthropological Science (Japanese Series), 120: 209-216.
- Aouar-Metri, A., Sidi-Yakhlef, A., Dali Youcef, M., Chaïf, O., Sour, S., 2009. Caractérisation anthropo-génétique de la population de Oulhaça dans l'Ouest Algérien: Analyse comparative du polymorphisme des dermatoglyphes et des groupes sanguins (ABO, Rhésus, MNSs et Duffy) à l'échelle de la Méditerranée. Antropologie, 20: 57-70.
- Ara, G., Siddique, Y. H. and Afzal, M. 2011. Some observations on genetic diversity and micro differentiation processes among some populations of North India using ABO Subtypes and Rh Markers. Advances in Biological Research, 5(5): 260-266.

- Belkhatir, D., Aouar-Metri A., Benkou, F., Bouazza, H., Sidi-Yakhlef, A., AitYahia, R. and Bachir, S. 2014. Caractérisation anthropo-génétique de la population de Beni Ouarsous dans les monts de Traras par le polymorphisme des groupes sanguins (ABO, Rhésus, MNSs et Duffy): Analyse comparative à l'échelle Méditerranéenne. *Antropologie*, 31: 89-97.
- Ben Halima A., Bahri R., Esteban E., Moral P. and Chaabani H., 2015. Variation of Rhesus Haplotype Frequencies in North Africans and in Worldwide Population Analyses. *Int J Hum Genet*, 15(1): 21-31.
- 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: 295-311.
- Bosch, E., Calafell, F., Comas, D., Oefner Peter, J., Underhill Peter, A. and Bertranpetit, J. 2001. High-Resolution Analysis of Human Y-Chromosome Variation Shows a Sharp Discontinuity and Limited Gene Flow between Northwestern Africa and the Iberian Peninsula. *American J. of Human Genetics*, 68: 1019-1029.
- Chaabani, H., Helal, A.N., Van Loghem, E., Langaney, A., Benammar Elgaaiied, A., Rivat Peran, L. and Lefranc, G., 1984. Genetic study of Tunisian Berbers. I. Gm, Am and Km immunoglobulin allotypes and ABO blood groups. *J. of Immunogenetics*, 11: 107-113.
- Chadli, S., Brakez, Z., Belhachmi, A., Izaabel, H. 2007. Gradient de distribution des alleles du système ABO au Maroc: Polymorphisme du système ABO dans la population du Souss. *Antropologie*, 15: 49-53.
- Chiaroni J., Ferrera V., Dettori I., Roubinet F. 2005. Groupes sanguins érythrocytaires ; EMC-Hématologie 2: 53-112.
- Clavier B., 2012. Le groupage sanguin en question: actualité et perspectives. *Revue Francophone des Laboratoire*, 439: 43- 48 .
- Coudray, C., Guitard, E., Gibert, M., Sevin, A., Larrouy, G. et Dugoujon, J.M. 2006. Diversité génétique (allotypique GM et STRs) des populations Berbères et peuplement du nord de l'Afrique. *Antropologie*, 11: 75-84.
- 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 Tacheddirt (Haut Atlas, Maroc). Comparaison à d'autres populations Berbères, Africaines et Européennes. *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, 17 (1-2): 57-72.
- El Ossmani, H., Bouchrif, B., Glouib, K., Zaoui, D., El Amri, H. et Chafik, A. 2008. Etude du polymorphisme des groupes sanguins (ABO, SS, RHESUS ET DUFFY) chez la population arabophone du plateau de Beni Mellal. *Lebanese Science Journal*, 9: 17-28.
- Harich, N., Esteban, E., Chafik, A., Lopez-Alomar, A., Vona, G. and Moral, P. 2002. Classical polymorphisms in Berbers from Moyen Atlas (Morocco): genetics, geography and historical evidence in the Mediterranean peoples. *Annals of Human Biology*, 29: 473-487.
- Lefevre-Witier, P., Aireche, H., Benabadji, M., Pierre, D., Melvin, K., Sevin, A. and Crawford, M.H. 2006. Genetic structure of Algerian populations. *American journal of Human Biology*, 18: 492-501.
- Mazières, Chiaroni J. 2015. Approche anthropologique des groupes sanguins érythrocytaires. *Etablissement Français du Sang. Les groupes sanguins érythrocytaires*, John Libbey Eurotext, pp.335-340.
- Mortad N. 2013. Anthropogenetic characterization of the population of Msirda based on the polymorphism of blood groups ABO, Rhesus, and Duffy MNSs across the Mediterranean. *Annals of Biological Research*, 8:101-111.
- Moussouni, A., Aouar Metri, A. 2011. Etude du polymorphisme des dermatoglyphes et des groupes sanguins (ABO, Rhésus, MNSs, Duffy et Kell) chez la population de Sabra dans le nord-ouest Algérien. *Antropologie*, 25: 65-80.
- Ouchari, M., Jemni Yacoub, S., Houissa, B., Abdelkefi, S., Chakroun, T., Bouzlama, M., Jerray, I., Belhedi, S. et Hmidab, S. 2013. Système RH : dépistage de D partiels avec RHD/RHCE gène hybride. *Transfusion Clinique et Biologique*, 20: 35-39.
- Sabir, B., Cherkaoui, M., Baali, A., Hachri, H., Lemaire, O., et Dugoujon, J.M. 2004. Les dermatoglyphes digitaux et les groupes sanguins ABO, Rhésus et Kell dans une population Berbère du Haut Atlas de Marrakech. *Antropologie*, 7: 211- 221.
- Saitou, N et Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*. 4: 406-425.
- Simoni, L., Gueresi, P., Pettener, D., and Barbujani G. 1999. Patterns of gene flow inferred from genetic distances in the Mediterranean region. *Human Biology*, 71: 399 - 415.