

Il existe des milliers de caractères génétiques variables, la combinaison de leurs variantes est à l'origine de la diversité génétique. Transmis d'une génération à l'autre, les gènes témoignent de nos relations de parenté. Nous héritons nos gènes de nos parents qui, eux-mêmes les ont reçus de nos grands-parents. Ainsi, depuis la nuit des temps, notre patrimoine génétique se transmet d'une génération à l'autre selon les lois de la génétique.

Le mot «patrimoine» préfigure l'unité de tous les peuples au sein de la même espèce humaine et suggère que les différences que l'on peut imputer à ces peuples qui composent notre espèce sont des nuances culturelles bien plus que génétiques.

L'évolution du patrimoine génétique au cours des générations est étudiée par la génétique des populations. Cette génétique traite les fluctuations des fréquences des différentes versions d'un gène (allèles) au cours du temps dans les populations d'êtres vivants, sous l'influence de la sélection naturelle, de la dérive génétique, des mutations et des migrations, et cherche à expliquer l'adaptation et la spéciation. Cette variabilité étudiée d'origine génétique est appelée polymorphisme.

La diversité génétique des populations humaines actuelles reflète les chemins suivis 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.

Ainsi les études des variations du génome humain peuvent avoir deux applications dans le cadre anthropologique :

Le premier est d'étudier la dynamique évolutive,

Le second permet de retracer l'évolution et l'histoire des populations.

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

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.

La population algérienne a fait l'objet de quelques analyses hémotypologiques [(Solal et al., 1952) ;(Benabadji et Chemla, 1971) ; (Aireche et Benabadji, 1988 et 1994) ;(Aouar et Berrahoui, 2002) ;(Aouar et al., 2009)].

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 à travers la caractérisation anthropo-génétique d'une population particulière : la population arabo-berbère de Honaïne située au Nord Ouest du chef lieu de la wilaya de Tlemcen.

Notre étude a pour objective d'enrichir la base de données anthropo-génétique sur les populations Algériennes par l'analyse d'un échantillon bien défini de la population de Honaïne en étudiant :

- Le polymorphisme sanguin.
- 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 est d'un point de vue théorique (Biemont, 1975).

Pour répondre à cette problématique nous avons, dans un premier temps, analysé les données historiques afin de définir les populations impliquées dans les évènements 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 aborderons ensuite dans le chapitre matériels 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 , etc....).

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.

NB : seule une partie des résultats obtenus par le questionnaire a été traitée et analysée et l'autre partie, concernant les effets de la consanguinité sur la morbidité et mortalité seront approfondis dans nos travaux ultérieures.

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