

DÉPARTEMENT DE BIOLOGIE

MÉMOIRE DE FIN D'ÉTUDES

Présenté par

LAADJEL Mimouna

CHERIF Djoumana

Pour l'obtention du diplôme de

MASTER EN SCIENCES BIOLOGIQUES

Spécialité : Génétique fondamentale et appliquée

Thème

**Étude de la génétique des populations des
systèmes sanguins ABO et Rhésus chez les
étudiants de l'Université Abdelhamid Ibn
Badis**

Soutenu le 23/06/2026

DEVANT LE JURY COMPOSÉ DE :

Président	CHIBANI Abdelwaheb	Professeur	U. Mostaganem
Encadrant	ABBASSENE Fatiha	Maître de conférences A	U. Mostaganem
Examineur	BENALI Sid Ahmed	Maître de conférences B	U. Mostaganem
Invité	MAIZIA Abdelkader	Coordinateur de recherche	U. Mostaganem

Remerciement

Nous tenons tout d'abord à remercier Allah, le Tout-Puissant, pour nous avoir accordé la santé, la patience et la persévérance nécessaires à l'accomplissement de ce travail .

*Nous adressons nos sincères remerciements à **Madame ABBASSENE Fatiha** pour son encadrement, sa disponibilité, ses conseils avisés et son accompagnement tout au long de cette étude .*

*Nous exprimons également notre profonde gratitude à Monsieur **MAIZIA Abdelkader** pour son aide précieuse, ses remarques constructives et ses suggestions pertinentes .*

*Nos remerciements s'adressent également au Professeur **CHIBANI Abdelwaheb**, Président du jury, ainsi qu'au Docteur **BENALI Sid Ahmed**, Examineur, pour l'honneur qu'ils nous font en acceptant d'évaluer ce modeste travail .*

Enfin, nous remercions chaleureusement nos parents pour leur amour, leurs sacrifices, leur soutien indéfectible et leurs encouragements constants, ainsi que nos frères, sœurs, amies et toutes les personnes qui, de près ou de loin, ont contribué à l'aboutissement de ce mémoire .

Merci du fond du cœur .

Dédicace

Tout au long de la réalisation de ce mémoire, nous avons bénéficié du soutien inestimable de nos proches, dont l'affection et les encouragements nous ont permis de mener à bien ce travail, fruit de cinq années d'études et de persévérance.

Nous dédions ce modeste travail à nos chères familles.

À nos très chers parents, en témoignage de notre profonde gratitude pour leur amour, leurs sacrifices et leur soutien indéfectible. Qu'Allah le Tout-Puissant vous accorde santé, bonheur et longue vie.

*À nos chers frères **Abdeljalil, Oussama et Khalil**, ainsi qu'à nos chères sœurs **Racha et Kawter**, pour leur présence, leurs conseils et leurs encouragements constants.*

*À nos chères amies **MOKHTAR Aya, AMEUR Rym, ZAROUAL Zineb, BELAOUEDJ Souriya et KABOURA RABIA** pour leur écoute, leur coopération et leur soutien tout au long de cette aventure universitaire.*

À toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à l'aboutissement de ce travail, nous adressons notre profonde reconnaissance.

Avec toute notre affection et notre gratitude.

Introduction : Les groupes sanguins ABO et Rhésus représentent des marqueurs génétiques importants chez l'être humain et occupent une place essentielle dans les domaines de la transfusion sanguine, de la médecine légale et de la génétique des populations. **Objectif** : cette étude était de déterminer la répartition des groupes sanguins ABO et du facteur Rhésus chez les étudiants de l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem, ainsi que d'estimer les fréquences alléliques et de vérifier l'équilibre génétique de la population selon la loi de Hardy-Weinberg. **Méthodologie** : Une étude descriptive transversale a été réalisée sur un échantillon de 465 étudiants, dont les familles étaient établies à Mostaganem depuis au moins deux générations, afin d'éliminer l'effet de la migration ou du flux génétique. Les données sociodémographiques et celles relatives aux groupes sanguins ont été recueillies à l'aide d'un questionnaire sous format hybride (papier et en ligne). La moyenne d'âge des étudiants était de $20,78 \pm 1,97$ ans, avec une répartition de 147 hommes et 318 femmes, correspondant à un sex-ratio H/F de 0,46. Les fréquences phénotypiques obtenues ont permis de déterminer les fréquences alléliques et génotypiques. Un test du χ^2 a été utilisé afin d'évaluer l'équilibre de Hardy-Weinberg. **Résultats** : Les résultats ont montré que le groupe sanguin O était le plus fréquent (47,7 %), suivi du groupe A (27,2 %), puis du groupe B (18,8 %), tandis que le groupe AB présentait la fréquence la plus faible (6,3 %). Les fréquences alléliques correspondantes étaient de 0,6990 pour l'allèle i, 0,1756 pour l'allèle I^A et 0,1253 pour l'allèle I^B . Concernant le facteur Rhésus, la majorité des individus étaient Rh positifs (87,31 %) contre 12,69 % de Rh négatifs. Les fréquences alléliques estimées étaient de 0,6431 pour l'allèle D et 0,3569 pour l'allèle d. Parmi la population étudiée, 37,63 % des étudiants étaient issus de mariages consanguins, dont 44,2 % provenaient d'unions entre cousins germains (premier degré) et 21,5 % d'unions entre cousins issus de germains (deuxième degré). Une homozygotie plus importante a été observée pour les systèmes ABO et Rhésus chez les sujets issus d'unions consanguines, sans différence statistiquement significative par rapport aux autres sujets. L'analyse statistique par le test du χ^2 a révélé que la population étudiée était en équilibre génétique selon la loi de Hardy-Weinberg pour le système sanguin étudiés ($\chi^2_{ABO} = 3,8263$; $p > 0,05$). **Conclusion** : Nos résultats constituent une contribution à l'étude de la distribution des groupes sanguins ABO et RH, et de la structure génétique des populations algériennes.

Introduction: The ABO and Rhesus (Rh) blood group systems are important genetic markers in humans and play a fundamental role in blood transfusion, forensic medicine, and population genetics. **Objective:** This study aimed to determine the distribution of ABO blood groups and the Rh factor among students at Abdelhamid Ibn Badis University of Mostaganem, estimate allele frequencies, and assess the genetic equilibrium of the population according to the Hardy–Weinberg law.

Methodology: A descriptive cross-sectional study was conducted on a sample of 465 students whose families had been established in Mostaganem for at least two generations to minimize the effects of migration and gene flow. Sociodemographic data and blood group information were collected using a hybrid questionnaire (paper-based and online). The mean age of the participants was 20.78 ± 1.97 years. The sample included 147 males and 318 females, corresponding to a male-to-female ratio of 0.46. Phenotypic frequencies were used to estimate allelic and genotypic frequencies. The chi-square (χ^2) test was applied to evaluate Hardy–Weinberg equilibrium.

Results: The O blood group was the most frequent (47.7%), followed by A (27.2%), B (18.8%), and AB (6.3%). The corresponding allele frequencies were 0.6990 for allele i, 0.1756 for allele IA, and 0.1253 for allele IB. Regarding the Rh system, 87.31% of the participants were Rh-positive, whereas 12.69% were Rh-negative. The estimated allele frequencies were 0.6431 for allele D and 0.3569 for allele d. Among the study population, 37.63% of the students were born from consanguineous marriages, including 44.2% from first-cousin unions and 21.5% from second-cousin unions. A higher level of homozygosity was observed for both the ABO and Rh systems among individuals from consanguineous unions; however, the differences were not statistically significant compared with those from non-consanguineous unions. Chi-square analysis showed that the study population was in Hardy–Weinberg equilibrium for the blood group systems studied ($\chi^2_{ABO} = 3.8263$; $p > 0.05$).

Conclusion: These findings contribute to the understanding of the distribution of ABO and Rh blood groups and the genetic structure of Algerian populations.

المقدمة: يُعد نظاما الزمر الدموية ABO وعامل الريزوس (Rh) من أهم الواسمات الوراثية لدى الإنسان، ولهما دور أساسي في نقل الدم، والطب الشرعي، وعلم وراثية الجماعات السكانية.

الهدف: هدفت هذه الدراسة إلى تحديد توزيع زمر الدم ABO وعامل Rh لدى طلبة جامعة عبد الحميد بن باديس بمستغانم، وتقدير التكرارات الأليلية، والتحقق من التوازن الوراثي للمجتمع المدروس وفق قانون هاردي-واينبرغ.

المنهجية: أُجريت دراسة وصفية مقطعية شملت 465 طالبًا، تنتمي أسرهم إلى ولاية مستغانم منذ جيلين على الأقل، وذلك للحد من تأثير الهجرة أو التدفق الجيني. جُمعت البيانات الديموغرافية وبيانات الزمر الدموية باستخدام استبيان بصيغة هجينة (ورقي وإلكتروني). بلغ متوسط عمر المشاركين 20.78 ± 1.97 سنة، وضمت العينة 147 ذكرًا و318 أنثى، بنسبة ذكور إلى إناث بلغت 0.46. واستُخدمت التكرارات المظهرية لتقدير التكرارات الأليلية والجينية، كما استُخدم اختبار كاي-تربيع (χ^2) لتقييم التوازن الوراثي وفق قانون هاردي-واينبرغ.

النتائج: أظهرت النتائج أن زمرة الدم O كانت الأكثر شيوعًا (47.7%)، تلتها الزمرة A (27.2%)، ثم B (18.8%)، في حين سجلت الزمرة AB أقل نسبة (6.3%). وكانت التكرارات الأليلية المقابلة هي 0.6990 للأليل i، و0.1756 للأليل IA، و0.1253 للأليل IB. وفيما يخص عامل الريزوس، كان 87.31% من الأفراد موجبي الريزوس، مقابل 12.69% سالب الريزوس. وقدرت التكرارات الأليلية بـ 0.6431 للأليل D و0.3569 للأليل d. كما تبين أن 37.63% من الطلبة ينحدرون من زيجات قائمة على القرابة، منهم 44.2% من زيجات بين أبناء العمومة أو الخؤولة من الدرجة الأولى، و21.5% من زيجات بين أبناء العمومة من الدرجة الثانية. ولوحظ ارتفاع في نسبة التماثل الزيجوتي (Homozygosity) في نظامي ABO وRh لدى الأفراد المنحدرين من زيجات الأقارب، إلا أن هذا الارتفاع لم يكن ذا دلالة إحصائية مقارنة بغيرهم. كما أظهر اختبار كاي-تربيع أن المجتمع المدروس كان في حالة توازن وراثي وفق قانون هاردي-واينبرغ بالنسبة للأنظمة الدموية المدروسة ($\chi^2_{ABO} = 3.8263$ ؛ $p > 0.05$). الخلاصة: تُسهم نتائج هذه الدراسة في تعزيز المعرفة حول توزيع زمر الدم ABO وRh والبنية الوراثية للسكان الجزائريين.

Remerciements	i
Dédicace	ii
Résumé	iii
Abstract	iv
المخلص	v
Liste des abréviations	vi
Liste des figures	vii
Liste des tableaux	vii
Introduction	1
Synthèse bibliographique	
CHAPITRE I : Les systèmes sanguins ABO et Rhésus	
I.1.1 Historique et découverte	3
I.1 Le système sanguin ABO	3
I.1.2 Base génétique du système ABO.....	4
I.1.3 Les allèles I^A , I^B et i	4
I.1.4 Génotypes et phénotypes	5
I.1.5 Transmission héréditaire	6
I.1.6 Importance médicale.....	6
I.1.7 Distribution des groupes sanguins ABO en Algérie et le monde	7
I.1.7.1 Distribution mondiale des groupes ABO	8
I.1.7.2 Distribution des groupes sanguins en Algérie	8
I.2.1 Le système Rhésus (Rh)	8
I.2.2 Base génétique du système Rhésus	9
I.2.3 Antigène D et autres antigènes (C, c, E, e).....	9
I.2.4 Génotypes et phénotypes (Rh^+ / Rh^-).....	10

I.2.5 Transmission héréditaire.....	10
I.2.6 Transfusion sanguine.....	11
I.2.7 Maladie hémolytique du nouveau-né	11
I.2.8 Distribution du facteur Rh en Algérie et dans le monde	11
CHAPITRE II : Génétique des populations	
II.1 Notion de génétique des populations.....	13
II.2 Fréquences phénotypiques, génotypiques et alléliques (géniques)	13
II.3 Loi de Hardy–Weinberg.....	14
II.4 Facteurs influençant l'équilibre génétique	16
II.4.1 Mutation	16
II.4.2 Migration (flux génique)	16
II.4.3 Sélection naturelle	17
II.4.4 Dérive génétique.....	17
II.4.5 Consanguinité.....	17
CHAPITRE III : Matériel et méthodes	
III.1 Protocole de détermination des groupes sanguins	18
III.2 Etude génétique de population.....	18
III.2.1 Type d'étude	18
III.2.2 Objectifs de l'étude.....	18
III.2.3 Population étudiée.....	19
III.2.4 Taille de l'échantillon	19
III.2.5 Critères d'inclusion et d'exclusion.....	20
III.2.6 Outil de collecte des données.....	21
III.2.6.1. Questionnaire et variables étudiées.....	21
III.2.7 Méthode de détermination des groupes sanguins (ABO et Rh)	21
III.2.8 Analyses statistiques.....	21
Chapitre IV : Résultats et Discussion	
IV.1. Taille de la population étudiée et analyse des données manquantes.....	23
IV.2. Origine géographique de la population étudiée	23
IV.3. Répartition des participants selon les facultés et départements	26
IV.4. Répartition des participants selon le genre	28
IV.5 Age des étudiants.....	29
IV.5.1. Répartition des étudiants selon l'âge	30
IV.5.2. Analyse descriptive de l'âge et du genre	31

IV.6 Répartition des étudiants selon le groupe sanguin ABO	32
IV.7 Comparaison de la distribution des groupes sanguins ABO avec des études Algériennes et maghrébines	32
IV.7.1 Comparaison de la distribution des groupes sanguins ABO avec les populations mondiales	33
IV.8 Répartition des participants selon le système Rhésus.....	34
IV.8.1 Comparaison de la distribution du facteur Rhésus	36
IV.8.2 Étude comparative de la distribution des systèmes ABO et Rhésus entre la population étudiée, les wilayas algériennes, le Maghreb et les populations mondiales	37
IV.9 Répartition des étudiants selon la consanguinité	38
IV.9.1 Importance de la consanguinité dans l'étude	40
IV.10 Répartition des étudiants selon le degré de consanguinité.....	40
IV.10.1 Lien de la consanguinité avec les systèmes ABO et Rh	42
IV.11 Analyse de l'équilibre génétique des systèmes ABO et Rhésus par le test du Chi-deux	43
IV.11.1 Calcul des fréquences phénotypiques	43
IV.11.2 Estimation des fréquences alléliques	44
IV.11.3 Test du Chi2 appliqué au système ABO.....	46
IV.12 Test du χ^2 du système Rhésus appliqué au système Rhésus	48
IV.13 Limites de l'étude	49
Discussion générale	51
Conclusion	53
Références bibliographiques	55
Annexes	61

ABO : Système des groupes sanguins ABO

Rh : Rhésus

ADN : Acide Désoxyribonucléique

ARN : Acide Ribonucléique

Ag : Antigène

Ac : Anticorps

GR : Globules rouges

H-W : Hardy–Weinberg

χ^2 : Chi deux

I^A : Allèle A

I^B : Allèle B

i : Allèle O

SPSS: Statistical Package for the Social Sciences

n : Effectif total

GS : Groupe sanguin

Fréq : Fréquence

UMAB : Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : Transmission héréditaire des groupes sanguins ABO	6
Figure 2 : Structure des protéines du système Rh (RhAG, RhCE et RhD).....	10
Figure 3 : Illustration de l'équilibre de Hardy–Weinberg.....	16
Figure 4 : Répartition initiale de l'ensemble étudiants questionnés selon le nombre de génération d'implantation dans la wilaya de Mostaganem	24
Figure 5 : Répartition finale des participants retenus dans l'étude selon la génération d'implantation familiale dans la wilaya de Mostaganem.....	25
Figure 6 : Répartition des étudiants selon les classes d'âge	29
Figure 7 : Répartition des étudiants enquêtés selon l'âge et le genre.....	30
Figure 8 : Répartition des étudiants selon les groupes sanguins.....	31
Figure 9 : Répartition des groupes sanguins selon le genre ($p > 0,05$)	32
Figure 10 : Répartition des groupes sanguins selon l'âge ($p > 0,05$)	32
Figure 11 : Répartition selon le système Rhésus	35
Figure 12 : Répartition du système Rhésus selon le genre ($p > 0,05$).....	35
Figure 13 : Répartition du système Rhésus selon l'âge ($p > 0,05$)	36
Figure 14 : Répartition des étudiants selon la consanguinité	38
Figure 15 : Répartition des groupes sanguins selon la consanguinité des parents ($p > 0,05$)	39
Figure 16 : Répartition du facteur Rhésus selon la consanguinité des parents ($p > 0,05$).....	39
Figure 17 : Répartition du facteur Rhésus selon le degré de consanguinité des parents ($p > 0,05$)	39

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1 : Corrélation génotype–phénotype dans le système ABO.....	5
Tableau 2 : Comparaison des fréquences ABO selon différentes régions du monde	8
Tableau 3 : Répartition des groupes sanguins ABO en Algérie.....	8
Tableau 4 : Fréquences Rh en Algérie et dans certains pays.....	12
Tableau 5 : Fréquences phénotypiques, génotypiques et alléliques selon l'équilibre de Hardy Weinberg	15
Tableau 6 : Répartition de nombre des étudiants selon les facultés et les départements	26
Tableau 7 : Répartition des participants selon le genre.....	28
Tableau 8 : statistiques descriptives de l'âge selon le genre.....	31
Tableau 9 : Fréquences des groupes sanguins ABO et du facteur Rhésus avec d'autres études Algériennes et maghrébines et mondiales.....	37
Tableau 10 : Répartition des étudiants selon le degré de consanguinité	40
Tableau 11 : Répartition des GS selon le degré de consanguinité des parents	41
Tableau 12 : Fréquences et pourcentages phénotypiques des groupes sanguins (ABO)	43
Tableau 13 : Fréquences alléliques estimées du système ABO	46
Tableau 14 : Comparaison des effectifs observés et attendus des groupes sanguins ABO	47

INTRODUCTION :

Les systèmes de groupes sanguins constituent des marqueurs biologiques essentiels en immunologie et en génétique, reposant sur les propriétés antigéniques des globules rouges. Ils jouent un rôle fondamental dans la compatibilité immunologique lors des transfusions sanguines et des transplantations d'organes (**Nkansah et al, 2024 ; Abuawwad et al, 2023**). Parmi les différents systèmes connus, les systèmes ABO et Rhésus (Rh) sont les plus importants sur le plan clinique, en raison de leur implication directe dans des réactions immunitaires sévères telles que les accidents hémolytiques.

Le système ABO est basé sur la présence ou l'absence des antigènes A et B à la surface des érythrocytes,

déterminés génétiquement par des allèles multiples suivant les lois de la transmission mendélienne. En revanche, le système Rhésus se caractérise par une grande complexité antigénique, dont l'antigène D représente l'élément le plus immunogène, permettant de distinguer les individus Rh positifs et Rh négatifs (**Westhoff, 2022**). Ces deux systèmes présentent une variabilité génétique importante entre les populations humaines, sous l'influence de facteurs évolutifs tels que la sélection naturelle, la dérive génétique et les migrations (**Jajosky et al, 2022**).

En outre, au-delà de leur importance clinique, les systèmes ABO et Rh sont largement utilisés en génétique des populations. Ils permettent l'analyse des fréquences alléliques et génotypiques, ainsi que l'évaluation de l'équilibre génétique selon la loi de Hardy-Weinberg, contribuant ainsi à une meilleure compréhension de la structure génétique des populations humaines (**Dean, 2005 ; Sirugo et al, 2019**). Bien que la distribution des groupes sanguins ABO et Rhésus soit largement documentée à l'échelle mondiale, elle présente des variations significatives entre les populations, en raison de facteurs évolutifs, génétiques et démographiques (**Mourant, 1954 ; Dean, 2005**). Dans le contexte algérien, et plus particulièrement au sein de la population étudiée, l'analyse de cette diversité génétique revêt un intérêt majeur, tant sur le plan médical que dans le domaine de la génétique des populations (**Daniels, 2013**).

Ainsi, l'objectif principal de ce travail était de réaliser une étude descriptive et analytique de la répartition des systèmes ABO et Rhésus au sein d'un échantillon d'étudiants de l'Université de Mostaganem, originaires de la région de Mostaganem. Cette étude visait également à estimer les fréquences alléliques et génotypiques, ainsi qu'à évaluer l'équilibre génétique de la population étudiée selon la loi de Hardy-Weinberg.

La première partie de ce mémoire est consacrée aux fondements théoriques en lien avec la thématique de l'étude. Elle comprend deux chapitres : le premier chapitre traite des bases immunologiques et

INTRODUCTION

généétiques des systèmes ABO et Rhésus, ainsi que de leur importance clinique et de leur distribution au sein des populations humaines (**Dean, 2005 ; Reid & Lomas-Francis, 2004**). Le deuxième chapitre aborde les notions fondamentales de la génétique des populations, notamment les fréquences alléliques et génotypiques, ainsi que les forces évolutives influençant l'équilibre génétique (**Hartl & Clark, 2007**).

La deuxième partie, correspondant à la partie expérimentale, est consacrée au matériel et aux méthodes utilisées dans ce travail. Elle décrit la population étudiée, la période de collecte des données, les outils utilisés (questionnaire et techniques de détermination des groupes sanguins), ainsi que les méthodes statistiques appliquées pour l'analyse des résultats.

Le dernier chapitre est dédié aux résultats et à leur discussion. Cette partie présente la répartition des groupes sanguins ABO et Rhésus au sein de l'échantillon étudié, les fréquences alléliques et génotypiques calculées, ainsi que l'évaluation de l'équilibre de Hardy-Weinberg. Ces résultats sont ensuite comparés aux données de la littérature nationale et internationale afin d'en assurer l'interprétation (**Novembre & Barton, 2016**).

Enfin, ce travail se termine par une conclusion synthétisant les principaux résultats obtenus, ainsi que par des perspectives ouvrant la voie à de futures recherches dans ce domaine.

Synthèse bibliographique

CHAPITRE I : Les systèmes sanguins ABO et Rhésus

I.1 Le système sanguin ABO

A. Définition du système des groupes sanguins ABO

Le système des groupes sanguins ABO est défini comme un système de classification génétique du sang humain fondé sur la présence ou l'absence de deux antigènes majeurs, A et B, à la surface des érythrocytes. Ces antigènes sont des structures glucidiques liées à des glycoprotéines et des glycolipides membranaires, dont la variation structurale entre les individus détermine les différences de groupes sanguins (Lee & Reid, 2000).

Ce système constitue le principal système de groupage sanguin en raison de son importance immunologique et clinique, notamment dans la compatibilité transfusionnelle et la prévention des réactions hémolytiques (Dean, 2005).

B. Classification des groupes sanguins dans le système ABO

Le système ABO classe les individus en quatre groupes sanguins principaux : A, B, AB et O, selon le type d'antigènes exprimés à la surface des globules rouges. Les sujets du groupe A possèdent l'antigène A, ceux du groupe B possèdent l'antigène B, tandis que les individus du groupe AB expriment simultanément les deux antigènes. À l'inverse, les individus du groupe O ne présentent ni antigène A ni antigène B sur leurs érythrocytes (Dean, 2005 ; Lee & Reid, 2000).

Cette classification est confirmée par des tests sérologiques mettant en évidence les réactions d'agglutination entre les antigènes érythrocytaires et les anticorps correspondants présents dans le plasma (Romanos-Sirakis & Desai, 2025).

I.1.1 Historique et découverte

Le système des groupes sanguins ABO a été découvert en 1900 par le médecin et immunologiste autrichien Karl Landsteiner, à la suite d'expériences visant à analyser les réactions entre le sérum et les globules rouges de différents individus. Il observa que certains mélanges entraînaient une agglutination des érythrocytes, tandis que d'autres n'en produisaient pas, ce qui révéla l'existence de différences antigéniques spécifiques à la surface des globules rouges. Ces observations ont conduit à la classification du sang humain en groupes distincts, initialement A, B et O, puis complétés par la découverte ultérieure du groupe AB (Landsteiner, 1901 ; Dean, 2012 ; Bertsch et al, 2019).

Cette découverte a marqué une avancée fondamentale dans le domaine de l'immunohématologie, car elle a permis de comprendre les réactions transfusionnelles observées auparavant et d'établir les bases

scientifiques de la transfusion sanguine sécurisée. En reconnaissance de l'importance de ses travaux, Karl Landsteiner a reçu le Prix Nobel de physiologie ou médecine en 1930 (**Nobel Foundation, 1930**).

I.1.2 Base génétique du système ABO

La base génétique du système de groupes sanguins ABO est déterminée par un gène localisé sur le chromosome 9, au locus 9q34. Ce gène code pour des enzymes de type glycosyltransférases, responsables de la synthèse des antigènes A et B à la surface des érythrocytes, à partir de l'antigène précurseur H. Ces modifications enzymatiques expliquent la diversité phénotypique observée entre les groupes sanguins A, B, AB et O (**Yamamoto et al, 1990**).

Les allèles A et B diffèrent par quelques substitutions nucléotidiques qui modifient la spécificité enzymatique des glycosyltransférases, tandis que l'allèle O est généralement caractérisé par une délétion entraînant une enzyme inactive, incapable de transformer l'antigène H. Cette base moléculaire a été élucidée grâce au clonage du gène ABO et constitue un modèle classique de polymorphisme génétique humain (**Yamamoto et al, 1990**).

Le groupe sanguin A présente également plusieurs sous-groupes, parmi lesquels les sous-groupes A₁ et A₂ sont les plus fréquents. Ces variants résultent de différences moléculaires au niveau du gène ABO, entraînant une expression variable de l'antigène A à la surface des globules rouges. Le sous-groupe A₁ représente environ 80 % des individus de groupe A, tandis que le sous-groupe A₂ concerne près de 20 % d'entre eux. Les sujets A₁ possèdent une densité antigénique plus élevée que les sujets A₂. Dans certains cas, les individus A₂ ou A₂B peuvent développer des anticorps anti-A₁, susceptibles de revêtir une importance clinique en immunohématologie et en transfusion sanguine (**Annexe N°07**) (**Daniels, 2013 ; Harmening, 2019**).

Ainsi, le système ABO représente un marqueur génétique majeur en médecine transfusionnelle et également en génétique des populations. Sa compatibilité est essentielle pour éviter les réactions transfusionnelles hémolytiques graves, ce qui en fait le système de groupes sanguins le plus important en pratique clinique (**Dean, 2015**).

I.1.3 Les allèles I^A, I^B et i

L'allèle A code pour une enzyme capable d'ajouter une N-acétylgalactosamine à la substance H, ce qui permet la formation de l'antigène A (**Dean, 2015**). L'allèle B code pour une enzyme qui ajoute le galactose à la substance H, entraînant l'expression de l'antigène B à la surface des globules rouges (**Matzhold et al, 2016**).

En revanche, l'allèle O correspond à un gène non fonctionnel qui ne produit pas d'enzyme active. Dans ce cas, la substance H reste inchangée, expliquant l'absence d'antigènes A ou B sur les érythrocytes. Ainsi, l'allèle O est récessif par rapport aux allèles A et B. Les allèles A et B sont codominants, et leur présence simultanée entraîne l'expression des antigènes A et B sur les globules rouges, donnant le phénotype AB (Yamamoto et al, 1990 ; Dean, 2015).

I.1.4 Génotypes et phénotypes

Le système de groupes sanguins ABO est déterminé par les allèles hérités des deux parents, qui définissent le génotype, tandis que l'expression des antigènes à la surface des érythrocytes correspond au phénotype (Yamamoto et al, 1990).

La relation entre génotypes et phénotypes est caractérisée par la codominance des allèles A et B. Ainsi, les individus possédant le génotype AB expriment simultanément les antigènes A et B, correspondant au phénotype AB (Dean, 2015).

Le phénotype A peut résulter des génotypes AA ou AO, tandis que le phénotype B correspond aux génotypes BB ou BO (Tableau 1). En revanche, le phénotype O est uniquement associé au génotype homozygote OO, caractérisé par l'absence d'antigènes A et B sur les globules rouges (Yamamoto et al, 1990 ; Matzhold et al, 2016).

Tableau 1 : Corrélation génotype-phénotype dans le système ABO.

Génotypes	Phénotypes
$I^A I^A$ ou $I^A i$	Groupe A
$I^B I^B$ ou $I^B i$	Groupe B
$I^A I^B$	Groupe AB
ii	Groupe O

(Dean, Flegel, 2021).

Cette organisation des génotypes et phénotypes a une importance cruciale en médecine transfusionnelle, permettant d'éviter les incompatibilités et de réduire le risque d'allo-immunisation (Lee & Reid, 2000). Elle constitue également un élément central en génétique des populations, pour analyser la distribution des groupes sanguins et les fréquences alléliques dans différentes populations humaines (Dean, 2015).

I.1.5 Transmission héréditaire

La transmission du système des groupes sanguins ABO suit les lois de la génétique mendélienne. Chaque individu reçoit l'information génétique relative à ce système de ses deux parents, ce qui permet la transmission des groupes sanguins d'une génération à l'autre et explique la diversité observée au sein des familles et des populations (Daniels, 2013).

Le système ABO présente un mode d'hérédité particulier caractérisé par la codominance, où deux formes génétiques peuvent s'exprimer simultanément chez un même individu. Ce mécanisme distingue le système ABO de nombreux autres caractères héréditaires étudiés en génétique humaine (Dean, 2005).

Selon la loi de ségrégation décrite par Gregor Mendel, les déterminants génétiques (gènes) responsables des groupes sanguins se séparent lors de la formation des gamètes (Figure 1). Chaque gamète ne reçoit qu'un seul déterminant, et la combinaison aléatoire de ces déterminants lors de la fécondation permet d'expliquer la transmission des groupes sanguins des parents aux enfants ainsi que les différentes combinaisons possibles au sein d'une même fratrie (Anstee, 2010).

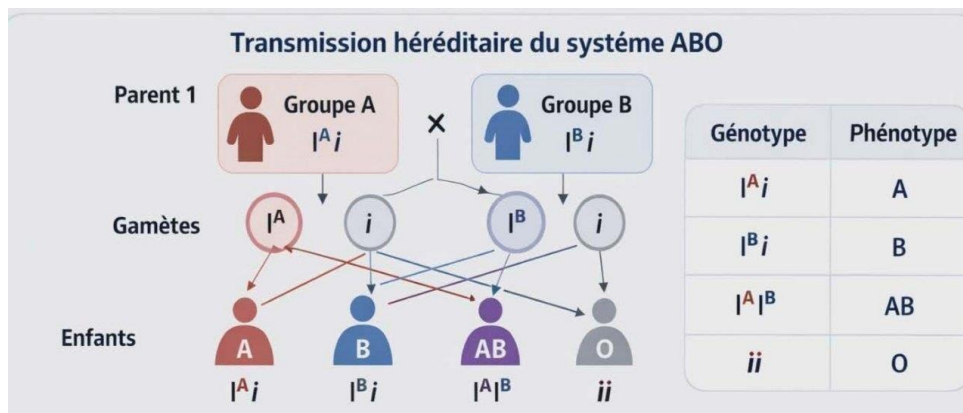


Figure 1 : Transmission héréditaire des groupes sanguins ABO (Dean & Flegel, 2021).

I.1.6 Importance médicale

Au niveau physiologique et clinique, les antigènes ABO ne sont pas uniquement exprimés sur les globules rouges, mais également sur de nombreux tissus et sécrétions, ce qui explique leur implication dans plusieurs processus biologiques et pathologiques, notamment les infections, les maladies cardiovasculaires et certains cancers (Lee & Reid, 2000).

Le système des groupes sanguins ABO revêt une importance majeure en médecine clinique et en immuno-hématologie. Il constitue un outil fondamental pour la transfusion sanguine ainsi que pour les transplantations d'organes et de tissus (notamment le rein, le foie et le cœur), garantissant la

compatibilité entre le donneur et le receveur et prévenant les maladies immuno--hématologiques **(Daniels, 2013 ; Roback et al, 2018)**.

Le rôle du système ABO s'étend également aux maladies infectieuses. Des recherches récentes ont montré que les groupes sanguins peuvent influencer la susceptibilité aux infections. Par exemple, une revue systématique a démontré que le groupe A pourrait présenter une susceptibilité plus élevée à l'infection par le SARS-CoV-2 (COVID-19), tandis que le groupe O pourrait être partiellement protecteur **(Franchini & Liumbruno, 2021 ; Ellinghaus et al, 2020)**.

Par ailleurs, des analyses de grandes cohortes de donneurs de sang ont identifié des associations statistiquement significatives entre les groupes ABO et certaines infections spécifiques, par exemple une fréquence plus élevée de l'infection à *Helicobacter pylori* chez les individus du groupe sanguin O, soulignant un rôle biologique potentiel du système ABO dans la réponse immunitaire **(Boren et al, 1993)**.

En outre, le système ABO possède une valeur en génétique des populations et en immuno- hématologie. L'étude de la distribution des groupes sanguins dans les populations humaines permet de mieux comprendre la diversité génétique et la structure des populations. Avant la généralisation des techniques modernes d'analyse de l'ADN, le système ABO était également utilisé dans certaines applications d'immuno-hématologie, telles que les études de parenté et d'exclusion de paternité **(Daniels, 2013)**.

Ainsi, le système ABO constitue un outil essentiel à la fois pour la pratique clinique, la recherche biomédicale et l'immuno-hématologie, illustrant son rôle central dans la compréhension des interactions génétiques et immunologiques chez l'être humain **(Anstee, 2010)**.

I.1.7 Distribution des groupes sanguins ABO en Algérie et le monde

Des études ont montré que la distribution des groupes sanguins varie selon les populations et les régions géographiques, en raison de facteurs génétiques tels que les migrations historiques et la sélection naturelle liée aux maladies infectieuses. L'étude de la distribution des groupes sanguins se fait par la collecte d'échantillons de sang provenant de différentes zones, que ce soit au niveau national ou régional, suivie d'une classification précise en laboratoire pour identifier chaque groupe sanguin **(Storry & Olsson, 2009 ; StatPearls, 2023)**. Les données sont ensuite analysées statistiquement et classées selon l'âge, le sexe et la région. Les résultats sont comparés entre les populations et présentés sous forme de cartes ou de tableaux de répartition **(Storry & Olsson, 2009)**.

I.1.7.1 Distribution des groupes sanguins ABO dans le monde

À l'échelle mondiale, le groupe O est le plus répandu, suivi du groupe A, puis du groupe B, tandis que le groupe AB reste le plus rare (Tableau 2) (Storry & Olsson, 2009). Ces études sont essentielles pour comprendre la diversité génétique des populations et retracer l'histoire des migrations humaines.

Tableau 2 : Comparaison des fréquences ABO selon différentes régions du monde

Région	O (%)	A (%)	B (%)	AB (%)	Référence
Moyenne mondiale	45	40	11	4	Storry & Olsson (2009)
Afrique du Nord	46	33	15	6	Dean (2005)
Europe	41	43	11	5	Benahadi et al. (2023)
Asie du sud -Est	39	28	30	3	Mourant, A. E, (1954)

I.1.7.1 Distribution des groupes sanguins ABO en Algérie

En Algérie, la distribution des groupes sanguins suit un profil méditerranéen-maghrébin, avec une prédominance marquée du groupe O, suivi du groupe A, puis B, et enfin AB, ce qui reflète une relative stabilité génétique au sein de la population (Benahadi et al, 2023).

Tableau 3 : Répartition des groupes sanguins ABO en Algérie

Groupe	Fréquences (%)
O	46,3
A	32,7
B	15,2
AB	5,8

(Benahadi et al, 2015)

I.2.1 Le système Rhésus (Rh)

Le système Rhésus (Rh) est considéré comme l'un des systèmes antigéniques érythrocytaires les plus importants et les plus complexes en transfusion sanguine et en immuno-hématologie. Il joue également un rôle essentiel en médecine materno-fœtale, notamment dans la prévention des complications immunologiques au cours de la grossesse. Ce système comprend plusieurs antigènes exprimés à la surface des érythrocytes, dont les principaux sont D, C, c, E et e. Parmi eux, l'antigène D représente le déterminant clinique le plus significatif : sa présence définit le phénotype Rh positif (Rh+), tandis que

son absence caractérise le phénotype Rh négatif (Rh⁻). La présence ou l'absence de cet antigène influence fortement les réponses immunitaires, aussi bien lors des transfusions sanguines que pendant la gestation, pouvant entraîner des réactions hémolytiques ou des incompatibilités materno-fœtales (Avent & Reid, 2000 ; Westhoff, 2022 ; Liu et al, 2024).

I.2.2 Base génétique du système Rhésus

Le système Rhésus est génétiquement plus complexe que le système ABO, car il repose sur l'interaction de deux gènes étroitement liés situés sur le chromosome 1 (1p36.11) : RHD et RHCE (Avent & Reid, 2000). Le gène *RHD* code pour l'antigène D, dont la présence détermine le phénotype Rh positif, tandis que son absence ou son inactivation entraîne un phénotype Rh négatif. Le gène *RHCE* code, quant à lui, pour les antigènes C/c et E/e, transmis sous forme d'haplotypes tels que Ce, cE, ce et CE, ce qui explique la diversité des profils Rhésus (Floch et al, 2021).

La transmission du système Rhésus suit globalement les lois de l'hérédité mendélienne : l'antigène D présente une dominance complète, alors que les gènes C/c et E/e sont exprimés selon un mode de codominance (Daniels, 2021). Deux modèles historiques ont été proposés pour expliquer cette hérédité, ceux de Fisher-Race et de Wiener, mais les données moléculaires actuelles confirment que le système Rhésus est contrôlé par deux gènes distincts mais étroitement liés.

I.2.3 Antigène D et autres antigènes (C, c, E, e)

Le système sanguin Rhésus (Rh) est l'un des systèmes de groupes sanguins les plus importants, aux côtés du système ABO. Il comprend plus de 49 antigènes présents à la surface des globules rouges, dont les principaux sont D, C, c, E et e (Dean, 2005). L'antigène D est le plus cliniquement significatif : sa présence définit un individu Rh positif (D présent), tandis que son absence indique un individu Rh négatif (D absent). Cet antigène est crucial pour les transfusions sanguines et la prévention de l'allo-immunisation materno-fœtale, qui peut entraîner la maladie hémolytique du nouveau-né (Dean, 2005 ; Reid et al, 2012). Les autres antigènes (C, c, E, e) sont également exprimés sur la membrane des globules rouges et peuvent provoquer des réactions immunitaires chez les individus qui ne les possèdent pas, mais ils sont moins immunogènes que l'antigène D. Ces antigènes sont codés par deux gènes principaux situés sur le chromosome 1 : RHD pour l'antigène D et RHCE pour les antigènes C/c et E/e, déterminant ainsi le phénotype Rh complet d'un individu (Figure 2) (Reid et al, 2012).

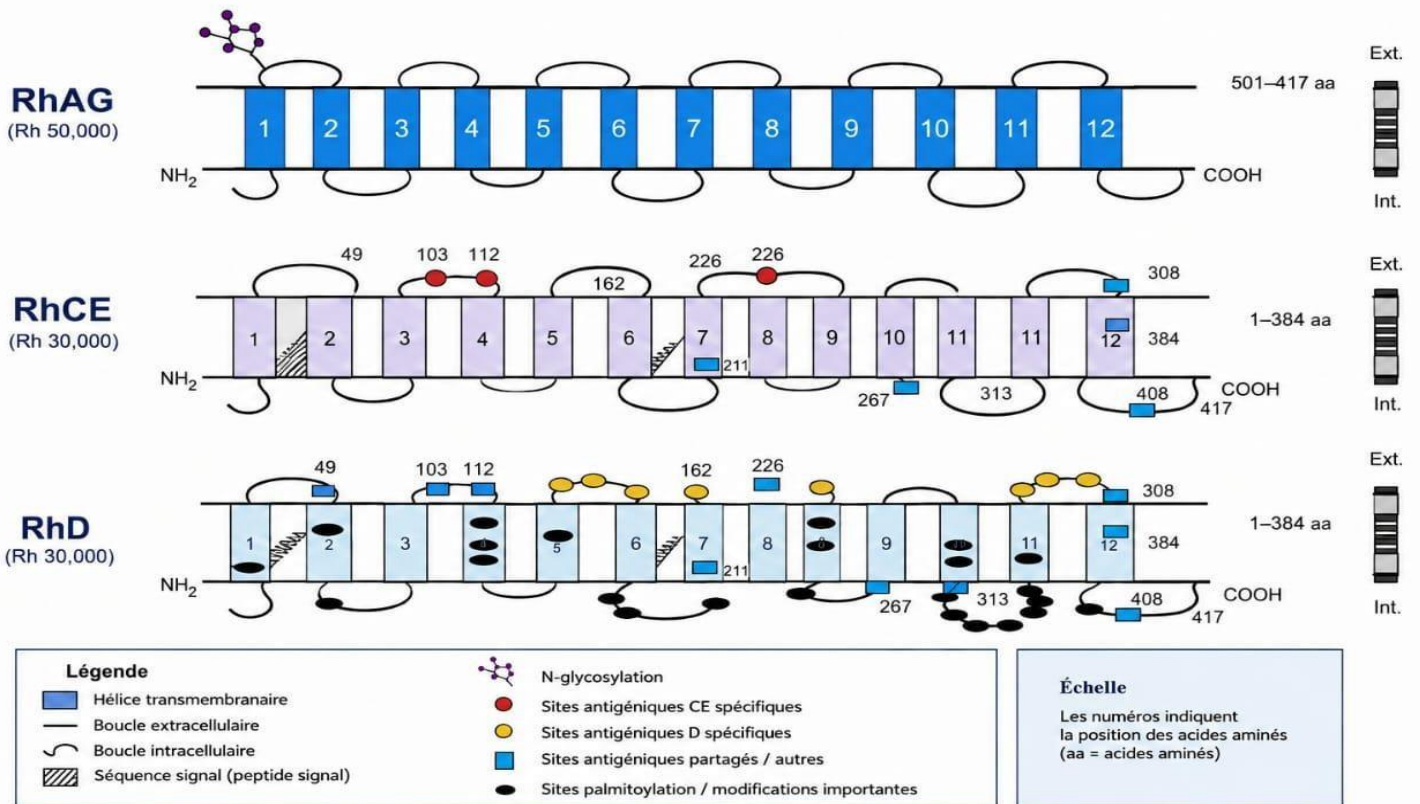


Figure 2 : Structure des protéines du système Rh (RhAG, RhCE et RhD) (Avent et Reid, 2000).

1.2.4 Génotypes et phénotypes (Rh^+ / Rh^-)

Le système Rhésus dépend de la présence de l'antigène D à la surface des globules rouges. Cette expression est déterminée par le gène RHD. Les individus portant au moins une copie fonctionnelle du gène RHD expriment l'antigène D (Rh^+), tandis que ceux ne possédant aucune copie fonctionnelle n'expriment pas l'antigène D (Rh^-) (Wagner & Flegel, 2004, p. 28).

1.2.5 Transmission héréditaire

La transmission du système Rh suit un mode autosomique, chaque individu héritant d'un allèle de chacun de ses parents. L'allèle responsable du caractère Rh^+ est dominant par rapport à l'allèle Rh^- récessif, ce qui signifie qu'une seule copie de l'allèle dominant suffit pour exprimer le phénotype (Westhoff, 2022).

Ce système revêt une importance clinique particulière dans les cas d'incompatibilité Rhésus pendant la grossesse, lorsque la mère est Rh^- et le fœtus Rh^+ . Cela peut stimuler le système immunitaire maternel à produire des anticorps contre l'antigène D, entraînant une destruction des globules rouges du fœtus, appelée maladie hémolytique du nouveau-né (Moise, 2008).

Les études récentes montrent que la diversité du système Rhésus ne se limite pas à la présence ou à

l'absence de l'antigène D, mais résulte de variations moléculaires du gène RHD, notamment des mutations, des délétions ou des recombinaisons, responsables des différents phénotypes Rh observés chez les individus (**Westhoff, 2019**)

I.2.6 Transfusion sanguine

En transfusion sanguine, la compatibilité Rh, notamment pour l'antigène D, est primordiale afin d'éviter les réactions immunologiques (**Westhoff, 2004**). Lorsqu'un individu Rh négatif reçoit du sang Rh positif, son système immunitaire peut produire des anticorps anti-D, entraînant une allo-immunisation. Lors d'une transfusion ultérieure, ces anticorps peuvent provoquer une réaction hémolytique, parfois sévère. Pour cette raison, les patients Rh négatif doit recevoir exclusivement du sang Rh négatif, en particulier chez les femmes en âge de procréer afin de prévenir toute sensibilisation future (**Daniels, 2013**).

I.2.7 Maladie hémolytique du nouveau-né

La maladie hémolytique du nouveau-né (MHNN) survient lorsqu'une mère Rh négatif porte un fœtus Rh positif (**Moise, 2008**). Le passage d'hématies fœtales dans la circulation maternelle peut induire la production d'anticorps anti-D. Lors d'une grossesse ultérieure, ces anticorps traversent le placenta et détruisent les globules rouges du fœtus, provoquant une anémie et un ictère, voire des formes graves comme l'hydrops fœtal, défini comme une accumulation anormale de liquide dans au moins deux compartiments fœtaux (cavités séreuses et/ou tissu sous-cutané), reflétant une insuffisance cardiaque et une anémie sévère (**Urbaniak & Greiss, 2000**). La prévention repose sur l'administration d'immunoglobulines anti-D chez la mère Rh négatif, ce qui a considérablement réduit l'incidence de cette pathologie (**Moise, 2008**).

I.2.8 Distribution du facteur Rh en Algérie et dans le monde

La distribution du facteur Rhésus (Rh) présente une variation notable entre les populations à travers le monde (Tableau 4), en fonction de l'origine ethnique et géographique. La majorité de la population mondiale est porteuse de l'antigène D (Rh+). En effet, environ 85 % des Européens sont Rh positifs, tandis que près de 15 % sont Rh négatifs. En Afrique, la proportion d'individus Rh négatifs est généralement inférieure à 5 % (**Westhoff, 2022 ; Rosenkrans et al, 2023**).

En Asie, notamment en Asie de l'Est, les fréquences de Rh négatif sont les plus faibles au monde, avec moins de 1 %, traduisant une prédominance quasi totale du phénotype Rh positif. Cette variabilité est attribuée à des facteurs génétiques et évolutifs, incluant la sélection naturelle et les migrations humaines (**Westhoff, 2022**).

En Algérie, les études rapportent une fréquence élevée du phénotype Rh positif. Toutefois, les valeurs observées varient selon la population étudiée (population générale ou donneurs de sang). Ainsi, les études réalisées dans la population générale rapportent une fréquence d'environ 91,8 % de Rh positif et 8,1 % de Rh négatif, tandis que les études menées chez les donneurs de sang rapportent des fréquences d'environ 87 % de Rh positif et 13 % de Rh négatif (**Ouchene et al, 2021 ; Derouiche et al, 2021**).

Tableau 4 : Fréquences Rh en Algérie et dans certains pays

Région / pays	Rh + (%)	Rh - (%)	Population	Références
Algérie (population)	91,8	8,1	Échantillon national	Ouchene et al. (2021)
Algérie (donneurs)	~87	~13	Donneurs (Établissements de transfusion sanguin)	Derouiche et al. (2021)
Ghana (population)	92,3	7,7	Afrique de l'Ouest	Nkansah et al. (2024)
Tanzanie (Population)	95,3	4,7	Afrique de l'Est	Jahanpour et al. (2023)
Oman (donneurs)	88,1	11,9	Moyen-Orient	Al-Riyami et al. (2019)
Inde (population)	96,0	4,0	Asie du Sud	Westhoff (2022)
Libye (plusieurs villes)	≈84-92	≈8-16	Nord-Afrique voisine	Airechr et al (1982) Aireche et Benabadji (1988)

CHAPITRE II :

Génétique des populations

II.1 Notion de génétique des populations

La génétique des populations est une branche fondamentale de la génétique qui s'intéresse à l'étude de la distribution des fréquences alléliques et génotypiques au sein des populations biologiques, ainsi qu'aux mécanismes responsables de leur variation au cours des générations. Ce champ disciplinaire constitue un cadre essentiel pour l'analyse des processus évolutifs, en intégrant les principes de la génétique mendélienne avec les théories modernes de l'évolution (**Hartl & Clark, 2007**).

Dans cette perspective, la génétique des populations repose sur l'utilisation d'outils quantitatifs et de modèles mathématiques permettant de décrire et de prédire l'évolution des structures génétiques au sein des populations. Ces approches offrent la possibilité d'évaluer la stabilité ou la variation des fréquences alléliques au fil du temps. Par ailleurs, les avancées récentes en génomique ont considérablement enrichi ce domaine, en facilitant l'analyse du polymorphisme génétique à grande échelle à partir de données moléculaires (**Novembre & Barton, 2016**).

En outre, plusieurs forces évolutives jouent un rôle déterminant dans la structuration génétique des populations. Parmi celles-ci figurent les mutations, qui introduisent de nouvelles variations génétiques, la migration, qui favorise le flux génique entre populations, la sélection naturelle, qui agit sur la valeur adaptative des génotypes, ainsi que la dérive génétique, qui engendre des fluctuations aléatoires des fréquences alléliques, en particulier dans les populations de petite taille. L'interaction de ces facteurs explique les dynamiques complexes observées dans la diversité génétique et l'adaptation des espèces (**Hedrick, 2011 ; Sirugo et al, 2019**).

Ainsi, la génétique des populations constitue un outil théorique et analytique indispensable pour comprendre les mécanismes de l'évolution biologique et la diversité génétique. Elle fournit également les bases conceptuelles nécessaires à l'étude de l'équilibre génétique au sein des populations, notamment à travers le modèle de Hardy-Weinberg (**Wigginton et al, 2005**).

II.2 Fréquences phénotypiques, génotypiques et alléliques (géniques)

Les fréquences génétiques constituent des notions fondamentales en génétique des populations, car elles permettent de décrire la structure génétique d'une population et d'évaluer la distribution des caractères héréditaires en son sein. On distingue généralement les fréquences phénotypiques, génotypiques et alléliques, qui sont utilisées conjointement pour analyser la dynamique génétique des populations (**Hartl & Clark, 2007**).

Les fréquences phénotypiques correspondent à la proportion d'individus exprimant un caractère observable donné dans une population. Elles sont calculées en rapportant le nombre d'individus présentant un phénotype spécifique à l'effectif total de la population. Toutefois, bien qu'elles reflètent

l'expression visible des gènes, elles ne permettent pas toujours d'inférer directement la distribution réelle des allèles, notamment lorsque différents génotypes peuvent conduire à un même phénotype (**Pierce, 2012**).

Les fréquences génotypiques, quant à elles, représentent la proportion des différents génotypes dans la population, qu'il s'agisse d'individus homozygotes ou hétérozygotes. Elles offrent une description plus précise de la structure génétique, en permettant d'identifier la composition réelle des génotypes, même dans les cas où le phénotype ne permet pas de les distinguer clairement (**Hartl & Clark, 2007**).

En revanche, les fréquences alléliques désignent la proportion de chaque allèle dans l'ensemble des allèles présents dans la population. Elles constituent un indicateur essentiel pour étudier l'évolution génétique au fil des générations. Dans le cas d'un locus possédant deux allèles A et a, leurs fréquences respectives p et q vérifient la relation suivante :

$$p + q = 1$$

Ces différentes fréquences sont liées par des relations mathématiques précises, notamment dans le cadre de l'équilibre de Hardy–Weinberg, où les fréquences génotypiques peuvent être exprimées en fonction des fréquences alléliques (**Crow, 1999**).

L'étude de ces fréquences revêt une importance particulière dans l'analyse des systèmes génétiques tels que les groupes sanguins ABO et Rhésus. Elle permet de déterminer la structure génétique des populations et d'estimer la distribution des allèles responsables des groupes sanguins. Ces connaissances trouvent des applications importantes en médecine, notamment dans le domaine de la transfusion sanguine et dans l'étude des maladies à transmission génétique (**Mourant et al, 1976**).

II.3 Loi de Hardy–Weinberg

Le principe de Hardy–Weinberg constitue l'un des fondements majeurs de la génétique des populations. Il décrit un état d'équilibre génétique dans une population idéale, où les fréquences alléliques et génotypiques demeurent constantes d'une génération à l'autre en l'absence de forces évolutives telles que la mutation, la migration ou la sélection naturelle (**Hardy, 1908 ; Weinberg, 1908**). Ce modèle théorique permet ainsi de servir de référence pour l'étude de l'évolution des populations.

Sur le plan mathématique, si l'on considère un locus avec deux allèles A et a, de fréquences respectives p et q, la somme de ces fréquences est égale à 1, et la distribution des génotypes est caractérisé par les proportions p^2 , $2pq$ et q^2 (Tableau 5). Cette relation permet de prédire les fréquences génotypiques à partir des fréquences alléliques dans une population en équilibre (**Graffelman, Jain, & Weir, 2017**).

Tableau 5 : Fréquences phénotypiques, génotypiques et alléliques selon l'équilibre de Hardy–Weinberg

Variable génétique	Symbole	Expression Mathématique	Interprétation biologique
Fréquence de l'allèle dominant	P	$p = f(A)$	Proportion de l'allèle A dans la population
Fréquence de l'allèle Récessif	Q	$q = f(a)$	Proportion de l'allèle a dans la population
Équilibre allélique	–	$p + q = 1$	Somme des fréquences alléliques
Génotype homozygote dominant	AA	p^2	Fréquence des individus AA
Génotype hétérozygote	Aa	$2pq$	Fréquence des individus Aa
Génotype homozygote récessif	aa	q^2	Fréquence des individus aa
Équilibre génétique	–	$p^2 + 2pq + q^2 = 1$	Somme des fréquences génotypiques

(Andrews, 2010)

Cependant, cet équilibre repose sur un ensemble d'hypothèses strictes, notamment une taille de population très grande, des accouplements aléatoires, l'absence de mutation, de migration et de sélection naturelle. Toute violation de ces conditions entraîne une déviation de l'équilibre, traduisant l'influence de forces évolutives telles que la dérive génétique ou la sélection (**Liu & Hu, 2010**).

Par ailleurs, le modèle de Hardy–Weinberg joue un rôle essentiel en épidémiologie génétique et dans les études d'association. Il est largement utilisé pour vérifier la qualité des données génétiques et détecter d'éventuelles anomalies ou biais expérimentaux. Une déviation significative de l'équilibre peut également indiquer une structure de population non homogène ou des effets évolutifs sous-jacents (**Salanti et al., 2005 ; Abramovs, Brass, & Tassabehji, 2020**).

Dans ce contexte, l'équilibre de Hardy–Weinberg est illustré par la figure 3, adaptée de **Hartl et Clark (2007)**.

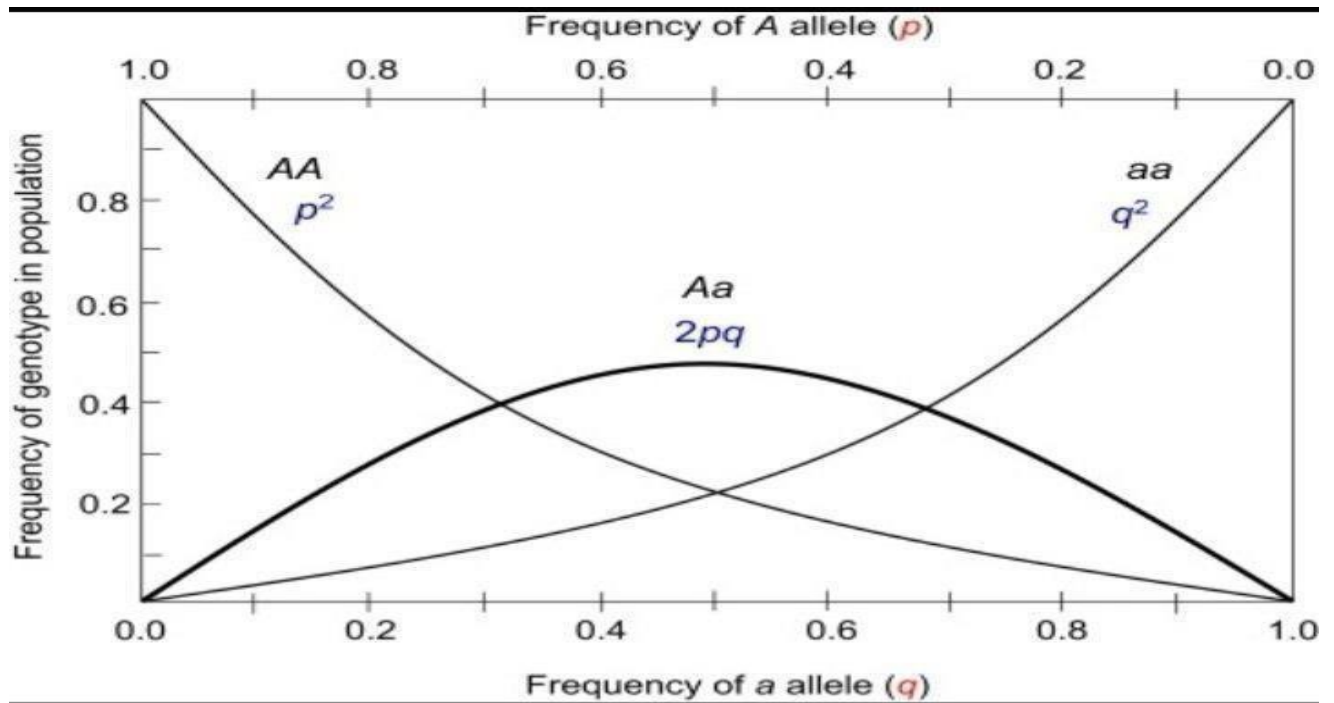


Figure 3 : Illustration de l'équilibre de Hardy–Weinberg (Hartl & Clark ,2007)

II.4 Facteurs influençant l'équilibre génétique

L'équilibre de Hardy–Weinberg représente un modèle théorique idéal caractérisé par la stabilité des fréquences alléliques et génotypiques au fil des générations. Toutefois, dans les populations naturelles, cet équilibre est rarement observé en raison de l'action de plusieurs forces évolutives qui modifient la structure génétique des populations et entraînent des variations dans la distribution des allèles (Abramovs et al, 2020). Ces forces évolutives sont les suivantes :

II.4.1 Mutation

La mutation constitue la source primaire de la diversité génétique. Elle correspond à une modification permanente de la séquence de l'ADN, pouvant conduire à l'apparition de nouveaux allèles. Ces changements, bien que souvent rares, contribuent à long terme à l'évolution des fréquences alléliques au sein des populations (Griffiths et al, 2015).

II.4.2 Migration (flux génique)

La migration, ou flux génique, désigne le transfert d'individus ou de gamètes entre populations. Ce phénomène entraîne l'introduction ou la perte d'allèles dans une population donnée, contribuant ainsi à homogénéiser les différences génétiques entre populations et à modifier l'équilibre génétique (Slatkin, 1985).

II.4.3 Sélection naturelle

La sélection naturelle est un mécanisme évolutif par lequel les individus possédant des caractères avantageux pour leur environnement ont une probabilité plus élevée de survivre et de laisser une descendance plus importante. Ce processus entraîne, au fil des générations, une augmentation de la fréquence des allèles favorables et une diminution de celle des allèles défavorables (**Futuyma, 2013**).

II.4.4 Dérive génétique

La dérive génétique correspond à des fluctuations aléatoires des fréquences alléliques, particulièrement marquées dans les populations de petite taille. Ce phénomène peut conduire à la fixation ou à la disparition d'allèles indépendamment de leur valeur adaptative (**Kimura, 1983**).

II.4.5 Consanguinité

La consanguinité, ou reproduction entre individus apparentés, entraîne une augmentation de l'homozygotie au sein de la population. Elle réduit la diversité génétique et accroît le risque d'expression de maladies génétiques récessives, en favorisant la rencontre d'allèles identiques par descendance (**Charlesworth & Willis, 2009**).

PARTIE

EXPÉRIMENTALE

Chapitre III : Matériel et

Méthodes

III.1 Protocole de détermination des groupes sanguins

Cette partie pratique (Voir Annexe N°6) avait pour objectif d'illustrer la technique de détermination des groupes sanguins (GS) du système ABO et du facteur Rhésus en laboratoire d'analyses médicales. Cette étude pratique est réalisée à titre illustratif et ne constitue pas la base des résultats des GS analysés dans notre travail, qui repose sur les données issues du questionnaire (Groupe sanguin communiqué pour les personnes questionnées ; les étudiants).

III.2 Etude génétique de population

III.2.1 Type d'étude

Il s'agit d'une étude transversale, descriptive à visée analytique, basée sur une enquête par questionnaire administré sous deux formes : en ligne via Google Forms et en version papier.

Cette approche permet de collecter un nombre important de données auprès des étudiants.

III.2.2 Objectifs de l'étude

Cette étude s'inscrit dans le cadre de la génétique des populations et vise à analyser la distribution des groupes sanguins chez les étudiants de l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem, qui constituent un échantillon, même s'il n'est pas vraiment représentatif, de la population de la wilaya de Mostaganem.

L'objectif principal de notre étude est de déterminer la distribution des groupes sanguins du système ABO et Rhésus chez les étudiants de l'Université de Mostaganem.

Les objectifs secondaires sont les suivants :

- Analyser la distribution des groupes sanguins au sein de la population étudiée selon certains paramètres démographiques, tel le genre, l'âge et la consanguinité.
- Étudier la répartition du facteur Rhésus (Rh^+ et Rh^-) au sein de la population étudiée selon certains paramètres démographiques, tel le genre, l'âge et la consanguinité.
- Estimer les fréquences alléliques des gènes du système ABO (I^A , I^B et i).
- Estimer les fréquences alléliques des gènes du système Rhésus (D et d).
- Calculer les fréquences génotypiques correspondantes dans la population étudiée.
- Vérifier si la population d'étude est en équilibre selon la loi de Hardy-Weinberg.
- Comparer les résultats obtenus avec ceux d'autres études nationales et internationales.

-Identifier d'éventuels biais d'échantillonnage ou facteurs influençant la distribution observée.

III.2.3 Population étudiée

La population étudiée est constituée exclusivement des étudiants de l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem (UMAB), inscrits durant l'année universitaire 2025–2026, et originaires de la région de Mostaganem depuis au moins deux générations. La collecte des données a été effectuée du 04 avril 2026 au 10 mai 2026.

Ce choix (population établie depuis au moins deux générations) permet de limiter l'influence des migrations récentes et d'obtenir une estimation plus représentative des fréquences génétiques au sein de la population locale. En effet, le flux génique dû aux migrations constitue un facteur évolutif majeur pouvant modifier les fréquences alléliques et rompre l'équilibre de Hardy–Weinberg (Waples, 2015).

III.2.4 Taille de l'échantillon

La taille de l'échantillon est un élément fondamental du protocole de recherche, puisqu'elle conditionne la précision des estimations ainsi que la validité externe des résultats obtenus. Son calcul repose sur différentes approches statistiques adaptées au type d'étude et aux objectifs de la recherche (Naing et al, 2022).

Nous avons réalisé un échantillonnage stratifié. Les étudiants ont été répartis en strates selon les facultés de l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem. Au sein de chaque strate, un nombre déterminé d'étudiants a été inclus selon les critères de disponibilité et d'accessibilité (Etikan et al, 2016), selon les étapes suivantes :

-Établir une liste des dix facultés de l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem ainsi que leurs départements respectifs.

-Dans chaque département sélectionné, inclure un nombre déterminé d'étudiants selon des critères de disponibilité et d'accessibilité.

La population totale de l'université de Mostaganem est constituée de 26 665 étudiants répartis sur dix facultés vingt-huit départements. Afin d'assurer une représentativité suffisante, la taille de l'échantillon a été estimée à partir de la formule de calcul utilisée dans les études de prévalence (Lwanga & Lemeshow, 1991 ; Daniel, 1999).

La formule appliquée est la suivante :

$$n \geq \frac{Z^2 \times P (1 - P)}{d^2} \quad (\text{Lwanga \& Lemeshow, 1991 ; Daniel, 1999})$$

Où

n représente la taille minimale requise de l'échantillon, Z correspond à la valeur de la loi normale centrée réduite associée au niveau de confiance (1,96 pour 95%), P désigne la proportion estimée de la caractéristique étudiée dans la population, fixée à 0,5 en absence de données préalables afin de maximiser la variance, et d représente la marge d'erreur tolérée (0,05).

Ce qui donne :

$$n = \frac{0,5 \times (1 - 0,5) \times (1,96)^2}{(0,05)^2} = 384$$

Afin de tenir compte des éventuelles non-réponses et des données manquantes, une majoration de 20 % a été appliquée à la taille minimale de l'échantillon. Le coefficient de correction utilisé est de 1,20, obtenu selon le calcul : $1 + (20/100) = 1,20$. La taille finale de l'échantillon a donc été calculée selon la formule : $n \text{ (final)} = n \times 1,20$

$$N = 384 \times 1,2 = 460,8 \simeq 461 \quad (\text{Lwanga \& Lemeshow, 1991}).$$

III.2.5 Critères d'inclusion et d'exclusion

Les critères d'inclusion étaient les suivants :

- Étudiants inscrits à l'UMAB durant l'année universitaire 2025–2026.
- Étudiants originaires de Mostaganem depuis au moins deux générations (parents et grands-parents nés à Mostaganem).
- Étudiants ayant accepté de participer à l'étude.

Les critères d'exclusion étaient les suivants :

- Étudiants non originaires de Mostaganem ou d'origine récente (Ex : depuis une génération seulement).
- Refus de participation.
- Questionnaires incomplets ou mal renseignés.

III.2.6 Outil de collecte des données

Les données ont été collectées à l'aide d'un questionnaire auto-administré destiné aux étudiants diffusé sous deux formats :

- Un format numérique via Google Forms (Voir Annexe N01).
- Un format papier, distribué au niveau des différentes facultés.

Les données ont été recueillies de manière anonyme et confidentielle. La participation à l'étude était volontaire après obtention du consentement éclairé des participants.

III.2.6.1. Questionnaire et variables étudiées

Le questionnaire utilisé dans cette étude était structuré en deux parties principales :

- La première partie était consacrée aux données sociodémographiques des participants, incluant : l'âge et le genre ainsi que la faculté et le département auquel l'étudiant est affilié. Nous avons également noté : l'origine géographique et la consanguinité.

Le tableau (Annexe N :03) présente la répartition des effectifs des étudiants selon les facultés et les départements de l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem, et à partir desquels l'échantillonnage a été réalisé. Cette répartition permet de mettre en évidence la diversité académique des participants inclus dans l'étude ainsi que la représentativité des différentes composantes universitaires de la population étudiée.

La deuxième partie était dédiée aux informations biologiques, notamment : le groupe sanguin selon le système ABO et le facteur Rhésus.

III.2.7 Méthode de détermination des groupes sanguins (ABO et Rh)

La détermination des groupes sanguins ABO et du facteur Rhésus repose sur les déclarations des participants recueillies à travers le questionnaire, c'est -à dire que les étudiants ont auto-déclaré leur groupe sanguin, en se basant sur des tests examens médicaux effectués précédemment.

III.2.8 Analyses statistiques

Les données collectées ont été codées, centralisées sur Excel puis analysées à l'aide du logiciel statistiques SPSS version 26, pour une analyse statistique descriptive.

Dans un premier temps, les fréquences des groupes sanguins ABO et du facteur Rhésus ont été déterminées au sein de l'échantillon étudié. Ensuite, les fréquences alléliques et génotypiques ont été estimées, en utilisant la loi de Hardy -Weinberg

Les résultats ont été présentés sous forme de pourcentages, permettant d'analyser la distribution des groupes sanguins selon différentes variables (genre, faculté, origine géographique...)

Le test du Chi-deux (χ^2) a été utilisé afin d'évaluer :

- Si la distribution des GS et système Rh diffèrent significativement selon le genre, l'âge, la consanguinité et le degré de parenté des parents.
- L'équilibre génétique de la population selon le modèle de Hardy-Weinberg.

Chapitre IV :

Résultats et

Discussion

IV.1. Taille de la population étudiée et analyse des données manquantes

L'étude a été menée sur un échantillon de 465 étudiants, sélectionnés parmi les 26665 étudiants inscrits à l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem durant l'année universitaire 20252026. Bien que l'échantillon sélectionné représente environ 2,9 % de la population universitaire totale, la représentativité de l'échantillon repose principalement sur la méthode d'échantillonnage utilisée ainsi que sur le calcul statistique préalable de la taille minimale requise, plutôt que sur la proportion numérique seule. Dans cette étude, un échantillonnage stratifié a été adopté. Les étudiants ont été répartis en strates correspondant aux différentes facultés de l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem. Au sein de chaque strate, les participants ont été recrutés selon les critères de disponibilité et d'accessibilité, afin d'assurer une meilleure représentativité de la population étudiée.

Selon **Stanley K. Lwanga et Stanley Lemeshow (1991)**, un échantillon peut être considéré comme représentatif lorsqu'il est sélectionné selon une méthodologie appropriée et qu'il atteint une taille statistiquement suffisante pour fournir des estimations fiables de la population cible. De plus, **Lye Naing et al. (2022)** soulignent que dans les études transversales de prévalence, la validité des résultats dépend essentiellement d'un calcul adéquat de la taille d'échantillon et d'une stratégie d'échantillonnage adaptée.

Concernant la qualité des données recueillies, une analyse des données manquantes a été réalisée. Le taux de non-réponse est demeuré faible, avec quatre réponses manquantes pour la variable « âge », deux réponses manquantes pour le système sanguin ABO et trois réponses manquantes concernant la consanguinité. Ces données manquantes représentent une proportion très limitée de l'ensemble des observations et n'ont pas été jugées susceptibles d'altérer significativement la validité des analyses statistiques réalisées. Les analyses ont donc été effectuées sur les données disponibles pour chaque variable, conformément aux recommandations méthodologiques applicables aux études transversales. (**Hartl & Clark, 2007**).

IV.2. Origine géographique de la population étudiée

L'ensemble des étudiants inclus dans cette étude était originaire de la wilaya de Mostaganem, mais l'analyse a montré que 6,81 % des participants étaient issus de familles récemment implantées dans la région, correspondant à une présence limitée à une seule génération (Figure 4).

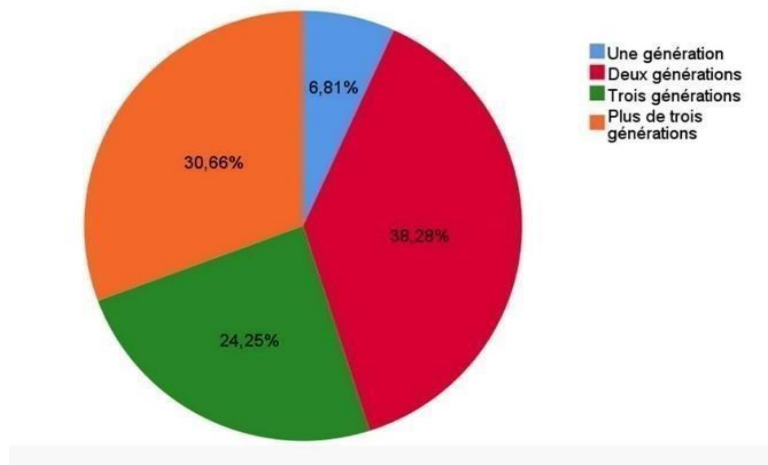


Figure 4 : Répartition initiale de l'ensemble étudiants questionnés selon le nombre de génération d'implantation dans la wilaya de Mostaganem.

Afin de limiter l'influence des migrations récentes sur la structure génétique de la population étudiée, les individus appartenant à des familles établies dans la wilaya de Mostaganem depuis une seule génération ont été exclus de l'étude. Ce critère de non-inclusion a été adopté dans le but de réduire l'effet du flux génique récent susceptible de modifier les fréquences alléliques et génotypiques de la population (Slatkin, 1985 ; Jobling et al, 2013).

Sur le plan génétique, cette catégorie peut représenter une source potentielle d'hétérogénéité génétique en raison de l'introduction possible d'allèles provenant de populations externes. En effet, la migration — ou flux génique — constitue l'un des principaux facteurs susceptibles de modifier les fréquences alléliques et génotypiques d'une population par l'introduction d'allèles provenant de populations externes. Cette dynamique peut entraîner un écart entre les fréquences génotypiques observées et celles attendues à l'équilibre de Hardy-Weinberg, notamment

lorsque les populations migrantes présentent des caractéristiques génétiques différentes de celles de la population résidente ou receveuse (Hartl & Clark, 2007 ; Jobling et al (2013).

Après application des critères de non-inclusion, seuls les participants issus de familles établies dans la wilaya de Mostaganem depuis au moins deux générations ont été retenus pour l'analyse génétique. L'étude a inclus un échantillon final de 465 participants, ce qui permet de garantir une meilleure représentativité et une homogénéité génétique de la population étudiée.

La majorité des participants appartiennent à des familles implantées dans la région depuis deux générations (41,08 %), suivies des familles établies depuis plus de trois générations (32,90 %)

et depuis trois générations (26,02 %) (Figure 5). Ces résultats traduisent une relative stabilité démographique de la population étudiée et suggèrent une stabilité démographique au sein de l'échantillon analysé.

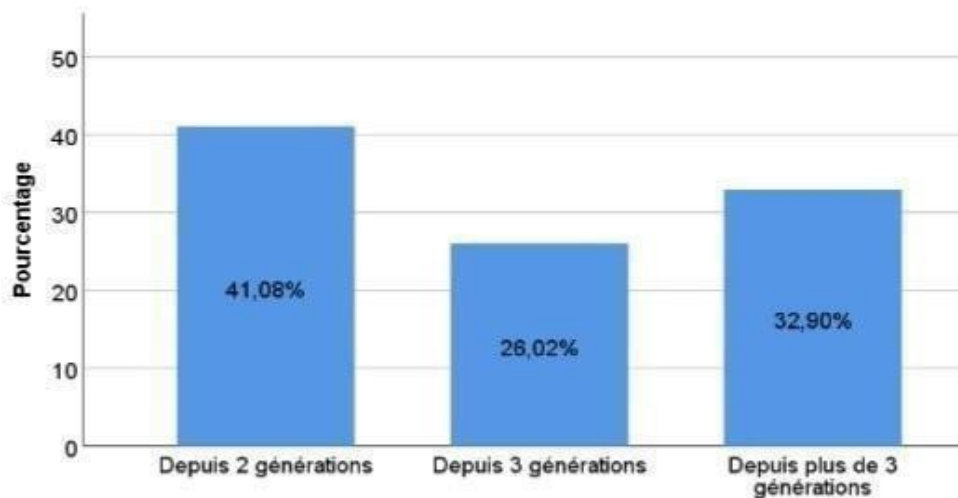


Figure 5 : Répartition finale des participants retenus dans l'étude selon la génération d'implantation familiale dans la wilaya de Mostaganem.

Après un événement de migration, la structure génétique d'une population peut être temporairement perturbée en raison de l'introduction ou de la perte d'allèles, entraînant une déviation de l'équilibre de Hardy–Weinberg. Toutefois, en l'absence des autres forces évolutives telles que la sélection naturelle, les mutations et la dérive génétique, une seule génération de reproduction aléatoire (panmixie) suffit généralement pour rétablir la distribution des fréquences génotypiques conformément au modèle de Hardy–Weinberg (**Hartl & Clark, 2007**).

Cette approche méthodologique rejoint les recommandations de plusieurs études récentes en génétique des populations, qui soulignent l'importance de sélectionner des populations présentant une stabilité résidentielle suffisante afin d'obtenir une meilleure représentativité génétique et une interprétation plus fiable des données populationnelles (**Templeton, 2021**).

Des observations similaires ont été rapportées dans les études réalisées sur les populations nord-africaines, où la stabilité résidentielle et la continuité d'implantation familiale sont considérées comme des facteurs importants influençant la structuration génétique des populations humaines (**Mourant et al, 1976**). De plus, les populations caractérisées par une faible mobilité géographique présentent généralement une variabilité génétique plus stable et moins affectée par les apports alléliques récents (**Hartl & Clark, 2007**).

Ainsi, l'exclusion des participants récemment installés dans la région a permis d'améliorer l'homogénéité génétique de l'échantillon et de renforcer la validité des analyses réalisées dans le cadre du modèle de Hardy-Weinberg.

IV. 3. Répartition des participants selon les facultés et départements

Le tableau 6 montre une diversité des étudiants participants, qui proviennent de plusieurs facultés et départements de l'UMAB. Cette diversité permet d'obtenir un échantillon relativement représentatif de la population universitaire étudiée. Selon **Creswell (2014)**, la diversification des participants dans une étude universitaire améliore la représentativité statistique et réduit les biais liés à la sélection des échantillons.

Tableau 6 : Répartition de la population d'étude selon la faculté et le département

Faculté	Département	Fréquence	Pourcentage
Faculté des sciences sociales	-Sciences humaines	14	3,0
	-Sciences sociales	8	1,7
Faculté de littérature arabe et des arts	- Études littératures et critiques	25	5,4
	-Arts visuels et arts du spectacles	11	2,4
Faculté des langues étrangères	- Français	9	1,9
	-Anglais	13	2,8
	-Espagnol	14	3,0
Faculté des sciences économique, commerciales et sciences de gestion	-Sciences économiques	15	3,2
	-Sciences commerciales	3	0,6
	-Sciences de gestion	17	3,7
	-Sciences financières et Comptabilité	17	3,7
Faculté de médecine	-Médecine	31	6,7
	-Pharmacie	18	3,9
Faculté des droits et sciences Politiques	-Droit public	11	2,4
	-Droit privé	40	8,6
	-Sciences politiques	14	3,0
Faculté des sciences exactes et informatiques	-Mathématiques et informatique	36	7,7
	-Physique et chimie	12	2,6

RESULTATS ET DISCUSSION

Faculté des sciences de la nature et la Vie	-Biologie	19	4,1
	-Agronomie	10	2,2
	-Hydrologie marine et Continentale	2	0,4
	-SNV (tronc commun)	13	2,8
	-Biotechnologie	11	2,4
	-Sciences alimentaires	7	1,5
Faculté des sciences et la technologie	-Génie civil	15	3,2
	-Architecture	13	2,8
	-Génie des procédés	7	1,5
	-Génie mécanique	10	2,2
	-Génie électrique	6	1,3
	-Tronc commun ST	18	3,9
Institut d'étude physiques et sportives	-Education physique et sportives	4	0,9
	- Entraînement sportif	6	1,3
	-Tronc commun sport	8	1,7
Total étudiants retenus dans l'échantillon		465	100,0

Concernant la répartition par faculté, les pourcentages les plus élevés ont été pris au niveau des facultés à forte densité estudiantine (nombre élevé d'étudiants inscrits), notamment les facultés des sciences économiques, commerciales et sciences de gestion, ainsi que les facultés des sciences sociales et humaines. À l'inverse, certaines facultés spécialisées telles que la faculté des sciences de la nature et de la vie, présente un pourcentage plus faible, en raison du nombre relativement réduit d'étudiants inscrits. Des observations similaires ont été rapportées par **Kumar (2019)**, qui souligne que les filières à grands effectifs dominent souvent les enquêtes universitaires. L'analyse détaillée des départements révèle également une hétérogénéité des effectifs. Le département de droit privé représente l'effectif le plus important avec 40 étudiants (8,6 %), suivi des départements de mathématiques et informatique avec 36 étudiants (7,7 %). Cette prédominance peut être liée à l'importance numérique de ces filières dans l'université ainsi qu'à une plus grande disponibilité des étudiants lors de la collecte des données. Selon **Saunders et al, (2018)**, la taille des départements universitaires influence directement le taux de participation dans les études descriptives menées en milieu académique.

D'autres spécialités telles que les sciences financières et comptabilité (3,7 %), le génie civil (3,2 %), les sciences politiques (3,0 %) et les sciences humaines (3,0 %) montrent également une participation notable, traduisant une bonne diversité académique de l'échantillon. En revanche, certains départements comme l'hydrologie marine et continentale (0,4 %), les sciences commerciales (0,6 %) ou le génie électrique (1,3 %) restent faiblement représentés. Cette faible fréquence pourrait être due à un nombre limité d'étudiants dans ces filières ou à une participation moins importante au questionnaire. Ces variations entre départements ont également été décrites dans les travaux de (Taherdoost ,2016), portant sur la représentativité des enquêtes universitaires.

La présence de plusieurs spécialités (sciences techniques et médicales, domaines littéraire et juridique) constitue un point positif pour l'étude, car elle réduit le risque de biais lié à une seule catégorie d'étudiants. En effet, la variation des profils universitaires permet une meilleure représentativité des caractéristiques sociodémographiques et biologiques dans cette recherche. Selon (Etikan et Bala, 2017), la diversité des profils inclus dans un échantillon améliore la validité externe des résultats obtenus.

IV.4. Répartition des participants selon le genre

L'analyse descriptive de la population étudiée selon le genre met en évidence une prédominance féminine. Les participantes de genre féminin (n = 318) représentent 68,39 % de l'effectif total, tandis que les participants masculins (n = 147) représentent 31,61 %, donnant un sex-ratio H/F de 0,46.

Tableau 7 : Répartition des participants selon le genre

Genre	Effectif (n)	Pourcentage (%)
Féminin	318	68,39
Masculin	147	31,61
Total étudiants	465	100

Cette prédominance féminine pourrait être expliquée par la forte représentation des étudiantes au sein de la population universitaire ainsi que par une participation plus importante des femmes aux enquêtes académiques et aux études de santé publique. En effet, plusieurs travaux récents ont montré que les femmes participent généralement davantage aux études épidémiologiques et aux enquêtes basées sur les questionnaires, notamment dans les milieux universitaires et biomédicaux (Galea & Tracy, 2007).

Ce résultat concorde avec les observations rapportées par l'**UNESCO (2021)**, qui ont également mis en évidence une participation féminine plus importante dans les études universitaires et les enquêtes de santé réalisées auprès des jeunes adultes.

Toutefois, cette différence de répartition entre les deux sexes ne constitue pas un biais majeur dans notre étude et n'influence pas l'interprétation des fréquences géniques et alléliques obtenues. Les systèmes de groupes sanguins étant des caractères génétiques autosomiques, leur transmission génétique est indépendante du sexe.

IV5 Age des étudiants

IV5.1 Répartition des étudiants selon l'âge

La figure 6 illustre la répartition des étudiants de la présente enquête selon les classes d'âge.

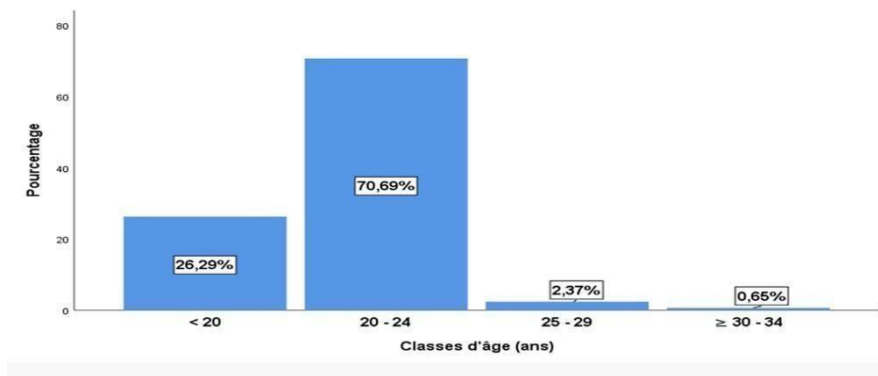


Figure 6: Répartition des étudiants selon les classes d'âge.

Cette distribution reflète la structure démographique habituelle des populations universitaires, où la majorité des étudiants appartient à la tranche d'âge correspondant au cursus universitaire classique. En effet, les étudiants âgés de 20 à 24 ans correspondent généralement aux niveaux de licence et de master, ce qui explique leur forte représentation dans l'échantillon. Ces résultats sont comparables à plusieurs études universitaires réalisées en milieu étudiantin Algérie et dans d'autres pays, où les échantillons sont majoritairement composés de jeunes adultes âgés de 18 à 25 ans. **(Ben Saad et al, 2024).**

La figure 7 montre la répartition des étudiants enquêtés selon l'âge et le genre

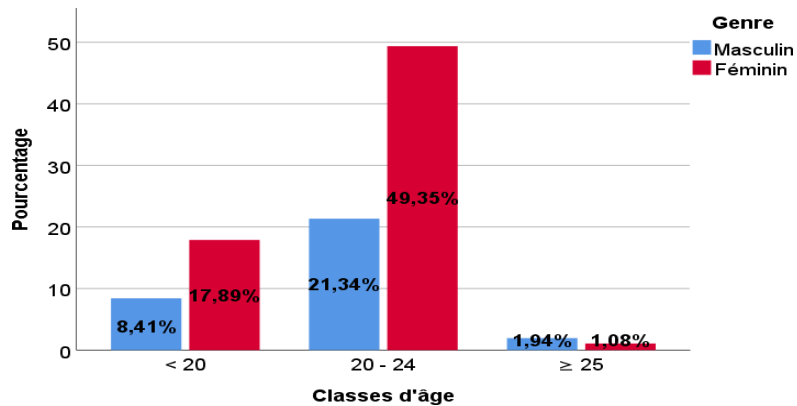


Figure 7 : Répartition des étudiants enquêtés selon l'âge et le genre

Par ailleurs, la faible proportion des classes d'âge supérieures à 25 ans pourrait s'expliquer par le nombre réduit d'étudiants en reprise d'études, en formation doctorale ou en parcours académique prolongé, cette tendance était fréquemment observée dans les études réalisées en milieu universitaire (Adel et al, 2024 ; Aidoud et al, 2021).

Dans ce contexte, l'âge n'influence généralement pas directement la transmission des groupes sanguins, mais une population homogène permet de réduire certains biais d'échantillonnage.

IV52 Analyse descriptive de l'âge et du genre

La moyenne d'âge des participants masculins est de $21,10 \pm 2,21$ ans, avec des âges variant de 17 à 31 ans, tandis que celle des participantes féminines est de $20,63 \pm 2,18$ ans, avec des âges compris entre 17 et 36 ans. La proximité entre les moyennes et les médianes observées (21 ans chez les hommes et 20 ans chez les femmes) indique que la majorité des étudiants appartient à une tranche d'âge relativement proche (tableau 8). Les indices de tendance centrale confirment ceci, avec une moyenne générale de $20,78 \pm 1,97$ ans et une médiane de 21,00 ans (tableau 8).

Cette homogénéité est importante pour assurer la stabilité des fréquences observées au sein de l'échantillon étudié (Bailly et al, 2011).

Par ailleurs, l'analyse statistique révèle une asymétrie positive chez les hommes (asymétrie= 1,246), traduisant la présence de quelques individus plus âgés que la majorité de l'échantillon.

Tableau 8 : statistiques descriptives de l'âge selon le genre

Age Sexe	Moyenne	Médiane	Mode	Variance	Écart- type	Minimum	Maximum
Masculin	21,10	21,00	=	4,887	2,211	17	31
Féminin	20,63	20,00	=	3,409	1,85	17	36
Ensemble étudiants	20,78	21,00	20	3,915	1,979	17	36

IV.6 Répartition des étudiants selon le groupe sanguin ABO

Les pourcentages des différents groupes sanguins observés au sein de l'échantillon étudié sont donnés par la figure 8.

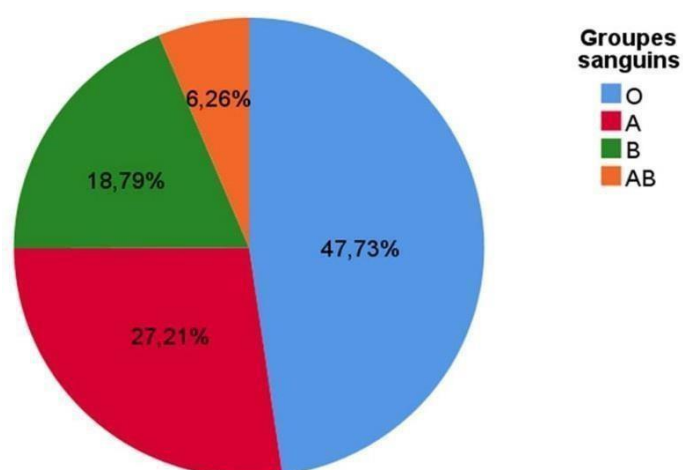


Figure 8 : Répartition des étudiants selon les groupes sanguins

On remarque une prédominance du groupe sanguin O (47,7 %), suivi des groupes A (27,21%), B (18,79%) puis AB (6,26%). Cet ordre de distribution s'observe aussi bien chez les femmes que chez les hommes (Figure 9) et quel que soit la tranche d'âge (Figure 10).

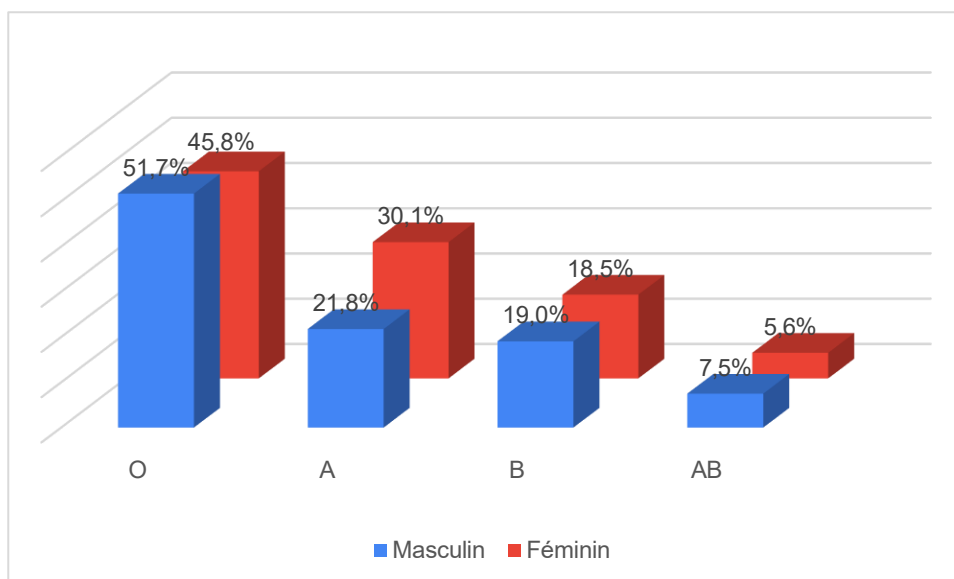


Figure 9 : Répartition des groupes sanguins selon le genre ($p > 0,05$)

Les différences entre les fréquences des GS selon le genre ou l'âge sont statistiquement non significatives ($p > 0,05$).

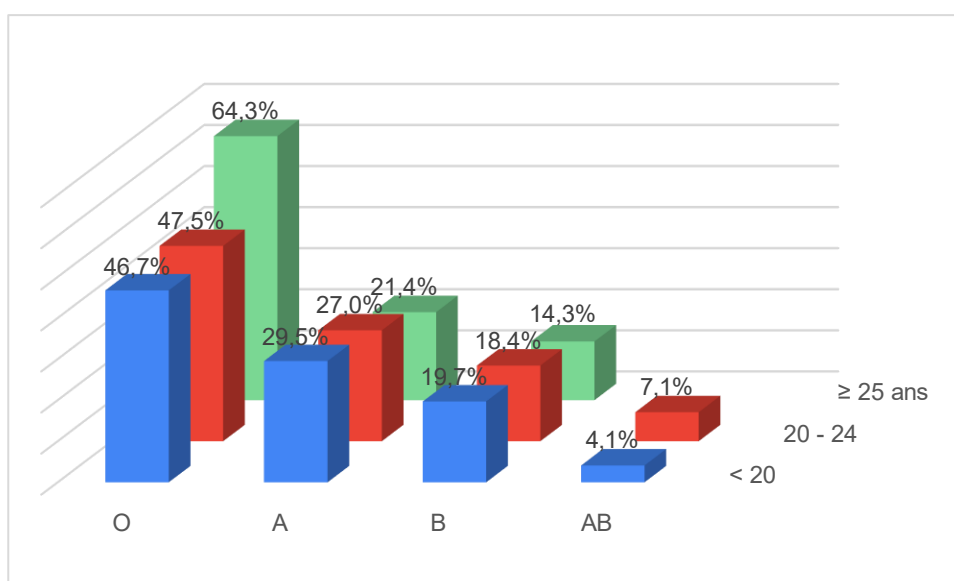


Figure 10 : Répartition des groupes sanguins selon l'âge ($p > 0,05$)

IV.7 Comparaison de la distribution des groupes sanguins ABO avec des études Algériennes et maghrébines

La distribution des GS observée dans notre population est comparable à celle rapportée dans des études en Algérie et dans les autres pays du Maghreb (Maroc et Tunisie), où le système ABO présente une structure relativement homogène, dominée par le groupe O.

En Algérie, une étude de **Akrour et Belaribi, (2019)** a montré une prédominance du groupe O (47,56 %), suivi des groupes A (30,12 %), B (16,57 %) et AB (5,72 %). Ces valeurs sont assez similaires à celles de notre étude.

Au Maroc, plusieurs études réalisées chez les donneurs de sang montrent une prédominance du groupe O (environ 45–50 %), (**Benahadi et al, 2015**) suivi des groupes A, B et AB, avec une distribution similaire à celle observée dans d'autres populations maghrébines comme en Tunisie (**Hmida et al, 1994**).

Ainsi, les populations maghrébines présentent globalement un profil similaire de distribution ABO selon l'ordre décroissant : $O > A > B > AB$, ce qui peut être expliqué par la proximité géographique et le patrimoine génétique commun entre ces populations (**Daniels, 2013**).

IV.7.1 Comparaison de la distribution des groupes sanguins ABO avec les populations mondiales

À l'échelle mondiale, la distribution des groupes sanguins ABO varie selon les régions et les populations. Le groupe O est majoritaire en Afrique et en Amérique latine (Annexe N°09), tandis que le groupe A est plus fréquent en Europe et le groupe B en Asie (**Daniels, 2013**).

Dans plusieurs populations africaines, le groupe sanguin O est le phénotype le plus fréquent, avec des proportions dépassant parfois 50 % dans certaines régions, notamment en Afrique de l'Ouest (**Olsson & Chester, 2008**). Cette caractéristique a également été rapportée dans diverses études de génétique des populations et d'immuno-hématologie réalisées sur le continent africain (**Storry & Olsson, 2009 ; Moulds, 2010**).

La distribution des groupes sanguins ABO peut être interprétée, en partie, comme le résultat de processus évolutifs impliquant la sélection naturelle. Les antigènes ABO interviennent dans les interactions entre l'hôte et divers agents pathogènes, influençant ainsi la susceptibilité à certaines maladies infectieuses. Plusieurs études ont montré que les individus du groupe O présentent un risque réduit de développer des formes sévères du paludisme à *Plasmodium falciparum* ainsi que du choléra causé par *Vibrio cholerae*, probablement en raison de particularités biologiques limitant certaines interactions entre les agents infectieux et les cellules de l'hôte (**Cooling, 2015 ; Rowe et al, 2007**).

De plus, des travaux récents réalisés durant la pandémie de COVID-19 ont rapporté une association entre le groupe O et une moindre susceptibilité ou une sévérité réduite de la maladie comparativement à certains autres groupes sanguins, bien que les résultats puissent varier selon les populations étudiées (**Ellinghaus et al, 2020**).

Par ailleurs, l'influence du système ABO ne se limite pas aux maladies infectieuses. De nombreuses études ont mis en évidence une association entre les groupes sanguins et certaines maladies thromboemboliques. Les individus appartenant aux groupes non O (A, B et AB) présentent généralement des concentrations plus élevées du facteur de von Willebrand (vWF) et du facteur VIII, deux protéines essentielles de la coagulation sanguine. Cette particularité est associée à un risque accru de thrombose veineuse, d'accident vasculaire cérébral et certaines maladies coronariennes. À l'inverse, les individus du groupe O possèdent des taux plus faibles de ces facteurs, ce qui leur confère une protection relative contre certains événements thromboemboliques, bien qu'ils puissent présenter un risque légèrement plus élevé de saignement (**Franchini & Liumbruno, 2016 ; Vasan et al, 2016**).

Ainsi, les différences de susceptibilité aux maladies infectieuses et les variations du risque cardiovasculaire associées aux groupes sanguins ABO illustrent l'importance biologique de ce polymorphisme. Les pressions de sélection exercées principalement par les maladies infectieuses au cours de l'évolution humaine auraient contribué au maintien des différents allèles ABO au sein des populations, tandis que les associations observées avec certaines maladies cardiovasculaires témoignent de l'impact physiologique actuel de ce système génétique. Cette balance sélective pourrait expliquer, au moins en partie, la persistance des différents groupes sanguins dans les populations humaines actuelles (**Cooling, 2015 ; Franchini & Liumbruno, 2016**).

IV.8 Répartition des participants selon le système Rhésus

L'étude de la répartition du système Rhésus réalisée sur un échantillon de 463 sujets révèle une nette prédominance du phénotype Rh positif avec 404 individus (87,31 %), alors que le phénotype Rh négatif constitue 12,69 % seulement (Figure 11).

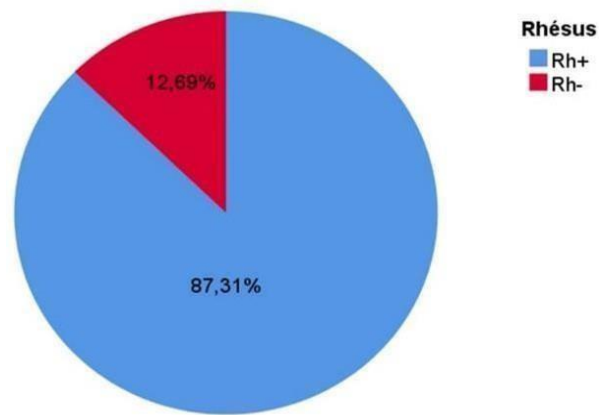


Figure 11 : Répartition selon le système Rhésus

Cette forte fréquence du Rh+ traduit une présence dominante de l'antigène D dans la population étudiée et elle est encore plus significativement marquée chez les femmes (Figure 12).

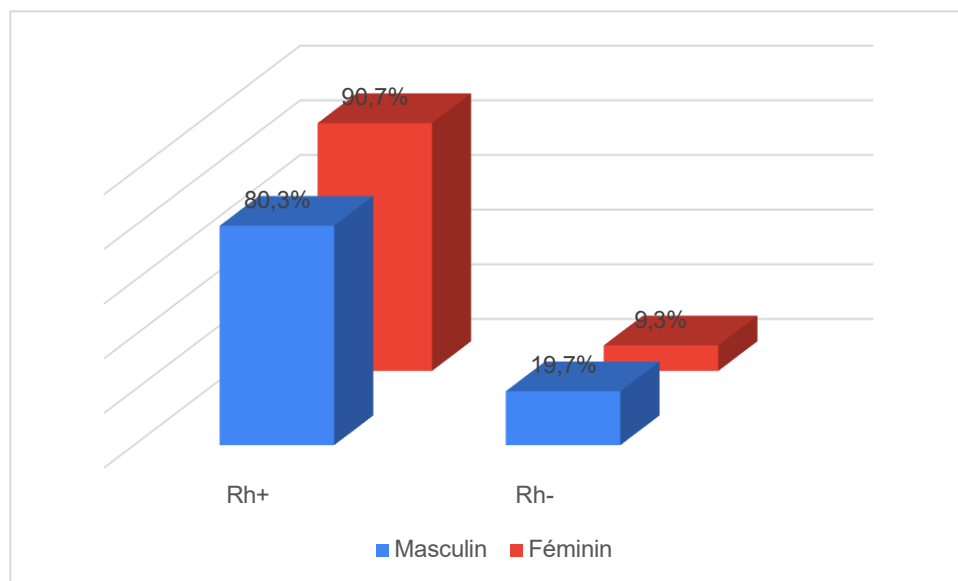


Figure 12 : Répartition du système Rhésus selon le genre ($p > 0,05$)

Aucune différence significative n'existe dans la répartition du système Rhésus selon l'âge (Figure13).

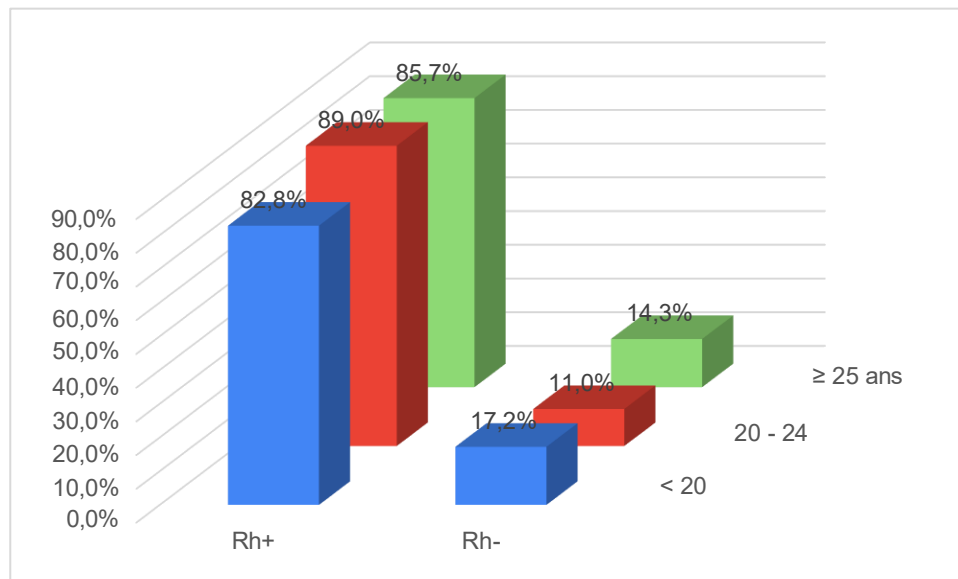


Figure 13 : Répartition du système Rhésus selon l'âge ($p > 0,05$)

IV.8.1 Comparaison de la distribution du facteur Rhésus

Les fréquences du système Rh observées dans notre étude s'inscrivent dans les tendances observées au niveau algérien et maghrébin. Ainsi, au niveau national, les études réalisées dans différentes wilayas algériennes telles qu'Oran, Constantine et Tlemcen rapportent des fréquences du Rh positif comprises entre 86 % et 90 %, confirmant sa forte prédominance dans la population algérienne, tandis que le Rh négatif varie entre 10 % et 14 % (**Benabadji et al, 2015 ; Bougherbal et al, 2018**).

Au niveau du Maghreb, notamment au Maroc et en Tunisie, la fréquence du Rh positif est également élevée ; entre 88 % et 90 %, tandis que le Rh négatif est compris entre 10 % et 12 %. Ces résultats mettent en évidence une forte homogénéité génétique entre les populations nord-africaines (**El Mostarchid et al, 2017 ; Sassi et al, 2014**).

À l'échelle mondiale, les populations africaines et asiatiques se caractérisent également par une nette prédominance du Rh positif dépassant souvent 90 %, alors que dans les populations européennes les fréquences semblent un peu moins élevées (Tableau 9) (**Dean, 2005 ; Hoffbrand & Moss, 2016**). Globalement, la fréquence mondiale du Rh positif varie entre 80 % et 85 %, tandis que le Rh négatif représente environ 15 % à 20 % selon les populations étudiées (**Daniels, 2013 ; Flegel, 2017 ; ISBT, 2023**).

Chez certaines populations d'Asie orientale, le Rh négatif reste extrêmement rare, avec des fréquences inférieures à 1 % (**Daniels, 2013 ; Flegel, 2017**).

IV.8.2 Étude comparative de la distribution des systèmes ABO et Rhésus entre la population étudiée, les wilayas algériennes, le Maghreb et les populations mondiales

Afin de situer nos résultats dans un contexte plus large, une comparaison de la distribution des systèmes sanguins ABO et Rhésus a été réalisée avec différentes études algériennes, Maghrébines et mondiales. Cette analyse comparative permet de mettre en évidence les similitudes et les variations entre ces différentes populations étudiées et notre échantillon issu de la population de Mostaganem.

Tableau 9 : Fréquences des groupes sanguins ABO et du facteur Rhésus dans différentes études Algériennes, Maghrébines et mondiales

Population / Région	O (%)	A (%)	B (%)	AB (%)	Rh + (%)	Rh – (%)	Référence
Algérie	47,52	30,14	16,62	5,72	91 ,8	8,2	Derouiche et al, 2020
Mostaganem	47,7	27,2	18,8	6,3	87,31	12,7	(Présente étude)
Oran	43	35	17	5	88	12	Deba, T et al, (2021)
Constantine	47,9	35,7	11,7	4,6	87,31	12,7	Talbi et al, 2018
Maroc	45,4	33,8	16,1	4,8	92	8,0	Zahid et al, 2024
Tunisie	48	30	16	6	89	11,0	Gritli et al, 2021
Afrique	52	22	20	6	93	7	Revue africaine récente, 2021-2023
Europe	42	42	11	4	84	16	Monaco et al, 2021
Asie	43	28	30	8	94	6,0	Wang et al, 2016

Une étude de **Derouiche et al (2020)**, réalisés sur un large échantillon de sujets couvrant 48 wilayas algériennes, a montré que la population algérienne se caractérise par une prédominance du groupe O (47,52 %), suivie des groupes A (30,14%), B (16,62%) puis AB (5,72%), ainsi qu'une fréquence élevée du Rh positif dépassant 90 %. Ces valeurs sont assez proches de celles de notre population d'étude.

Au niveau régional, les études menées à Oran et à Constantine rapportent des distributions similaires, marquées par la dominance du groupe O (43%) et la forte fréquence du Rh+ (88%). Ces résultats suggèrent une homogénéité génétique du système ABO et Rhésus entre les populations de différentes régions de l'Algérie.

Concernant les pays du Maghreb, notamment le Maroc et la Tunisie, les travaux disponibles indiquent une structure comparable, caractérisée par la prédominance du groupe O et une fréquence élevée du Rh positif. Ces similitudes avec la structure phénotypique de la population algérienne peuvent s'expliquer aisément par la proximité géographique, historique et génétique des populations nord-africaines.

Par contre, à l'échelle mondiale, des différences marquées apparaissent. Ainsi **Hoffbrand & Moss (2016)** rapportent que les populations africaines présentent généralement une forte fréquence du groupe O, tandis que les populations européennes se distinguent par une proportion plus élevée du groupe A. En Asie, le groupe B est relativement plus représenté par rapport aux autres régions du monde, avec une fréquence moyenne d'environ 25 % à 35 % selon les populations étudiées (**Agrawal et al, 2014**).

Enfin, malgré les variations inter-populationnelles, certaines tendances générales persistent, notamment la large distribution du groupe O, représentant environ 45 % à 50 % de la population mondiale, ainsi que la prédominance globale du Rh positif, estimée à près de 85 % des individus (**Garratty, 2010 ; Daniels, 2013 ; Langan et Goodwin, 2021**).

IV.9 Répartition des étudiants selon la consanguinité

L'analyse de l'échantillon montre que 37,63% des étudiants sont issus de mariages consanguins (Figure 14). L'Annexe N° 05 présente la répartition détaillée des étudiants selon la présence ou l'absence de consanguinité.

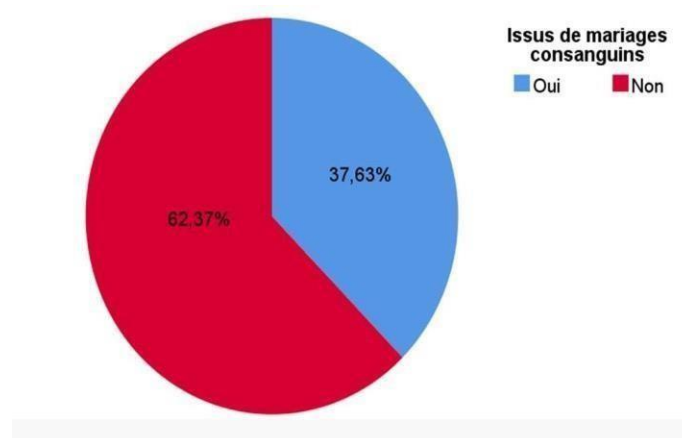


Figure 14 : Répartition des étudiants selon la consanguinité

La figure 15 montre que la répartition des groupes sanguins selon la présence de consanguinité ou pas, n'est pas significativement différente ($p > 0,05$). Néanmoins, on peut

remarquer que le groupe O, dont le génotype est récessif (ii) est plus fréquent chez les étudiants issus de mariages consanguins.

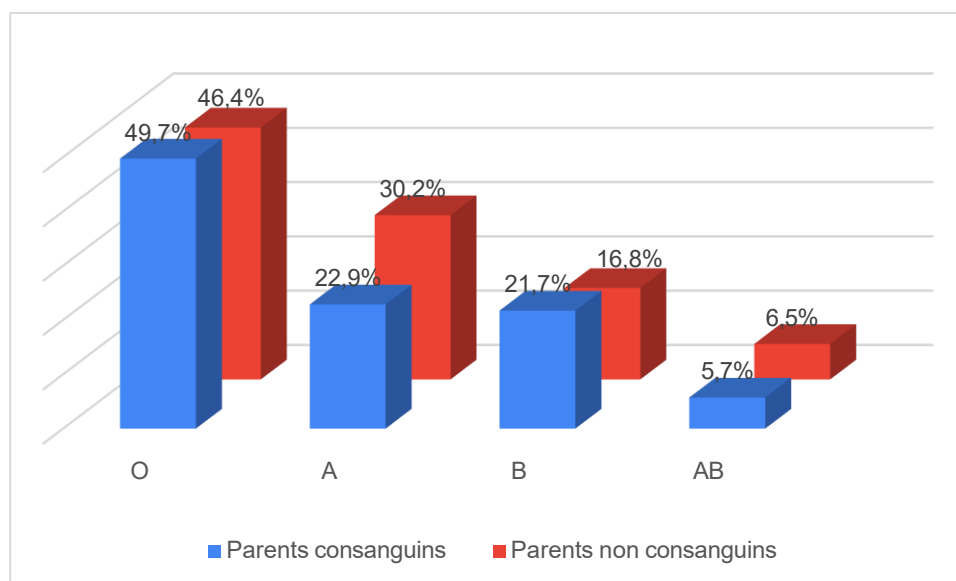


Figure 15 : Répartition des groupes sanguins selon la consanguinité des parents ($p > 0,05$)

On remarque également que le phénotype Rhésus négatif (de génotype récessif ; dd) est plus élevé chez les sujets qui sont issus de parents consanguins (Figure 16), mais cette différence n'est pas statistiquement significative.

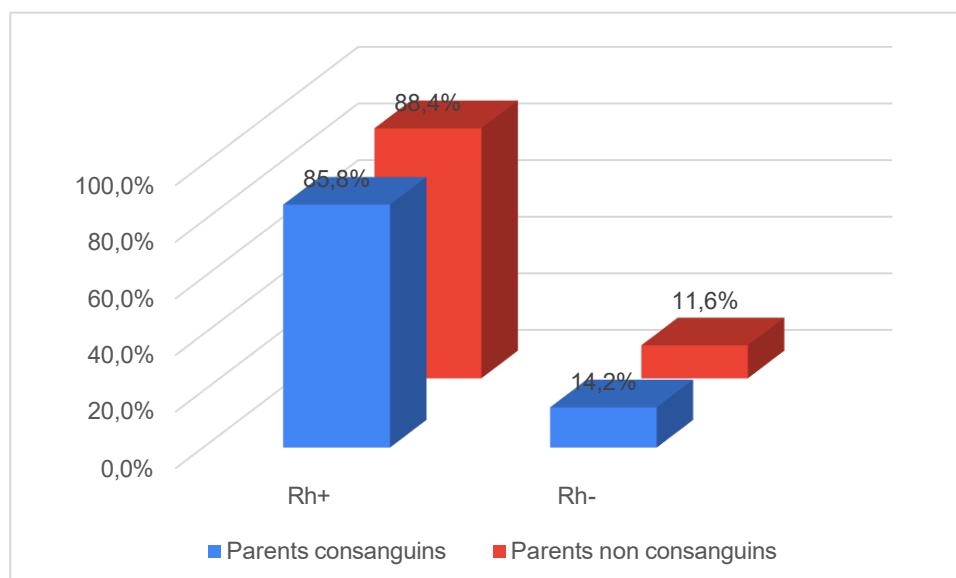


Figure 16 : Répartition du facteur Rhésus selon la consanguinité ($p > 0,05$)

IV.9.1 Importance de la consanguinité dans l'étude

La consanguinité est une pratique matrimoniale très répandue en Algérie à l'instar de tous les pays arabo-musulmans, elle est motivée par les traditions et les coutumes et est également influencée par le statut social, culturel et économique (Said et al, 1998).

En général l'intégration de la variable "consanguinité" est essentielle car elle permet de :

- Mieux comprendre la structure génétique de la population étudiée.
- Analyser la diversité génétique et le degré d'homozygotie.
- Interpréter correctement la répartition des phénotypes sanguins.
- Établir des liens possibles avec certaines caractéristiques génétiques héréditaires.

Ainsi, la consanguinité constitue un élément clé dans les études de génétique des populations, notamment lorsqu'il est associé aux systèmes polymorphes comme ABO et Rh.

IV.10 Répartition des étudiants selon le degré de consanguinité

Le tableau 10 présente la répartition des 37,63% étudiants issus de mariages consanguins selon le degré de consanguinité ; les unions entre cousins germains ou cousins de premier degré constituent la forme dominante de consanguinité dans la population étudiée.

Tableau 10 : Répartition des étudiants selon le degré de consanguinité

Degré de consanguinité	Effectif (n)	Pourcentage (%)
Cousins germains (ou de 1er degré)	76	44,2
Cousins issus de germains (ou de 2ème degré)	37	21,5
Autre degré de parenté (≥ 3ème degré)	56	32,6
Indéterminé	3	1,7
Total	169	100

Le tableau 11 montre la répartition des GS selon le degré de consanguinité, mais aucune tendance particulière ne ressort de résultats ($p > 0,05$), probablement à cause du faible effectif dans chaque groupe.

Tableau 11 : Répartition des GS selon le degré de consanguinité des parents ($p > 0,05$).

Degré de consanguinité des parents	Groupes sanguins			
	O	A	B	AB
Cousins germains (ou de 1 ^{er} degré)	45,3%	24,0%	26,7%	4,0%
Cousins issus de germains (ou de 2 ^{ème} degré)	60,5%	18,4%	18,4%	2,6%
Autre degré de parenté ($\geq 3^{\text{ème}}$ degré)	46,4%	25,0%	19,6%	8,9%
Ne sait pas	66,7%	33,3%		

On remarque que la fréquence du phénotype Rhésus négatif diminue avec la diminution du degré de consanguinité (Figure 17), ce qui n'est pas surprenant, puisque le génotype, dans ce cas, est homozygote (dd). Cette diminution est néanmoins non significative.

L'union entre cousins germains (ou de premier degré) correspond à une consanguinité relativement élevée et favorise davantage l'homozygotie comparativement aux unions entre apparentés plus éloignés. Le coefficient de consanguinité (F), qui mesure la probabilité qu'un individu reçoive deux allèles identiques par ascendance, est calculé selon la formule de Wright : $F = \sum (1/2)^{m+p+1}$. Dans le cas des cousins germains, les deux parents partagent deux grands-parents communs, chacun contribuant pour $(1/2)^5 = 1/32$. Le coefficient total de consanguinité est donc de $1/32 + 1/32 = 1/16$, soit 0,0625 (6,25 %) (Hedrick, 2011).

$$F_x = \sum (1/2)^{m+p+1} (1 + F_A)$$

F_x : coefficient de consanguinité de l'individu X.

m : nombre de générations séparant l'ancêtre commun de la mère (lignée maternelle).

p : nombre de générations séparant l'ancêtre commun du père (lignée paternelle).

F_A : coefficient de consanguinité de l'ancêtre commun.

Pour les enfants issus d'un mariage entre cousins germains :

$$m = 2, p = 2, F_A = 0$$

Pour chaque ancêtre commun :

$$(3)^{2+2+1} = 12^5 = 1/32$$

Comme il existe deux ancêtres communs (grand-père et grand-mère) :

$$F=2 \times 3=0,0625 = 6,25\%$$

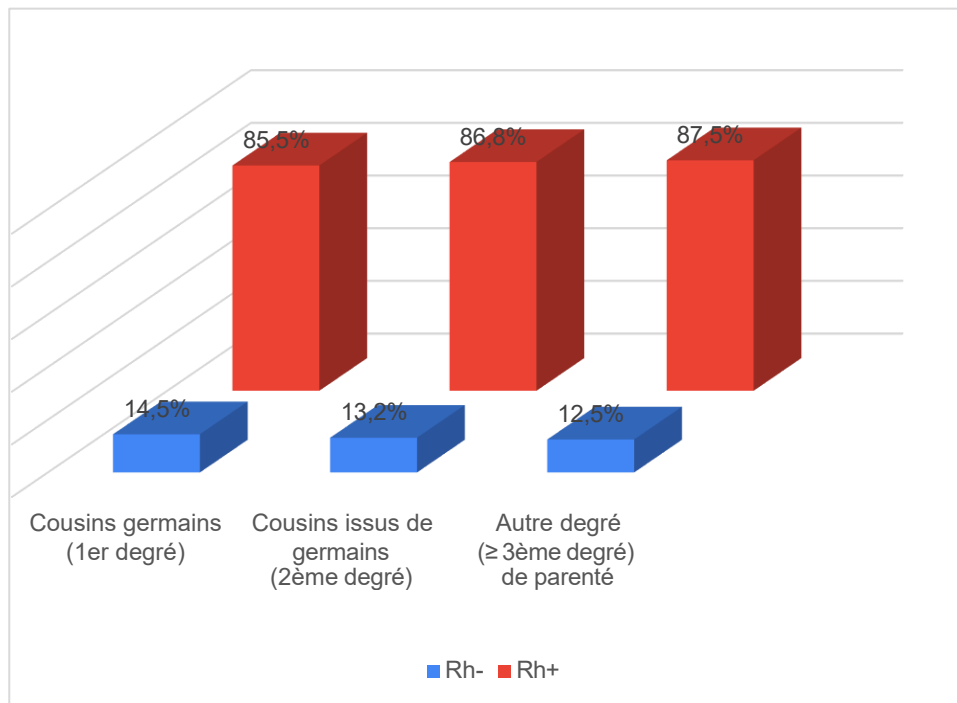


Figure 17 : Répartition du facteur Rhésus selon le degré de consanguinité des parents ($p > 0,05$)

La présence non négligeable des unions entre cousins issus de germains ainsi que d'autres degrés de parenté traduit la persistance des mariages intrafamiliaux sous différentes formes dans la population de la wilaya de Mostaganem en particulier et la population algérienne en général (**Moussouni et al, 2024**).

D'un point de vue génétique, l'augmentation de l'homozygotie liée à la consanguinité accroît la probabilité d'expression des allèles récessifs délétères, entraînant une augmentation du risque de maladies génétiques et une réduction de la variabilité génétique au sein des familles concernées (**Bittles & Black, 2010; Oniya et al, 2019 ; Khlal & Khoury, 1991**).

IV.10.1 Lien de la consanguinité avec les systèmes ABO et Rh

En génétique des populations, la consanguinité peut influencer la structure génétique des populations sans modifier systématiquement les fréquences globales des groupes sanguins (ABO et Rh). En effet, les mariages consanguins augmentent la probabilité que les deux parents partagent les mêmes allèles hérités d'un ancêtre commun (**Bittles, 2001**). Cela entraîne une augmentation de l'homozygotie et une diminution de l'hétérozygotie (**Strachan & Read, 2018**).

Dans le système ABO, qui repose sur trois allèles (I^A , I^B et i), la consanguinité peut ainsi favoriser l'expression de génotypes homozygotes, notamment ii (groupe O) ou $I^A I^A$ ou $I^B I^B$, selon la structure génétique familiale (Daniels, 2013).

Pour le système Rhésus, où l'allèle D (Rh^+) est dominant sur d (Rh^-), la consanguinité augmente la probabilité d'apparition d'individus Rh^- homozygotes (dd), notamment lorsque l'allèle récessif est présent dans la famille (Daniels, 2013).

Cependant, il est important de préciser que la consanguinité ne modifie pas les fréquences globales des groupes sanguins dans la population, mais agit plutôt sur la distribution des génotypes au sein des familles (Hartl & Clark, 2007).

IV.11 Analyse de l'équilibre génétique des systèmes ABO et Rhésus par le test du Chi-deux

IV.11.1 Calcul des fréquences phénotypiques

Le calcul des fréquences phénotypiques s'est fait comme suit :

$$\text{Fréquence phénotypique} = \frac{\text{Nombre de sujets porteurs du phénotype étudié}}{\text{Nombre total des sujets étudiés.}}$$

Le tableau 12 présente les résultats obtenus.

Tableau 12 : Fréquences et pourcentages phénotypiques des groupes sanguins (ABO)

Groupes sanguins	Fréquences	Pourcentage (%)
O	$221/463 = 0,4773$	47,7
A	$126/463 = 0,2721$	27,2
B	$87/463 = 0,1879$	18,8
AB	$29/463 = 0,0626$	6,3
Total (n=463)	$Fréq(A) + Fréq(O) + Fréq(B) + Fréq(AB) = 1 = 100\%$	

La littérature scientifique indique que le groupe O reste le plus fréquent dans la population algérienne, avec des proportions proches de 45 à 48 %, suivi du groupe A (30,14 %), puis du groupe B (16,62%) et enfin du groupe AB (5,72%) (Derouiche et al, 2021). Cette stabilité des fréquences suggère une distribution stable des fréquences relatives entre les différentes régions du pays, malgré certaines variations locales liées à la structure démographique des échantillons étudiés (Cavalli-Sforza et al, 1994).

IV.1.1 Estimation des fréquences alléliques

Les fréquences alléliques I^A , I^B et i du système ABO ont été estimées à partir des fréquences phénotypiques observées selon la méthode de Bernstein dérivée du modèle de Hardy–Weinberg (Bernstein, 1930 ; Hedrick, 2011).

La fréquence provisoire de l'allèle i (r') a été calculée à partir de la fréquence du groupe O :

$$\begin{aligned} r' &= \sqrt{f(O)} \\ r' &= \sqrt{0,4773} \\ r' &= 0,6909 \end{aligned}$$

1. Estimation de p' la fréquence provisoire de l'allèle I^A

Les individus de phénotype A ou O regroupent les génotypes $I^A I^A$, $I^A i$ et ii . Ainsi :

$$\begin{aligned} f(A) + f(O) &= p^2 + 2pr + r^2 \\ f(A) + f(O) &= (p' + r')^2 \end{aligned}$$

Donc :

$$\begin{aligned} (p' + r')^2 &= 0,2721 + 0,4773 \\ (p' + r')^2 &= 0,7494 \\ p' + r' &= \sqrt{0,7494} \\ p' + r' &= 0,8657 \end{aligned}$$

Sachant que $r' = 0,6909$

On obtient :

$$\begin{aligned} p' + r' &= 0,8657 \\ p' &= 0,8657 - 0,6909 \\ p' &= 0,1748 \end{aligned}$$

2. Estimation de q' la fréquence provisoire de l'allèle I^B

Les individus de phénotype B ou O regroupent les génotypes $I^B I^B$, $I^B i$ et ii . Ainsi :

$$\begin{aligned} f(B) + f(O) &= q^2 + 2qr + r^2 \\ f(B) + f(O) &= (q + r)^2 \end{aligned}$$

Donc :

$$\begin{aligned} (q + r)^2 &= 0,1879 + 0,4773 \\ (q + r)^2 &= 0,6652 \\ q + r &= \sqrt{0,6652} \end{aligned}$$

$$q + r = 0,8156$$

Sachant que $r' = 0,6909$

On obtient :

$$q' + r' = 0,8156$$

$$q' = 0,8156 - 0,6909$$

$$q' = 0,1247$$

Vérification

$$p' + q' + r' = 0,1748 + 0,1247 + 0,6909$$

$$p' + q' + r' = 0,9904 \neq 1$$

Il y a un léger écart :

$$D = 1 - 0,9904$$

$$D = 0,0096$$

3. Correction de Bernstein

Afin de corriger le léger écart observé, la correction de Bernstein a été appliquée :

$$\lambda = 1 + D/2 \text{ (Bernstein, 1930 ; Hiernaux & Tissier, 1972)}$$

$$\lambda = 1 + 0,0096/2$$

$$\lambda = 1,0048$$

Les fréquences alléliques ajustées sont alors :

$$p = p' \times \lambda$$

$$p = 0,1748 \times 1,0048$$

$$p = 0,1756$$

$$q = q' \times \lambda$$

$$q = 0,1247 \times 1,0048$$

$$q = 0,1253$$

Pour l'allèle i :

$$r = (r' + D/2) \times \lambda$$

$$r = (0,6909 + 0,0048) \times 1,0048$$

$$r = 0,6990$$

La vérification finale donne :

$$p + q + r = 0,1756 + 0,1253 + 0,6990$$

$$p + q + r = 0,9999 \approx 1$$

Tableau 13 : Fréquences alléliques estimées du système ABO

Allèle	Fréquence
I	$r = 0,6990$
I ^A	$p = 0,1756$
I ^B	$q = 0,1253$

IV.112 Test du Chi² appliqué au système ABO

Le test du Chi-deux (χ^2) a été utilisé afin de comparer les effectifs observés aux effectifs attendus sous l'hypothèse d'équilibre de Hardy–Weinberg (Pearson, 1900 ; Hedrick, 2011).

Hypothèses du test de Chi² :

Hypothèse nulle (H_0) : la population est en équilibre de Hardy–Weinberg pour le système ABO ; les écarts observés entre les effectifs observés et attendus sont dus au hasard de l'échantillonnage.

Hypothèse alternative (H_1) : la population n'est pas en équilibre de Hardy–Weinberg pour le système ABO ; les écarts observés entre les effectifs observés et attendus sont statistiquement significatifs.

Seuil de signification : $\alpha = 0,05$

Règle de décision :

Si χ^2 calculé $<$ χ^2 critique, l'hypothèse nulle H_0 n'est pas rejetée.

Si χ^2 calculé $\geq$ χ^2 critique, l'hypothèse nulle H_0 est rejetée au profit de H_1 .

Les effectifs observés étaient :

Groupe O : 221, Groupe A : 126, Groupe B : 87, Groupe AB : 29

Les effectifs attendus pour chaque groupe sanguin ont été estimés à partir des fréquences théoriques obtenues sous l'hypothèse d'un équilibre de Hardy–Weinberg. Le calcul a été réalisé selon la formule suivante :

$$E_i = f_i \times N \text{ (Hartl \& Clark, 2007)}$$

où :

E_i représente l'effectif attendu du groupe sanguin considéré,

f_i correspond à sa fréquence théorique,

N représente l'effectif total de la population étudiée ($N=463$).

Les calculs détaillés des effectifs estimés ou attendus sont les suivants :

Pour le groupe O :

$$E(O) = 0,4886 \times 463 = 226,22$$

Pour le groupe A :

$$E(A) = 0,2763 \times 463 = 127,96$$

Pour le groupe B :

$$E(B) = 0,1909 \times 463 = 88,39$$

Pour le groupe AB :

$$E(AB) = 0,0440 \times 463 = 20,37$$

La valeur du Chi-deux a été calculée selon la formule :

$$\chi^2 = \sum \frac{(O-E)^2}{E} \text{ (Pearson, 1900)}$$

Tableau 14 : Comparaison des effectifs observés et attendus des groupes sanguins ABO

Groupe sanguin	Fréquence théorique	Effectif estimé (E)	Effectif observé (O)	$(O_i - E_i)^2$	$(O_i - E_i)^2/E_i$
O	0,4886	226,22	221	$(221-226,22)^2 = 27,2484$	$27,2484/226,22 = 0,1205$
A	0,2763	127,96	126	$(126-127,96)^2 = 3,8416$	$3,8416/127,96 = 0,0300$
B	0,1909	88,39	87	$(87-88,39)^2 = 1,9321$	$1,9321/88,39 = 0,0219$
AB	0,0440	20,37	29	$(29-20,37)^2 = 74,4769$	$74,4769/20,37 = 3,6560$
Total	$\chi^2 = 0,1205 + 0,0300 + 0,0219 + 3,6560 = 3,8284$				

Somme :

$$\chi^2 = 0,1205 + 0,0300 + 0,0219 + 3,6560$$

La valeur totale obtenue est : $\chi^2 = 3,8284$

Le degré de liberté a été déterminé en tenant compte du nombre de classes phénotypiques et du nombre de paramètres estimés. Pour le système ABO, trois fréquences alléliques (I^A , I^B et i) ont été estimées à partir des données observées. Ainsi :

$ddl = \text{nombre de classes phénotypiques} - \text{nombre de paramètres estimés} - 1$

$$ddl = 4 - 1 - 2 = 1 \text{ (4 phénotype - 1 - 2 allèles estimés)}$$

Au seuil de signification $\alpha = 0,05$:

$$\chi^2 \text{ critique} = 3,84$$

Comme : $3,8284 < 3,84$

l'hypothèse nulle H_0 n'est pas rejetée.

Les différences observées entre les effectifs observés et attendus ne sont donc pas statistiquement significatives ($p > 0,05$). La population étudiée peut être considérée comme compatible avec l'équilibre de Hardy–Weinberg pour le système ABO, bien que la valeur du χ^2 soit très proche du seuil critique (χ^2 observé est très proche de la limite, principalement à cause du groupe AB qui est légèrement plus représenté dans l'échantillon que ce que la théorie prédisait).

Conclusion : Les résultats du test du Chi-deux montrent que la valeur calculée ($\chi^2 = 3,8284$) est légèrement inférieure à la valeur critique ($\chi^2 = 3,84$) (Voir Annexe N°10). au seuil de signification $\alpha = 0,05$. L'hypothèse nulle n'est donc pas rejetée ($p > 0,05$).

Ainsi, la distribution des groupes sanguins ABO observée chez les étudiants de l'Université de Mostaganem est compatible avec l'équilibre de Hardy–Weinberg. Les écarts entre les fréquences observées et attendues peuvent être attribués aux fluctuations d'échantillonnage. Ces résultats indiquent une compatibilité avec l'hypothèse de panmixie pour ce locus, sans preuve statistique d'un déséquilibre génétique significatif.

IV.12 Test du Chi-deux pour le système Rhésus

Pour le système Rhésus, le test d'équilibre n'a pas été réalisé, car il s'agit d'un locus à deux allèles, avec dominance complète où seule la proportion d'homozygotes récessifs est observable. En effet, ce système ne présente que deux phénotypes observables (Rh^+ et Rh^-), l'allèle D étant dominant sur l'allèle d. La fréquence de l'allèle d est estimée directement à partir de la fréquence du phénotype Rh^- ($q = \sqrt{f(Rh^-)}$), ce qui conduit à un degré de liberté nul ($ddl = 2 \text{ phénotypes} - 1 \text{ paramètre estimé} - 1 = 0$). Donc le ddl est nul et le χ^2 identiquement nul, car les effectifs théoriques sont égaux aux effectifs observés (Voir calculs en détail en Annexe N°10). Un tel test ne fournit donc aucune information sur la conformité de la population à l'équilibre de Hardy-Weinberg (Hartl & Clark, 2007).

IV.13 Limites de l'étude

Les limites de la présente étude peuvent être les suivantes :

- Étude réalisée uniquement chez les étudiants de l'UMAB Mostaganem (et non pas au niveau de l'ensemble de la population de Mostaganem). L'échantillon étudié concerne principalement une population jeune (universitaire)

- Cette limitation réduit la représentativité des résultats, car la population universitaire constitue un sous-groupe spécifique de la population générale. Elle est caractérisée par un niveau d'instruction homogène et une structure sociale particulière, ce qui peut ne pas refléter fidèlement la diversité démographique et génétique de l'ensemble de la population de la wilaya. Les résultats obtenus ne peuvent donc pas être généralisés à l'ensemble de la population algérienne.

- En raison des différences régionales en Algérie (structure démographique, habitudes matrimoniales et surtout diversité génétique), les fréquences observées dans cette étude ne peuvent pas être extrapolées à l'échelle nationale. La variabilité inter-populationnelle est un facteur important en génétique des populations.

- La population étudiée est majoritairement constituée de jeunes adultes, ce qui limite la diversité démographique de l'échantillon. Bien que cela n'influence pas directement les fréquences alléliques, cela peut réduire la représentativité globale de la population étudiée.

- Possibilité de biais liés à l'origine géographique et socioculturelle des participants (ignorance des origines familiales).

- Les données collectées reposent sur des déclarations des participants, ce qui pourrait entraîner des biais d'information, notamment en cas de méconnaissance des antécédents familiaux ou du degré exact de consanguinité. Cela peut affecter la précision des analyses descriptives.

- Absence d'analyses pour la confirmation des génotypes ABO et Rh déclarés par les étudiants. De plus, l'étude repose uniquement sur des méthodes phénotypiques (sérologiques) pour la détermination des groupes sanguins. Or, ces méthodes ne permettent pas toujours de déterminer avec précision les génotypes sous-jacents, contrairement aux analyses moléculaires de l'ADN, qui offrent une confirmation génétique plus fiable.

-Certains facteurs génétiques et démographiques, tels que la consanguinité et les migrations, n'ont pas été étudiés en détail.

Ces facteurs jouent un rôle essentiel dans la structuration génétique des populations humaines. Leur absence dans l'analyse limite la compréhension globale des mécanismes influençant la distribution des groupes sanguins et la diversité génétique observée.

Discussion générale

DISCUSSION GENERALE

La présente étude a porté sur l'analyse de la distribution des systèmes sanguins ABO et Rhésus chez les étudiants de l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem. Elle avait pour objectif principal d'étudier la fréquence des différents phénotypes sanguins, d'estimer les fréquences alléliques et génotypiques, ainsi que d'évaluer l'équilibre génétique de la population étudiée selon le modèle de Hardy-Weinberg (**Hardy, 1908 ; Weinberg, 1908**).

L'analyse des caractéristiques démographiques montre une prédominance du sexe féminin dans l'échantillon. Cette différence de participation peut être expliquée par une implication plus importante des étudiantes dans les enquêtes basées sur les questionnaires. Toutefois, cette variation n'influence pas l'analyse génétique des groupes sanguins puisque les systèmes ABO et Rhésus sont contrôlés par des gènes autosomiques indépendants du genre (**Yamamoto et al, 1990 ; Westhoff, 2022**).

L'étude de l'origine géographique des participants a montré une stabilité familiale importante dans la région de Mostaganem. Le choix d'inclure principalement des individus originaires de la région depuis plusieurs générations permet de réduire l'influence du flux génique lié aux migrations récentes et d'obtenir une estimation plus fiable des fréquences génétiques locales (**Slatkin, 1985 ; Waples, 2015**).

Les résultats obtenus pour le système ABO montrent une prédominance du groupe sanguin O (47,7 %), suivi des groupes A (27,21 %), B (18,79 %) puis AB (6,26 %). Cette distribution correspond au profil généralement observé dans les populations algériennes, maghrébines et africaines, où le groupe O demeure majoritaire (**Benahadi et al, 2015 ; Dean, 2005 ; Storry & Olsson, 2009**).

L'analyse des fréquences alléliques du système ABO montre une dominance de la fréquence de l'allèle i , suivi des fréquences des allèles I^A et I^B . La comparaison entre les fréquences observées et celles attendues selon le modèle de Hardy-Weinberg ne montre pas de différence significative. Cela suggère que la population étudiée présente un équilibre génétique pour le système ABO, en absence de perturbations évolutives majeures (**Hardy, 1908 ; Weinberg, 1908 ; Hartl & Clark, 2007**).

Pour le système Rhésus, les résultats révèlent une forte prédominance du phénotype Rh positif (87,31 %) par rapport au Rh négatif (12,69 %). Cette tendance est comparable à celle observée dans plusieurs populations algériennes, maghrébines et africaines. La fréquence élevée est liée à la forte présence de l'allèle dominant D dans la population étudiée (**Westhoff, 2022 ; Ouchene et al, 2021 ; Nkansah et al, 2024**).

DISCUSSION GENERALE

Le test de Hardy-Weinberg appliqué au système Rhésus a également montré une compatibilité entre les fréquences observées et les fréquences théoriques attendues. La population étudiée semble donc conserver une stabilité génétique pour ce locus (**Hardy, 1908 ; Weinberg, 1908 ; Graffelman et al, 2017**).

La comparaison avec d'autres études nationales et internationales confirme la similarité de la distribution des groupes ABO et Rhésus avec les populations d'Afrique du Nord. Ces ressemblances peuvent être expliquées par la proximité géographique, les échanges historiques et le patrimoine génétique commun des populations méditerranéennes (**Dean, 2005 ; Benahadi et al, 2015 ; Storry & Olsson, 2009**).

Concernant la consanguinité, une proportion importante des étudiants a déclaré être issue de mariages consanguins. Ce phénomène peut influencer la structure génétique des familles en augmentant l'homozygotie, mais il ne modifie pas directement les fréquences globales des groupes sanguins ABO et Rhésus à l'échelle de la population. Les résultats montrent que le phénotype Rhésus négatif semble légèrement plus fréquent chez les sujets issus de parents consanguins, mais cette différence n'est pas statistiquement significative ($p > 0,05$), ce qui peut être expliqué par le caractère récessif du génotype associé au Rh négatif (dd) (**Charlesworth & Willis, 2009 ; Westhoff, 2022**).

Par ailleurs, la répartition des groupes sanguins selon le degré de consanguinité des parents n'a révélé aucune tendance particulière, probablement en raison du faible effectif observé dans certaines catégories (**Hartl & Clark, 2007**).

Malgré l'intérêt des résultats obtenus, certaines limites doivent être prises en considération. L'étude concerne uniquement une population universitaire et repose sur des groupes sanguins déclarés par les participants, sans confirmation systématique par analyses biologiques. De plus, certains facteurs comme les migrations, la structure familiale et la diversité génétique régionale pourraient être approfondis dans de futurs travaux (**Waples, 2015 ; Sirugo et al, 2019**).

Conclusion

Les systèmes sanguins ABO et Rhésus constituent des marqueurs génétiques importants largement utilisés en génétique des populations, en immunohématologie et en médecine transfusionnelle. Leur étude permet non seulement de mieux comprendre la structure génétique des populations humaines, mais également d'apporter des informations utiles dans les domaines médicaux, épidémiologiques et anthropologiques.

Ce travail de fin d'études, consacré à l'étude des fréquences alléliques et génotypiques des systèmes ABO et Rhésus chez les étudiants de l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem, constitue, à notre connaissance, la première étude documentée sur cette thématique dans la wilaya de Mostaganem. Il représente une contribution scientifique locale visant à enrichir les données génétiques relatives à la population de cette région, notamment à travers l'estimation des fréquences alléliques et génotypiques des systèmes sanguins ABO et Rhésus au sein d'une population universitaire.

Les résultats obtenus montrent une prédominance du groupe sanguin O ainsi qu'une fréquence élevée du facteur Rh positif, confirmant ainsi les tendances observées dans les populations algériennes, maghrébines et africaines. L'estimation des fréquences alléliques met en évidence une prédominance de l'allèle i pour le système ABO ainsi que de l'allèle D pour le système Rhésus. Pour le système ABO, les fréquences génotypiques observées présentent globalement une concordance avec les fréquences théoriques attendues selon le modèle de Hardy-Weinberg, suggérant une relative stabilité génétique de la population étudiée, dit équilibre de Hardy-Weinberg. Pour le système Rhésus, le test n'a pas pu être interprété en raison d'un degré de liberté nul ($ddl=0$).

Cette étude a également permis de mettre en évidence l'importance de certains facteurs démographiques et génétiques, notamment la consanguinité et la stabilité géographique des familles, dans l'interprétation des fréquences alléliques et génotypiques observées.

L'exclusion des familles récemment implantées dans la région a contribué à supprimer l'effet du flux génique et à renforcer l'homogénéité génétique de l'échantillon étudié.

Cependant, malgré l'intérêt des résultats obtenus, certaines limites doivent être prises en considération. L'étude a été réalisée uniquement auprès d'un échantillon constitué d'une population universitaire, ce qui limite la généralisation des résultats à l'ensemble de la population algérienne. De plus, les fréquences génotypiques ont été estimées à partir des fréquences phénotypiques basées sur la déclaration des étudiants concernant leur groupe sanguin, sans vérification biochimique des données.

Il serait donc intéressant, dans de futurs travaux, d'élargir cette étude à d'autres régions d'Algérie et à des populations plus diversifiées afin d'obtenir une vision plus représentative de la distribution génétique des systèmes ABO et Rhésus au niveau national. L'intégration d'analyses moléculaires et génomiques permettrait également d'améliorer la précision des estimations alléliques et génotypique (estimation des génotypes récessifs) et d'approfondir la compréhension de la dynamique génétique des populations algériennes.

Par ailleurs, l'étude des systèmes sanguins conserve une importance majeure dans le domaine de la génétique médicale, notamment pour les recherches associant groupes sanguins et susceptibilité à certaines maladies.

En conclusion, cette étude apporte des données actualisées sur les fréquences alléliques et génotypiques des systèmes ABO et Rhésus dans une population universitaire algérienne et constitue une base scientifique pouvant servir de référence pour de futures recherches en génétique des populations, en immunohématologie et en santé publique.

Références bibliographiques

- Abuawwad, M., Al-Jbour, N., Al-Mistarehi, A.-H., Alshorman, A., Al-Horani, S., & Alzoubi, K. H. (2023). Distribution of ABO and Rh blood groups and their association with demographic factors: A cross-sectional study. *Journal of Blood Medicine*, 14, 1–9.
- Adel, A., Benmoussa, H., & Rahal, K. (2024). Étude démographique des populations universitaires algériennes. *Revue Algérienne des Sciences Sociales*, 18(2), 45–53.
- Agrawal, A., Tiwari, A. K., Mehta, N., Bhattacharya, P., Wankhede, R., Tulsiani, S., & Kamath, S. (2014). ABO and Rh (D) group distribution and gene frequency; the first multicentric study in India. *Asian Journal of Transfusion Science*, 8(2), 121–125.
- Al-Riyami, A. Z., Al-Marhoobi, A., Al-Hosni, S., et al. (2019). Frequency of ABO and Rhesus blood groups among blood donors in Oman. *Asian Journal of Transfusion Science*, 13(2), 136–140.
- Aidoud, A., Merzouk, S., & Benali, M. (2021). Analyse descriptive des étudiants universitaires en Algérie. *Revue de Santé Publique Algérienne*, 12(1), 77–85.
- Akrou, R., & Belaribi, M. (2019). Distribution des groupes sanguins ABO et Rhésus dans la population algérienne. *Journal Algérien de Médecine Transfusionnelle*, 7(1), 15–22.
- Anstee, D. J. (2010). The relationship between blood groups and disease. *Blood*, 115(23), 4635–4643.
- Avent, N. D., & Reid, M. E. (2000). The Rh blood group system: A review. *Blood*, 95(2), 375–387.
- Bailly, D., Beuscart, R., & Lemaire, V. (2011). *Biostatistiques pour les sciences de la santé*. Elsevier Masson.
- Bertsch, T., Schmitz, G., & Müller, M. M. (2019). ABO blood group system: Molecular basis, clinical relevance and diagnostic aspects. *Transfusion Medicine and Hemotherapy*, 46(5), 302–310.
- Benabadi, M., Bougherbal, F., & Kherbouche, H. (2015). Distribution du facteur Rhésus dans l'ouest algérien. *Revue d'Hématologie du Maghreb*, 9(2), 88–94.
- Benahadi, A., Alami, R., & Bennani, B. (2015). Distribution des groupes sanguins ABO et Rhésus chez les donneurs de sang marocains. *Transfusion Clinique et Biologique*, 22(3), 151–

156.

Ben Saad, H., Gharbi, N., & Tlili, S. (2024). Caractéristiques sociodémographiques des étudiants maghrébins. *Tunisian Journal of Public Health*, 16(1), 33–40.

Bernstein, F. (1930). Die geographische Verteilung der Blutgruppen und ihre anthropologische Bedeutung. *Zeitschrift für Rassenphysiologie*, 3, 233–249.

Bittles, A. H., & Black, M. L. (2010). Consanguinity, human evolution, and complex diseases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(Suppl 1), 1779–1786.

Bougherbal, F., Talbi, A., & Benabadji, M. (2018). Étude de la fréquence du système Rhésus dans l'est algérien. *Journal Maghrébin d'Hématologie*, 5(1), 21–28.

Cavalli-Sforza, L. L., Menozzi, P., & Piazza, A. (1994). The history and geography of human genes. Princeton University Press.

Charlesworth, D., & Willis, J. H. (2009). The genetics of inbreeding depression. *Nature Reviews Genetics*, 10(11), 783–796.

Cooling, L. (2015). Blood groups in infection and host susceptibility. *Clinical Microbiology Reviews*, 28(3), 801–870.

Crow, J. F. (1999). Hardy, Weinberg and language impediments. *Genetics*, 152(3), 821–825.

Creswell, J. W. (2014). Research design: Qualitative, quantitative, and mixed methods approaches (4th ed.). Sage Publications.

Daniel, W. W. (1999). Biostatistics: A foundation for analysis in the health sciences (7th ed.). Wiley.

Daniels, G. (2013). Human blood groups (3rd ed.). Wiley-Blackwell.

Dean, L. (2005). Blood groups and red cell antigens. National Center for Biotechnology Information.

Daniels, G. (2021). Human blood groups (4th ed.). Wiley-Blackwell.

Derouiche, L., Belaribi, N., Akrou, H., & Derouiche, F. (2021). Study of the phenotype and allele frequencies of the ABO and Rhesus blood group systems in Algeria. *Genetics and Biodiversity Journal*, 5(1), 60–73.

- Ellinghaus, D., Degenhardt, F., Bujanda, L., et al. (2020). Genomewide association study of severe Covid-19 with respiratory failure. *The New England Journal of Medicine*, 383(16), 1522–1534.
- Etikan, I., & Bala, K. (2017). Sampling and sampling methods. *Biometrics & Biostatistics International Journal*, 5(6), 00149.
- Etikan, I., Musa, S. A., & Alkassim, R. S. (2016). Comparison of convenience sampling and purposive sampling. *American Journal of Theoretical and Applied Statistics*, 5(1), 1–4.
- Flegel, W. A. (2017). The genetics of the Rhesus blood group system. *Blood Transfusion*, 15(5), 381–389.
- Franchini, M., & Liumbruno, G. M. (2016). ABO blood group: Old dogma, new perspectives. *Clinical Chemistry and Laboratory Medicine*, 54(10), 1545–1553.
- Galea, S., & Tracy, M. (2007). Participation rates in epidemiologic studies. *Annals of Epidemiology*, 17(9), 643–693.
- Garratty, G. (2010). Blood groups and disease: A historical perspective. *Transfusion Medicine Reviews*, 14(4), 291–301.
- Graffelman, J., Jain, D., & Weir, B. S. (2017). A genome-wide study of Hardy–Weinberg equilibrium with next generation sequencing data. *Human Genetics*, 136(6), 727–741.
- Hardy, G. H. (1908). Mendelian proportions in a mixed population. *Science*, 28(706), 49–50.
- Harmening, D. M. (2019). *Modern blood banking & transfusion practices* (7th ed.). Philadelphia, PA: F.A. Davis Company.
- Hartl, D. L., & Clark, A. G. (2007). *Principles of population genetics* (4th ed.). Sinauer Associates.
- Hedrick, P. W. (2011). *Genetics of populations* (4th ed.). Jones & Bartlett Learning.
- Hiernaux, J., & Tissier, G. (1972). *Anthropologie et génétique des populations humaines*. Presses Universitaires de France.
- Hmida, S., Mojaat, N., & Maamar, M. (1994). Distribution des groupes sanguins ABO et Rhésus en Tunisie. *Transfusion Clinique et Biologique*, 1(2), 89–93.

- Hoffbrand, A. V., & Moss, P. A. H. (2016). *Essential haematology* (7th ed.). Wiley-Blackwell.
- ISBT. (2023). *International Society of Blood Transfusion report on blood group systems*. International Society of Blood Transfusion.
- Jobling, M. A., Hollox, E., Hurles, M., Kivisild, T., & Tyler-Smith, C. (2013). *Human evolutionary genetics* (2nd ed.). Garland Science.
- Jajosky, R. P., Patel, E. U., & Custer, B. (2022). Distribution of ABO and Rh(D) blood groups among blood donors in the United States. *Transfusion*, 62(9), 1835–1843.
- Khlat, M., & Khoury, M. J. (1991). Consanguinity and reproductive health in the Middle East. *British Medical Journal*, 302(6780), 853–856.
- Kimura, M. (1983). *The Neutral Theory of Molecular Evolution*. Cambridge University Press.
- Kumar, R. (2019). *Research methodology: A step-by-step guide for beginners* (5th ed.). Sage Publications.
- Langan, R. C., & Goodbred, A. J. (2021). ABO blood type and cardiovascular disease. *American Family Physician*, 103(5), 309–310.
- Landsteiner, K. (1901). Über Agglutinationserscheinungen normalen menschlichen Blutes. *Wiener Klinische Wochenschrift*, 14(46), 1132–1134.
- Landsteiner, K., & Wiener, A. S. (1940). Studies on an agglutinable factor in human blood reacting with anti-Rhesus serum. *Journal of Experimental Medicine*, 71(5), 1–9.
- Lee, A. H., & Reid, M. E. (2000). ABO blood group system: A review of molecular aspects. *Immunohematology*, 16(1), 1–6.
- Liu, H., & Hu, Y. (2010). Hardy–Weinberg equilibrium in genetic epidemiology. *Zhong Nan Da Xue Xue Bao Yi Xue Ban*, 35(1), 90–93.
- Liu, F.-H., Guo, J.-K., Xing, W.-Y., Bai, X.-L., Chang, Y.-J., Lu, Z., Yang, M., Yang, Y., Li, W.-J., Jia, X.-X., Zhang, T., Chen, J.-T., Gao, S., Wu, L., Zhang, D.-Y., Liu, C., Gong, T.-T., & Wu, Q.-J. (2024). ABO and Rhesus blood groups and multiple health outcomes: An umbrella review of systematic reviews with meta-analyses of observational studies. *BMC Medicine*, 22, 206.

- Lwanga, S. K., & Lemeshow, S. (1991). Sample size determination in health studies: A practical manual. World Health Organization.
- Monaco, A., Rossi, C., & Bianchi, F. (2021). Distribution des groupes sanguins en Europe. *European Journal of Hematology*, 12(2), 101–109.
- Moulds, J. M. (2010). Blood group antigens and disease associations.
- Mourant, A. E., Kopeć, A. C., & Domaniewska-Sobczak, K. (1976). The distribution of the human blood groups and other polymorphisms (2nd ed.). Oxford University Press.
- Moussouni, A., Benaissa, S., & Hachemi, F. (2024). Étude récente de la consanguinité en Algérie. *Revue Algérienne de Génétique Humaine*, 6(1), 22–31.
- Moise, K. J. (2008). Management of rhesus alloimmunization in pregnancy. *Obstetrics & Gynecology*, 112(1), 164–176.
- Naing, L., Winn, T., & Rusli, B. N. (2022). Practical issues in calculating the sample size for prevalence studies. *Archives of Orofacial Sciences*, 17(1), 9–14.
- Novembre, J., & Barton, N. H. (2016). Population genetics in the genomics era. *Science*, 352(6291), 141–144.
- Nkansah, P. K., et al. (2024). Distribution of ABO and Rhesus blood groups among blood donors in Ghana. *Scientific African*, 23, e02069.
- Olsson, M. L., & Chester, M. A. (2008). Polymorphisms and selection in the ABO blood group system. *Transfusion Medicine*, 18(1), 1–12.
- Storry, J. R., & Olsson, M. L. (2009). The ABO blood group system revisited: A review and update. *Immunohematology*, 25(2), 48–59.
- Oniya, O., Adeyemo, A., & Bello, S. (2019). Consanguinity and genetic disorders in developing countries. *African Journal of Medical Genetics*, 8(2), 55–63.
- Ouchene, N., et al. (2021). Distribution of ABO and Rh blood groups in North African populations. *Transfusion Clinique et Biologique*, 28(3), 250–255.
- Pearson, K. (1900). On the criterion that a given system of deviations from the probable in the case of a correlated system of variables is such that it can be reasonably supposed to have arisen from random sampling. *Philosophical Magazine*, 50, 157–175.

- Pierce, B. A. (2012). *Genetics: A Conceptual Approach* (4th ed.). W. H. Freeman.
- Rowe, D. C., & al. (2007). Consanguinity and genetic structure in human populations: implications for population genetics. *Human Biology*, 79(4), 421–439.
- Romanos-Sirakis, E., & Desai, P. (2024). Blood group compatibility and transfusion safety. *Journal of Clinical Hematology*, 15(1), 44–52.
- Said, K., Benjelloun, S., & Farouki, L. (1998). Consanguinity and its genetic impact in North African populations. *Journal of Human Genetics and Population Studies*, 5(2), 101–110.
- Salanti, G., Amountza, G., Ntzani, E. E., & Ioannidis, J. P. A. (2005). Hardy–Weinberg equilibrium in genetic association studies. *European Journal of Human Genetics*, 13(7), 840–848.
- Sassi, M., Gritli, N., & Ben Salem, A. (2014). Distribution du facteur Rhésus dans la population tunisienne. *Tunisian Medical Review*, 22(4), 211–216.
- Saunders, M., Lewis, P., & Thornhill, A. (2018). *Research methods for business students* (8th ed.). Pearson Education.
- Strachan, T., & Read, A. P. (2018). *Human Molecular Genetics* (5th ed.). Garland Science.
- StatPearls Publishing. (2023). *ABO Blood Group System*. StatPearls Publishing.
- Westhoff, C. M. (2021). The Rh blood group system in review. *Transfusion Medicine Reviews*, 35(3), 153–162.
- Westhoff, C. M. (2022). The Rh blood group system in review. *Transfusion*, 62(2), 293–306.
- Wigginton, J. E., Cutler, D. J., & Abecasis, G. R. (2005). Exact tests of Hardy–Weinberg equilibrium. *American Journal of Human Genetics*, 76(5), 887–893.
- Yamamoto, F., Clausen, H., White, T., Marken, J., & Hakomori, S. (1990). Molecular genetic basis of the ABO system. *Nature*, 345(6272), 229–233.

Annexes

Annexe N °01 :

FORMULAIRE D'ENQUÊTE SUR LE SYSTEME ABO ET RHESUS

Questionnaire dans le cadre de la préparation d'un mémoire de fin d'études en Génétique Fondamentale et Appliquée, sur l'étude des fréquences alléliques et génotypiques du système sanguin ABO chez les étudiants de l'université UMAB de Mostaganem

الدراسة للتحليل الجيني في الوراثة الأساسية والتطبيقية، ويهدف إلى جمع بيانات لتحليل التكرارات الأليلية لنظام الزمر الدموي لدى عينة من طلبة جامعة مستغانم

Toutes les informations collectées resteront strictement confidentielles et ne seront utilisées qu'à des fins scientifiques.

Si vous acceptez de participer, vous pouvez poursuivre et répondre au questionnaire.

Remarque : ce questionnaire est destiné exclusivement aux étudiants originaires de la wilaya de Mostaganem.

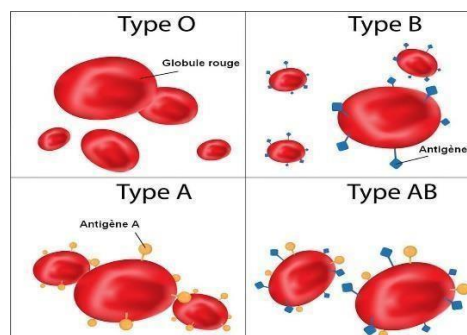
جميع المعلومات المجمعة سرية تمامًا ولن تُستخدم إلا لأغراض علمية.

إذا وافقت على المشاركة، يمكنك متابعة الإجابة على الاستبيان

ملاحظة: هذا الاستبيان خاص بالطلبة من أصل ولاية مستغانم فقط

Schéma simplifié du système ABO

رسم مبسط لنظام الزمر الدموي



Consentement libre et éclairé : J'ai compris les objectifs de l'étude et j'accepte de participer de

الموافقة الحرة والمستنيرة: لقد فهمت أهداف الدراسة وأوافق على المشاركة فيها بشكل مجهول الهوية. *manière anonyme.*

قم بالتأشير A cocher

1_ Depuis combien de générations votre famille réside-t-elle à Mostaganem ? منذ كم جيل تقيم عائلتك في

سكنكم

- ☐ Depuis 1 génération (les parents) من جيل 1 (الأباء)
- ☐ Depuis 2 générations (les grands-parents) من جيلين (الأجداد)
- ☐ Depuis plus de 3 générations من أكثر من 3 أجيال
- ☐ Ne sait pas ل أعرف

2_ Cochez votre genre (sexe) حدد جنسك

- ☐ أنثى Féminin
- ☐ ذكر Masculin

3_ Quel est votre âge ? كم عمرك؟

4_ Quel est votre commune (Lieu) de naissance ? ما هو مكان ميلادك؟

5_ Êtes-vous inscrit officiellement durant l'année universitaire 2025/2026 ?

أنت مسجل رسمياً خلال السنة الجامعية 2026/2025

نعم ☐ Oui / ل Non ☐

6_ Quelle est votre faculté ? ما هي جامعة كلياتك؟

7_ Quel est votre département ? ما هو قسمك؟

8_ la commune de naissance de votre Père : مكان ميلاد والدك:

9_ la commune de naissance de votre Mère : مكان ميلاد والدتك: 10_ la

commune de naissance de votre grand-père maternel : مكان ميلاد جدك من الأم: 11_ la

commune de naissance de votre grand-mère maternelle : مكان ميلاد جدتك من الأم: 12_ la

commune de naissance de votre grand-père Paternel : مكان ميلاد جدك من الأب: 13_ la

commune de naissance de votre grand-mère paternelle : مكان ميلاد جدتك من الأب: 14_ Quel est

votre Groupe sanguin ? ما هي فصيلة دمك؟

☐ A⁺ ☐ A⁻ ☐ B⁺ ☐ B⁻ ☐ AB⁺ ☐ AB⁻ ☐ O⁺ ☐ O⁻

15_ Vos parents sont-ils apparentés (proches)? هل هناك صلة قرابة بين والديك؟



ل / Non / نعم / Oui / Ne sait pas / ل أعرف

16__Si oui, quel est le degré de parenté ؟ إذا نعم ماهي درجة القرابة بين والدك؟

Annexe N°02 :

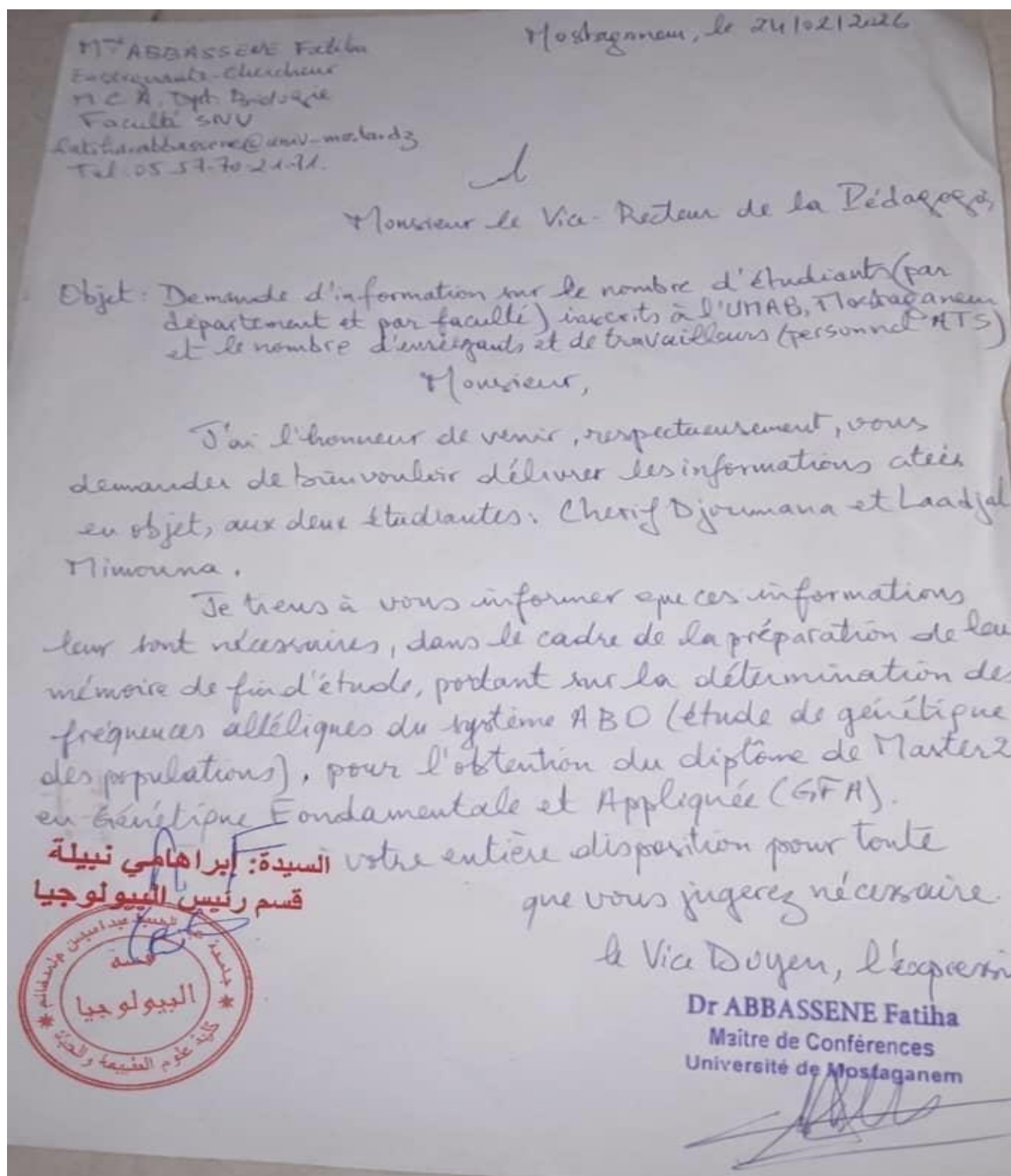


Figure : Autorisation faite auprès du chef département pour réalisation de l'enquête au niveau des facultés.

Annexe N°03 :

Tableau : Répartition des étudiants selon les facultés et les départements

Faculté	Département	Nombre des étudiants
Faculté des sciences sociales	-Sciences humaines	1671
	-Sciences sociales	1974
Faculté de littérature arabe et des arts	- - Études littéraires et critiques	1291
	-Arts visuels et arts du spectacles	577
Faculté des langues étrangères	- Français	837
	-Anglais	1251
	-Espagnol	353
Faculté des sciences économique, commerciales et sciences de gestion	-Sciences économiques	760
	-Sciences commerciales	935
	-Sciences de gestion	1032
	-Sciences financières et comptabilité	1075
Faculté de médecine	-Médecine	1655
	-Pharmacie	453
Faculté des droits et sciences Politiques	-Droit public	683
	-Droit privé	2538
	-Sciences politiques	232
Faculté des sciences exactes et Informatiques	-Mathématiques et informatique	1192
	-Physique et chimie	344
Faculté des sciences de la nature et la vie	-Biologie	558
	-Agronomie	523
	-Hydrologie marine et continentale	225
	-SNV (tronc commun)	670
	-Biotechnologie	228
	-Sciences alimentaires	364
Faculté des sciences et la Technologie	-Génie civil	499
	-Architecture	647
	-Génie des procédés	682
	-Génie mécanique	317
	-Génie électrique	575
	-Tronc commun ST	875
Institut d'étude physiques et Sportives	-Education physique et sportives	371
	- Entraînement sportif	581
	-Tronc commun sport	301

Annexe N°04 :

Tableau : Répartition des participants selon le groupe sanguin et le facteur Rhésus

Groupe sanguin	Rh + Effectif		Rh- Effectif		Pourcentage (%) Total	
	(n)	(%)	(n)	(%)	(n)	(%)
O	198	42,76	23	4,97	221	47,7
A	107	23,11	19	4,10	126	27,2
B	76	16,41	11	2,38	87	18,8
AB	24	5,18	5	1,08	29	6,3

Annexe N°05 :

Tableau de répartition des étudiants selon la consanguinité

Consanguinité des parents	Effectif (n)	Pourcentage (%)
Oui	175	37,63
Non	290	62,37
Total	465	100

Annexe N°06 :

Lieu et période de réalisation

Cette partie pratique a été réalisée au niveau du laboratoire d'analyses médicales de l'Établissement EPSP de Mesra, durant la période allant du 13/04/2026 au 30/04/2026.

Matériel utilisé

Le matériel utilisé pour la détermination des groupes sanguins comprend :

- Lames ou cartes de groupage sanguin.
- Sérums tests : anti-A, anti-B et anti-D.
- Pipettes ou bâtonnets applicateurs.

-Gants, coton et alcool.

-Échantillons de sang total.

Principe de la méthode

La détermination des groupes sanguins repose sur une réaction d'agglutination antigène–anticorps spécifique (Daniels ,2013).

Lorsque les antigènes présents à la surface des globules rouges rencontrent les anticorps correspondants (anti-A, anti-B ou anti-D), une agglutination visible se produit (Dean, 2005).

Le protocole expérimental comprend les étapes suivantes :

-Déposer une goutte de sang sur une lame ou une carte de groupage.

-Ajouter une goutte de sérum anti-A, anti-B et anti-D sur des zones distinctes.

-Mélanger légèrement chaque zone à l'aide d'un bâtonnet.

-Observer la présence ou l'absence d'agglutination.

Résultats observés et interprétation

Une agglutination observée avec le sérum anti-A uniquement indique un groupe sanguin A, tandis qu'une réaction positive avec l'anti-B correspond au groupe B. Lorsque l'agglutination se produit simultanément avec les sérums anti-A et anti-B, le sujet appartient au groupe AB, alors que l'absence d'agglutination avec les deux sérums caractérise le groupe O. Par ailleurs, la présence d'une agglutination avec le sérum anti-D traduit un Rhésus positif (Rh⁺), tandis que son absence indique un Rhésus négatif (Rh⁻) (figure 4). Cette technique constitue une étape fondamentale en immunohématologie et en transfusion sanguine, car elle permet d'assurer la compatibilité transfusionnelle et de prévenir les réactions immunologiques hémolytiques potentiellement graves (Dean, 2005 ; Daniels, 2013 ; Romanos-Sirakis & Desai, 2024).



Figure : Mode de détermination des groupes sanguins ABO et du facteur Rhésus par réaction d'agglutination sur plaque.

Les réactions d'agglutination observées permettent donc d'identifier avec précision le groupe sanguin ABO ainsi que le facteur Rhésus de l'individu testé.

Annexe N°07 :

Tableau : Caractéristiques immunohématologiques des sous-groupes A1 et A2

Subgroup A	Subgroup frequency	Antibodies always present	Antibodies sometimes present
A1	80%	Anti B	None
A2	20%	Anti B	Anti A1 in 2%
A1B	80%	None	None
A2B	20%	none	Anti A1 in 25%

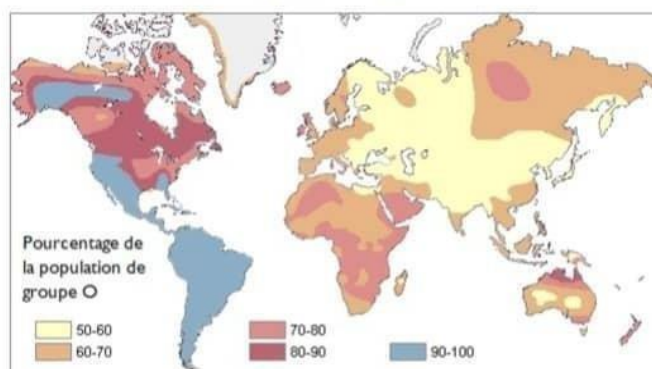
Annexe N°08 :

ν (ddl)	Probabilité en queue supérieure α													
	0,995	0,990	0,975	0,950	0,900	0,750	0,500	0,250	0,100	0,050	0,025	0,010	0,005	0,001
1	0,000	0,000	0,001	0,004	0,016	0,102	0,455	1,323	2,706	3,841	5,024	6,635	7,879	10,828
2	0,010	0,020	0,051	0,103	0,211	0,575	1,386	2,773	4,605	5,991	7,378	9,210	10,597	13,816
3	0,072	0,115	0,216	0,352	0,584	1,213	2,366	4,108	6,251	7,815	9,348	11,345	12,838	16,266
4	0,207	0,297	0,484	0,711	1,064	1,923	3,357	5,385	7,779	9,488	11,143	13,277	14,860	18,467
5	0,412	0,554	0,831	1,145	1,610	2,675	4,351	6,626	9,236	11,070	12,833	15,086	16,750	20,515
6	0,676	0,872	1,237	1,635	2,204	3,455	5,348	7,841	10,645	12,592	14,449	16,812	18,548	24,358
7	0,989	1,239	1,690	2,167	2,833	4,255	6,346	9,037	12,017	14,667	16,013	18,475	20,278	24,322
8	1,344	1,646	2,180	2,733	3,490	5,071	7,344	10,219	13,362	15,507	17,535	20,090	21,955	26,124
9	1,735	2,088	2,700	3,325	4,168	5,899	8,343	11,389	14,684	16,919	19,023	21,666	23,589	27,877
10	2,156	2,558	3,247	3,940	4,865	6,737	9,342	12,549	15,987	18,307	20,483	23,209	25,188	29,588

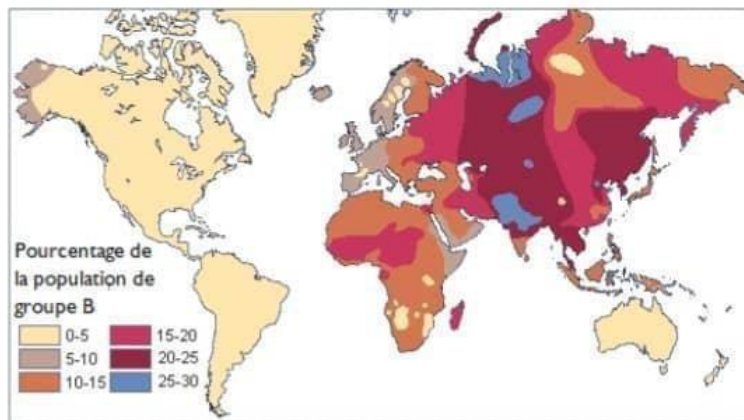
Figure : Table de chi2 (Pandis,2016)

Annexe N°09 :

Répartition du groupe sanguin O dans le monde



Répartition du groupe sanguin B dans le monde



Répartition du groupe sanguin O dans le monde

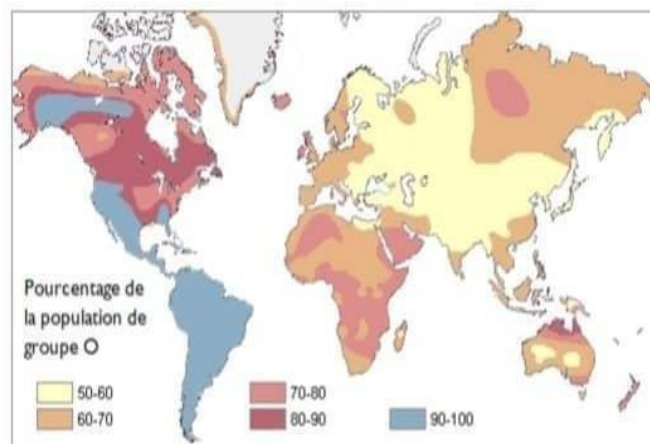


Figure : Répartition des groupes sanguins ABO dans le monde

Source illustrative : JeRetiens.net.

Annexe N10 :

La formule générale du test est :

$$\chi^2 = \sum \frac{(O - E)^2}{E}$$

Où : O = effectif observé, E = effectif théorique attendu

Les effectifs observés dans la population étudiée étaient :

Rh⁺ = 404

Rh⁻ = 59

Total = 463

Dans le système Rhésus, l'allèle D est dominant (Rh^+) et l'allèle d est récessif (Rh^-). Les fréquences alléliques ont été estimées selon la loi de Hardy-Weinberg, les fréquences alléliques ont été estimées à partir des données observées.

La fréquence du génotype récessif (dd) correspond aux individus Rhésus négatif :

$$q^2 = \frac{59}{463} = 0,1274$$

Ainsi :

$$q = \sqrt{0,127} = 0,3569$$

Sachant que :

$$P + q = 1$$

La fréquence de l'allèle dominant D est :

$$p = 1 - 0,36 = 0,6431$$

Les fréquences génotypiques attendues sont calculées comme suit :

$$Fréq(DD) = p^2 = (0,6431)^2 = 0,4136$$

$$Fréq(Dd) = 2pq = 2 \times 0,6431 \times 0,3569 = 0,4590$$

$$Fréq(dd) = q^2 = 0,1274$$

Les effectifs théoriques attendus sont :

$$DD = 0,4136 \times 463 = 191,4968$$

$$Dd = 0,4590 \times 463 = 212,517$$

$$dd = 0,1274 \times 463 = 58,9862$$

Tableau : Comparaison des effectifs observés et attendus des phénotypes Rhésus dans la population étudiée.

Phénotype Rhésus	Effectif observé (O)	Effectif attendu (E)	(O-E) ² /E
Rh ⁺	404	402,99	0,0025
Rh ⁻	59	58,80	0,0007
Total	463	461,79	0,0032

Les individus Rh⁺ correspondent aux génotypes DD + Dd :

$$\text{Rh}^+ \text{ attendu} = 189,64 + 213,35 = 402,99$$

$$\text{Rh}^- \text{ attendu} = 58,80$$

La vérification de l'équilibre de Hardy-Weinberg a été réalisée à l'aide du test du χ^2 :

$$\chi^2 = \sum \frac{(O - E)^2}{E}$$

Pour les sujets Rh⁺ :

$$\frac{(404 - 402,99)^2}{402,99} = 0,0025$$

Pour les sujets Rh⁻ :

$$\frac{(59 - 58,80)^2}{58,80} = 0,0007$$

Donc :

$$\chi^2 = 0,0025 + 0,0007 = 0,0032$$

Degrés de liberté (ddl) :

Dans le système Rhésus, seuls deux phénotypes (Rh⁺ et Rh⁻) sont observables, tandis que les génotypes DD et Dd ne peuvent pas être distingués en raison de la dominance complète de l'allèle D.

La fréquence de l'allèle d est estimée directement à partir de la fréquence du phénotype Rh⁻.

Ainsi :

$ddl = 2 \text{ phénotypes} - 1 \text{ paramètre estimé} - 1 = 0$ (Hartl & Clark, 2007).

La valeur obtenue ($\chi^2 = 0,0032$) traduit une très faible différence entre les effectifs observés et attendus. Toutefois, en raison de l'absence de degrés de liberté ($ddl = 0$), cette valeur ne peut pas être interprétée statistiquement et ne permet pas de conclure à l'équilibre ou au déséquilibre de Hardy-Weinberg pour le système Rhésus.