

2) Myopathie de Duchenne :

Clairement, le gène responsable de la myopathie de Duchenne n'est pas localisé sur Y car II_3 est malade (σ^{\rightarrow}) sans que son père ne le soit.

\Rightarrow le gène responsable de la maladie est porté par X ou par un autosome : on peut par suite étudier la relation de dominance entre les allèles N et n.

I. Relation de dominance :

- Hypothèse 1: $N > n$: Les individus III_4 et III_6 sont atteints par la myopathie de Duchenne alors qu'aucun de leurs parents ne l'est \Rightarrow on conclut que n ne peut pas être dominant, il est donc récessif.

D'où $n < N$:

II. Localisation du gène :

	Hyp 1: le gène est porté par X	Hyp 2: le gène est porté par un autosome
Parents	$(\text{f}) II_4 \times II_5 (\sigma^{\rightarrow})$	$II_4 \times II_5$
Génotypes	$\frac{X_N}{X_n} \times \frac{X_N}{Y}$	$\frac{N}{n} \times \frac{N}{n}$
Descendants:	$\begin{matrix} \text{f} & \frac{X_N}{X_N} & 25\% \\ & \frac{X_N}{X_n} & 25\% \\ \text{m} & \frac{X_N}{Y} & 25\% \\ & \frac{X_n}{Y} & 25\% \end{matrix}$	$\begin{matrix} \frac{N}{N} \\ \frac{N}{n} \\ \frac{n}{N} \\ \frac{n}{n} \end{matrix}$
Descendants: Génotype	$III_4 \times X_n$	$III_4 \times \frac{n}{m}$

$\Rightarrow 25\% \frac{N}{N}, 50\% \frac{N}{n}, 25\% \frac{n}{m}$

→ les deux hypothèses sont valables.

De plus, l'allèle M ne peut pas être porté par Y car un fils malade aura toujours un père malade, ce qui n'est pas le cas.

- Comme l'individu II_5 ne porte pas l'allèle muté, on déduit que l'hypothèse 2 est à rejeter.

Conclusion: seule l'hypothèse 1 est à retenir: la myopathie de Duchenne est déterminée par un allèle récessif porté par le chromosome sexuel X. (maladie liée au sexe)

3) **La polydactylie**: Soient M, m respectivement l'allèle muté et l'allèle normal

- Le gène responsable de la polydactylie n'est pas porté par Y car il y a des individus malades de sexe féminin.

I. Relation de dominance:

D'après les constatations, tout sujet malade a au moins l'un de ses parents malade et il y a un enfant sain dont les deux parents sont malade \Rightarrow L'allèle M serait dominant.

En effet, en supposant que $M < m$, cela implique que II_1 et II_2 ne portent aucun allèle m (uniquement M) et par conséquent, leurs descendants ne peuvent avoir que l'allèle M ~~et donc être~~ ^{sont} ~~et donc être~~ malade, ce qui n'est pas le cas. D'où on conclut que $M > m$.

II. Localisation du gène:

	Hyp 1: Le gène est autosomal		Hyp 2: Le gène est porté par X	
Parents	(♀) I ₂	I ₁ (♂)	(♀) I ₂	I ₁ (♂)
Génotypes	$\frac{m}{m}$	$\frac{M}{m}$	$\frac{X_m}{X_m}$	$\frac{X_M}{Y}$
Génotypes des descendants	$\frac{m}{m}$ (50%)	$\frac{M}{m}$ (50%)	$\frac{X_{mM}}{X_m}$ (♀)	$\frac{X_m}{Y}$ (♂)
Individu II ₂	$\frac{M}{m}$			$\frac{X_m}{Y}$

(100% des filles sont malades, 100% des garçons sont sains)

- L'hypothèse 2 est à rejeter car I₂ et I₁ ne peuvent avoir de fils malades si le gène est porté par X. (ce qui n'est pas le cas)

- Conclusion: L'hypothèse 1 est celle à retenir: le gène responsable de la polydactylie est autosomal et l'allèle muté est dominant.

4) L'hypophosphatémie:

- Chaque individu malade a au moins un parent malade.
- Parmi les descendants de tous les couples, il y a des individus sains et d'autres malade.

⇒ On peut émettre 2 hypothèses: Soient S, M respectivement l'allèle sain et muté.

○ Hypothèse A: $S > M$

○ Hypothèse B: $S < M$.

- L'individu III_1 est homozygote^(et sain), par suite IV_2 a hérité d'un allèle sain de III_1 mais est malade. D'où l'allèle s est récessif.

On déduit que l'hypothèse A est à rejeter et l'hypothèse B est la plus probable ($M > s$).

* Localisation du gène:

	Hyp 1: Le gène est autosomal	Hyp 2: Le gène est porté par X
Parents	$\text{II}_1 \times \text{II}_2$	$(\text{♂}) \text{II}_1 \times \text{II}_2 (\text{♀})$
Génotypes	$\frac{s}{s} \quad \frac{M}{s}$	$\frac{X_s}{Y} \quad \frac{X_M}{X_s}$
Descendants	$\frac{M}{s} (50\%) ; \frac{s}{s} (50\%)$	$\frac{X_M}{X_s} (25\%) ; \frac{X_s}{X_s} (25\%)$ $\frac{X_M}{Y} (25\%) ; \frac{X_s}{Y} (25\%)$
Parents	$\text{III}_1 \times \text{III}_2$	$(\text{♀}) \text{III}_1 \times \text{III}_2 (\text{♂})$
Génotypes	$\frac{s}{s} \quad \frac{M}{s}$	$\frac{X_s}{X_s} \quad \frac{X_M}{Y}$
Descendants	$\frac{M}{s} (50\%) ; \frac{s}{s} (50\%)$	$\frac{X_M}{X_s} (50\%) ; \frac{X_s}{Y} (50\%)$ (Toutes les filles malades et tous les fils sains)

Les résultats pratiques sont conformes avec les prédictions théoriques \Rightarrow les deux hypothèses ne sont pas à rejeter.

Or, toutes les filles issues d'une union entre une mère saine et un père malade ont toujours atteintes. Cela est conforme avec l'hypothèse 2 et incompatible avec l'hypothèse 1 (d'après l'hypothèse 1, indépendamment).

Conclusion: On retient l'hypothèse 2: le gène responsable de la phosph. l'hyperphosphatémie est situé sur le chromosome X, c'est donc une maladie liée au sexe et dont l'allèle responsable est dominant.

