

## Étude Génétique du Mode de Croisement des Bras

**André Leguebe, Antonio Martinez-Fuentes**

### SUMMARY

In order to test if arm folding is a hereditary trait, 319 couples of parents and their 897 children have been examined. The distribution of the two phenotypes, D and G, is different from a 0.5-0.5 distribution. No influence of sex nor age is observed. The matings are random and the mean number of children per family is the same for each type of mating.

The analysis of family data does not prove the hypothesis of a hereditary transmission of the trait, and important discrepancies are noted between observed values and those expected for genetic mechanisms with two alleles, *D* and *G*, of an autosomic or sex-linked gene.

---

Les enquêtes anthropologiques et les études de linkage entre caractères comprennent fréquemment des données relatives à des caractères descriptifs dont on suppose avec plus ou moins de raisons qu'ils sont héréditaires.

Notre propos est de vérifier dans quelle mesure l'un d'eux, le mode de croisement des bras (*arm folding*), peut être considéré comme héréditaire (Quelce-Salgado et al, 1961) et s'il est possible d'en expliquer la transmission au moyen d'un mécanisme génétique simple.

Les données familiales ont été recueillies en même temps que celles concernant le mode de croisement des mains (Leguebe, 1967) et le mode d'attache du lobe de l'oreille (Leguebe, 1968).

On distingue deux phénotypes:

- (1) le phénotype D quand le sujet dispose le bras droit au-dessus du bras gauche;
- (2) le phénotype G quand le sujet met le bras gauche au-dessus du bras droit.

Nous n'avons pas personnellement vérifié la reproductibilité du classement: il semble toutefois que, pour les caractères actuellement étudiés sous ce rapport, la probabilité moyenne pour une observation de tomber dans sa « vraie » catégorie soit relativement faible pour le *arm folding* (Guttman et al, 1965). Ceci peut être expliqué de la façon suivante: certains sujets adoptent indifféremment l'une ou l'autre position et ils n'adopteront pas nécessairement la même position lors de deux observations successives. La non-reproductibilité ne résulte donc pas dans ce cas du fait que les phénotypes sont définis avec une précision insuffisante, mais du fait que certains sujets sont susceptibles d'adopter avec une aisance sensiblement égale les deux positions.

Au cours de l'enquête, nous nous sommes contentés de noter la première position adoptée par le sujet, sans vérifier s'il pouvait éventuellement adopter l'autre position.

L'échantillon des familles est constitué par 319 couples et leurs 897 enfants (Tab. I).

Nous avons, en outre, un échantillon de sujets non apparentés (59 ♂ adultes, 57 ♀ adultes et 703 enfants de 0 à 19 ans).

### Fréquence des Phénotypes

#### DIFFÉRENCE SEXUELLE

Les fréquences des phénotypes sont données dans le Tab. II. Les tests de  $\chi^2$  montrent que:

(1) dans chaque groupe, la distribution des phénotypes est significativement différente d'une distribution au hasard 0.5-0.5 (les  $\chi^2$  et les probabilités sont donnés dans les dernières colonnes du Tab. II);

(2) il n'existe pas de différence statistiquement significative des fréquences des deux phénotypes dans les deux sexes, ainsi que l'indiquent les valeurs des  $\chi^2$ .

	$\chi^2$	dl	P
Parents ♂ et ♀	0	—	—
Enfants ♂ et ♀	0.154	1	0.50-0.70
Adultes ♂ et ♀	0.071	1	0.80-0.90

#### VARIATIONS AVEC L'ÂGE

Nous avons groupé tous les individus de l'échantillon familial par catégories d'âges en tenant compte de la position occupée par l'individu dans la famille (Tab. III).

Pour aucun des groupes, sauf pour celui comprenant le quatrième enfant et les suivants, on n'observe de différence significative avec l'âge. Il en est de même pour l'ensemble de l'échantillon ou pour les comparaisons suivantes:

	$\chi^2$	dl	P
Parents-Enfants	0.013	1	0.90-0.95
Pères-Fils Mères-Fils	0.088	1	0.70-0.80
Pères-Filles Mères-Filles	0.003	1	0.90-0.95

Pour l'échantillon de sujets non apparentés (Tab. IV), la valeur du  $\chi^2$  correspond au seuil de probabilité de 0.05 ( $\chi^2 = 7.815$ ; 3 dl) si on ne considère pas les adultes, et est comprise entre 0.02 et 0.05 ( $\chi^2 = 9.59$ ; 4 dl) si on tient compte des adultes.

### Analyse des Données Familiales

#### TYPES D'UNIONS

Le Tab. V donne les fréquences observées, absolues et relatives, des différents types d'unions et, en italiques, les fréquences théoriques tirées des fréquences marginales pour les familles de 1, 2, ...,  $n$  enfants prises séparément.

Dans la désignation du type de mariage, le phénotype du mari est inscrit en premier lieu. En aucun cas, le  $\chi^2$  qui correspond à un degré de liberté n'est significatif; on constate toutefois que les fréquences observées des unions  $G \times G$  et  $D \times D$  sont systématiquement plus élevées que les fréquences théoriques.

#### NOMBRE MOYEN D'ENFANTS PAR TYPES D'UNIONS

Le  $\chi^2$  correspondant à l'ensemble des données reprises dans le Tab. V vaut 6.351, ce qui correspond, pour 9 degrés de liberté, à une probabilité comprise entre 0.70 et 0.80. Ce résultat correspond au fait plus clairement exprimé dans le Tab. VI que les nombres moyens d'enfants vivants par types d'unions ne diffèrent pas entre eux de façon significative, ainsi que le confirment les tests de Student.

#### FRÉQUENCE DES PHÉNOTYPES DES ENFANTS ISSUS DES DIVERS TYPES D'UNIONS

Il est évident que si le mode de croisement des mains est un caractère héréditaire, le phénotype des enfants doit avoir tendance à présenter une similitude avec le phénotype des parents. Les résultats de l'enquête figurent dans le Tab. VII.

Nous constatons que le  $\chi^2$  se rapportant à l'ensemble des unions n'atteint un seuil de probabilité significatif que pour les garçons:

	$\chi^2$	dl	<i>P</i>
Garçons	9.358	3	0.02-0.05
Filles	5.570	3	0.10-0.20
Enfants	5.097	3	0.10-0.20

Or, on observe justement que, dans le cas des garçons, les valeurs obtenues pour la distribution des phénotypes dans les unions  $\text{♂D} \times \text{♀G}$  et  $\text{♂G} \times \text{♀D}$  sont statistiquement différentes:

	$\chi^2$	dl	<i>P</i>
Garçons	7.261	1	0.01-0.001
Filles	1.176	1	0.20-0.30
Enfants	0.606	1	0.30-0.50

Les résultats de l'enquête ne confirment donc pas l'hypothèse de l'hérédité du caractère. Toutefois, les fréquences observées des phénotypes des enfants issus de divers types d'unions, figurant dans le Tab. VII, présentent cette particularité d'être supérieures aux valeurs théoriques pour les garçons, les filles, et les enfants D issus des unions  $D \times D$  et pour les garçons et les enfants G issus des unions  $G \times G$ . Les valeurs des  $\chi^2$  qui suivent les données relatives à chaque type d'union se rapportent à la comparaison entre la distribution des phénotypes des enfants issus de ce type d'union et la distribution des phénotypes pour l'ensemble des garçons, des filles ou des enfants selon le cas.

On constate que, à une exception près, ces  $\chi^2$  ne sont jamais significatifs, ce qui indique que pour chacun des types de mariage la distribution observée des phénotypes n'est pas significativement différente de la distribution observée dans l'échantillon pris dans son ensemble.

On ne peut donc pas espérer qu'on pourra expliquer de façon satisfaisante les résultats des observations en faisant appel à un mécanisme de transmission simple: l'analyse génétique qui suit a plutôt pour objet de mettre en évidence l'importance des divergences entre valeurs observées et valeurs théoriques dans le cas de différentes hypothèses, de façon à déceler quelles autres hypothèses pourraient conduire à un meilleur accord avec les observations.

### Mécanisme Héritaire

Nous nous limitons à envisager l'hypothèse selon laquelle le caractère est conditionné par deux allèles, l'un de type *G*, l'autre de type *D*. Quatre modèles découlent des combinaisons de deux alternatives:

- (a) le gène est porté par le chromosome X ou est autosomique;
- (b) l'allèle *G* est dominant par rapport à l'allèle *D*, ou *G* est récessif par rapport à *D*.

Les valeurs des fréquences géniques *G* et *D*, calculées d'après les fréquences phénotypiques des ♂ et des ♀ constituant les 319 couples et leurs variances, sont respectivement:

Modèle génétique	$G$	$\sigma_G$	$D$	$\sigma_D$
Gène autosomique				
$G$ dominant	0.662		0.338	0.021
$D$ dominant	0.749	0.019	0.251	
Gène lié à X				
$G$ dominant	0.425	0.017	0.575	0.017
$D$ dominant	0.679	0.014	0.321	0.017

Les Tableaux VIII, IX et X nous indiquent immédiatement, au moyen de la descendance de quels types d'unions il est possible de vérifier si les résultats de l'enquête sont conformes à tel ou tel des modèles.

Nous constatons notamment que, dans le cas où :

- (1)  $G$  est un allèle dominant d'un gène autosomique: tous les enfants issus des unions  $D \times D$  sont nécessairement  $D$ ;
- (2)  $D$  est un allèle dominant d'un gène autosomique: tous les enfants issus des unions  $G \times G$  doivent être  $G$ ;
- (3)  $G$  est un allèle dominant d'un gène lié à X: outre la condition fixée en (1), on doit avoir:
  - (a) toutes les filles issues de  $G \times G$  sont  $G$ ;
  - (b) les unions  $\text{♂}D \times \text{♀}G$  ne produisent que des garçons  $G$  et des filles  $D$ .

Il apparaît donc comme essentiel de distinguer les unions  $\text{♂}D \times \text{♀}G$  et  $\text{♂}G \times \text{♀}D$  et de séparer les valeurs se rapportant aux garçons et aux filles: c'est la condition nécessaire pour pouvoir aborder le problème d'un gène lié au sexe.

R. Fisher a déterminé la méthode à suivre pour établir dans chaque cas les valeurs théoriques à comparer aux valeurs observées. Cette méthode a été exposée plusieurs fois: nous renvoyons le lecteur à l'une ou l'autre des publications de Taylor et Prior (1939), Neel et Schull (1954, p. 361) ou Leguebe (1968).

Les Tableaux IX (gène autosomique) et X (gène lié à X) donnent les formules conduisant au calcul de la probabilité d'apparition de fratries de dimension  $n$  dont tous les sujets seront d'un phénotype déterminé, dans le cas des divers types d'unions et des différentes hypothèses génétiques.

Les Tableaux XI, XII et XIII fournissent les valeurs correspondant aux diverses dimensions des fratries dans le cas des unions qui conduisent à des situations complexes.

Les Tableaux XIV (gène autosomique) et XV (gène lié au sexe) établissent la comparaison entre les valeurs observées et les valeurs théoriques calculées d'après les formules des Tableaux IX et X.

### Conclusions

Ce qui ressort le plus clairement de ces divers résultats, c'est le désaccord marqué entre les données de l'enquête et les valeurs théoriques. La fréquence relative, fréquence observée par rapport à la fréquence théorique (Tableaux XIV et XV), des fratries d'un phénotype donné pour les quatre modèles envisagés ne dépasse que rarement 0.50 et elle est même fréquemment plus basse. Ceci ne signifie pas nécessairement que le caractère n'est pas héréditaire et qu'un mécanisme faisant appel à la pénétrance ou à l'intervention de deux gènes ne permettrait pas de trouver un modèle en accord avec les résultats expérimentaux. Les données d'enquêtes familiales sont actuellement trop peu nombreuses pour pouvoir en décider et il serait utile de les multiplier en prenant mieux soin de noter les individus dont le phénotype ne sera pas nettement affirmé.

Tab. I. Echantillon familial

Nombre d'enfants par famille	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
Nombre de familles	82	97	62	34	17	6	7	5	4	4	0	0	1

Tab. II. Fréquences des phénotypes dans divers échantillons

Echantillon	N	G		D		$\chi^2$	dl	P
		n <sub>1</sub>	%	n <sub>2</sub>	%			
<b>Parents</b>								
♂	319	179	56.1	140	43.9	4.77	1	0.02-0.05
♀	319	179	56.1	140	43.9	4.77	1	0.02-0.05
Total	638	358	56.1	280	43.9	9.54	1	0.001-0.01
<b>Enfants (familles)</b>								
♂	323	185	57.3	138	42.7	6.84	1	0.001-0.01
♀	574	321	55.9	253	44.1	8.06	1	0.001-0.01
Total	897	506	56.4	391	43.6	14.74	1	<0.001
<b>Adultes</b>								
♂	59	39	66.1	20	33.9	6.12	1	0.01-0.02
♀	57	39	68.4	18	31.6	7.74	1	0.001-0.01
Total	116	78	67.2	38	32.8	13.79	1	<0.001
Enfants	703	427	60.7	276	39.3	32.43	1	<0.001

Tab. III. Distribution des phénotypes avec l'âge  
(échantillon familial)

Age	Père		Mère		1er enfant		2e enfant		3e enfant		4e enf. et s.		Total								
	N	n(G) % (G)	N	n(G) % (G)	N	n(G) % (G)	N	n(G) % (G)	N	n(G) % (G)	N	n(G) % (G)	N	n(G) % (G)							
0-5	1	100			2	1	50.00	9	5	55.55	12	7	58.33								
5-10	8	50.00	11	6	54.54	14	10	71.42	37	26	70.27	70	45	65.71							
10-15	4	25.00	35	21	60.00	44	28	63.63	55	34	61.81	138	84	60.87							
15-20	178	107	129	61	47.28	48	30	62.50	54	24	44.44	409	222	54.28							
20-25	69	42	60.86	29	19	65.51	15	9	60.00	17	6	35.29	130	76	52.46						
25-30	28	14	50.00	17	7	41.17	6	4	66.66	11	5	45.45	62	30	48.39						
30-35	4	0	0	2	0	0	2	33.33	4	1	25.00	2	0	0							
35-40	9	5	55.55	21	19	90.47	5	1	50.00				37	29	78.38						
40-45	57	36	63.15	87	41	47.12							144	77	53.47						
45-50	73	45	61.64	81	45	55.55							154	90	58.44						
50-55	97	58	59.79	76	48	63.15							173	106	61.27						
55-60	41	22	53.65	24	12	50.00							65	34	52.31						
60-65	17	9	52.94	13	6	46.15							30	15	50.00						
65-70	5	4	80.00										5	4	80.00						
70-75	1	0	0										1	0	0						
Total	304	179	58.88	304	171	56.25	309	180	58.25	229	117	51.09	133	83	62.41	185	100	54.05	1444	810	56.09
$\chi^2$	0.781		2.488		1.341		5.458		0.610		10.289		9.252								
dl	4		3		3		3		2		3		10								
P	0.90-0.95		0.30-0.50		0.50-0.70		0.10-0.20		0.70-0.80		0.01-0.02		0.50-0.70								

**Tab. IV. Distribution des phénotypes avec l'âge**  
(sujets non apparentés)

	Age				
	0-5	5-10	10-15	15-20	Adultes
N	45	167	288	203	116
n (G)	27	90	173	138	78
% (G)	60.0	53.3	60.1	68.0	67.2

**Tab. V. Types d'unions et dimension des familles**

Type d'union ♂ × ♀	Familles de								Total	
	1 enfant		2 enfants		3 enfants		4 enf. et +		Fréquences	
	abs.	rel.	abs.	rel.	abs.	rel.	abs.	rel.	abs.	rel.
G × G	33 <i>31.1</i>	40.2	33 <i>28.9</i>	34.0	23 <i>21.5</i>	37.1	20 <i>19.4</i>	25.6	109 <i>100.4</i>	34.2
G × D	19 <i>20.9</i>	23.2	19 <i>23.1</i>	19.6	15 <i>16.5</i>	24.2	17 <i>17.6</i>	21.8	70 <i>78.6</i>	21.9
D × G	16 <i>17.9</i>	19.5	21 <i>25.1</i>	21.6	12 <i>13.5</i>	19.3	21 <i>21.6</i>	26.9	70 <i>78.6</i>	21.9
D × D	14 <i>12.1</i>	17.1	24 <i>19.9</i>	24.7	12 <i>10.5</i>	19.3	20 <i>19.4</i>	25.6	70 <i>61.4</i>	21.9
Total	82	99.9	97	99.9	62	99.9	78	99.9	319	99.9
$\chi^2$ (1dl)	0.811		2.757		0.662		0.063		3.786	
P	0.30-0.50		0.05-0.10		0.30-0.50		0.80-0.90		0.05-0.10	

NOTE: Les valeurs en italiques sont les fréquences théoriques correspondant à l'hypothèse où les unions se font au hasard.



**Tab. VI. Nombre moyen d'enfants par type d'union**

Type d'union ♂ × ♀	Nombre d'unions	Nombre d'enfants	Moyenne	Erreur sur la moyenne
D × D	70	217	3.10	0.27
D × G	70	213	3.04	0.25
G × D	70	199	2.84	0.24
G × G	109	268	2.45	0.15
Total	319	897	2.81	0.11

**Tests de Student**

	D × G	G × D	G × G
D × D	0.15	0.57	2.12
D × G		0.70	2.22
G × D			1.42

**Tab. VII. Fréquences des phénotypes des enfants issus des divers types d'unions**

Type d'union ♂ × ♀	G		D		Total	χ <sup>2</sup>	P
	obs.	théor.	obs.	théor.			
♂							
G × G	62	56.703	37	42.297	99	1.158	0.20-0.30
G × D	33	41.811	40	31.189	73	4.346	0.02-0.05
D × G	51	43.529	25	32.471	76	3.001	0.05-0.10
D × D	39	42.957	36	32.043	75	0.853	0.30-0.50
Total	185	185	138	138	323	—	—
♀							
G × G	93	94.510	76	74.489	169	0.055	0.80-0.90
G × D	80	70.464	46	55.537	126	2.928	0.05-0.10
D × G	78	76.615	59	60.385	137	0.057	0.80-0.90
D × D	70	79.411	72	62.589	142	2.530	0.10-0.20
Total	321	321	253	253	574	—	—
♂ + ♀							
G × G	155	151.179	113	116.820	268	0.221	0.50-0.70
G × D	113	112.257	86	86.744	199	0.011	0.90-0.95
D × G	129	120.154	84	92.846	213	1.494	0.20-0.30
D × D	109	122.410	108	94.590	217	3.370	0.05-0.10
Total	506	506	391	391	897	—	—

Tab. VIII. Phénotypes des enfants issus des divers types d'unions dans diverses hypothèses

Type d'union ♂ × ♀	Gène autosomique								Gène lié à X											
	G dominant				D dominant				G dominant				D dominant							
	Génot. des parents		Génot. des enfants	Phénot. des enfants	Génot. des parents		Génot. des enfants	Phénot. des enfants	Génot. des parents		Génot. des enfants	Phénot. des enfants	Génot. des parents		Génot. des enfants	Phénot. des enfants				
	♂	♀			♂	♀			♂	♀			♂	♀			♂	♀	♂	♀
G × G	GG	GG	GG	G	GG	GG	GG	G	X <sub>G</sub> Y	X <sub>G</sub> X <sub>G</sub>	X <sub>G</sub> Y	X <sub>G</sub> X <sub>G</sub>	G	G	X <sub>G</sub> Y	X <sub>G</sub> X <sub>G</sub>	X <sub>G</sub> Y	X <sub>G</sub> X <sub>G</sub>	G	G
	GD	GD	GD	D						X <sub>G</sub> X <sub>D</sub>	X <sub>D</sub> Y	X <sub>G</sub> X <sub>D</sub>	D							
G × D	GG	DD	GD	G	GG	DD	GD	D	X <sub>G</sub> Y	X <sub>D</sub> X <sub>D</sub>	X <sub>D</sub> Y	X <sub>G</sub> X <sub>D</sub>	D	G	X <sub>G</sub> Y	X <sub>D</sub> X <sub>D</sub>	X <sub>D</sub> Y	X <sub>D</sub> X <sub>G</sub>	D	D
	GD		DD	D		DG	GG	G								X <sub>D</sub> X <sub>G</sub>	X <sub>G</sub> Y	X <sub>G</sub> X <sub>G</sub>	G	G
D × G	DD	GG	GD	G	DG	GG	DG	D	X <sub>D</sub> Y	X <sub>G</sub> X <sub>G</sub>	X <sub>G</sub> Y	X <sub>C</sub> X <sub>D</sub>	G	G	X <sub>D</sub> Y	X <sub>G</sub> X <sub>G</sub>	X <sub>C</sub> Y	X <sub>D</sub> X <sub>G</sub>	G	D
		GD	DD	D	DD		GG	G		X <sub>G</sub> X <sub>D</sub>	X <sub>D</sub> Y	X <sub>D</sub> X <sub>D</sub>	D	D						
D × D		DD	DD	D	DG	DG	DD	D	X <sub>D</sub> Y	X <sub>D</sub> X <sub>D</sub>	X <sub>D</sub> Y	X <sub>D</sub> X <sub>D</sub>	D	D	X <sub>D</sub> Y	X <sub>D</sub> X <sub>G</sub>	X <sub>D</sub> Y	X <sub>D</sub> X <sub>D</sub>	D	D
					DD	DD	DG									X <sub>D</sub> X <sub>G</sub>	X <sub>G</sub> Y	X <sub>D</sub> X <sub>G</sub>	G	
						GG	G													

**Tab. IX. Probabilités, dans le cas d'un gène autosomique, de fratries dont tous les sujets sont du phénotype désigné**

Type d'union ♂ × ♀	Allèle <i>G</i> dominant	Allèle <i>D</i> dominant
<i>G</i> × <i>G</i>	♂ et ♀ <i>G</i> (dominant): $1 - [2q/(p+2q)]^2 + (3/4)^n [2q/(p+2q)]^2$	♂ et ♀ <i>G</i> (récessif): toutes
<i>G</i> × <i>D</i> et <i>D</i> × <i>G</i>	♂ et ♀ <i>G</i> (dominant): $p/(p+2q) + (1/2)^n [1 - p/(p+2q)]$	♂ et ♀ <i>D</i> (dominant): $p/(p+2q) + (1/2)^n [1 - p/(p+2q)]$
<i>D</i> × <i>D</i>	♂ et ♀ <i>D</i> (récessif): toutes	♂ et ♀ <i>D</i> (dominant): $1 - [2q/(p+2q)]^2 + (3/4)^n [2q/(p+2q)]^2$

NOTE: *p* = fréquence de l'allèle dominant; *n* = dimension de la fratrie.

**Ta. X. Probabilités, dans le cas d'un gène lié au sexe, de fratries dont tous les sujets sont d'un phénotype déterminé**

Types d'unions ♂ × ♀	Allèle <i>G</i> dominant	Allèle <i>D</i> dominant
<i>G</i> × <i>G</i>	♂ <i>G</i> (dominant): $p/(1+q) + (1/2)^n [1 - p/(1+q)]$ ♀ <i>G</i> (dominant): toutes	♂ <i>G</i> (récessif): toutes ♀ <i>D</i> (dominant): toutes
<i>G</i> × <i>D</i>	♂ <i>D</i> (récessif): toutes ♀ <i>G</i> (dominant): toutes	♂ et ♀ <i>D</i> (dominant): $p/(1+q) + (1/2)^n [1 - p/(1+q)]$
<i>D</i> × <i>G</i>	♂ et ♀ <i>G</i> (dominant): $p/(1+q) + (1/2)^n [1 - p/(1+q)]$	♂ <i>G</i> (récessif): toutes ♀ <i>D</i> (dominant): toutes
<i>D</i> × <i>D</i>	♂ <i>D</i> (récessif): toutes ♀ <i>D</i> (récessif): toutes	♂ <i>D</i> (dominant): $p/(1+q) + (1/2)^n [1 - p/(1+q)]$ ♀ <i>D</i> (dominant): toutes

NOTE: *p* = fréquence de l'allèle dominant; *n* = dimension de la fratrie.

Tab. XI. Gène autosomique: fréquences de familles dont tous les enfants sont du phénotype désigné

Dimension des fratries	Allèle G dominant: Familles dont les enfants sont tous G						Allèle D dominant: Familles dont les enfants sont tous D					
	Unions G×G			Unions G×D			Unions D×D			Unions D×G		
	N	Fréquence obs. théor.		N	Fréquence obs. théor.		N	Fréquence obs. théor.		N	Fréquence obs. théor.	
1	33	19	30.89	35	22	26.16	14	1	11.43	35	13	20.01
2	33	8	29.31	40	12	24.84	24	7	16.30	40	6	14.31
3	23	6	19.61	27	1	15.06	12	2	6.91	27	1	6.77
4	11	3	9.08	16	1	8.42	7	1	3.49	16	0	3.15
5	6	1	4.83	7	1	3.57	4	1	1.76	7	0	1.19
6	0	—	—	3	0	1.51	3	0	1.20	3	0	0.47
7	0	—	—	4	0	1.99	3	0	1.09	4	0	0.60
8	1	0	0.77	4	1	1.99	0	—	—	4	0	0.59
9	2	0	1.53	1	0	0.50	1	1	0.32	1	0	0.15
10	0	—	—	3	0	1.49	1	0	0.31	3	0	0.43
11	0	—	—	0	—	—	0	—	—	0	—	—
12	0	—	—	0	—	—	0	—	—	0	—	—
13	0	—	—	0	—	—	1	0	0.28	0	—	—
	109	37	96.02	140	38	85.52	70	13	43.09	140	20	47.67

NOTE: N = nombre total de familles.

Tab. XII. Gène lié à X: allèle *G* dominant. Fréquences des familles dont tous les enfants sont *G*

Nombre d'enfants du même sexe	Unions ♂D × ♀G						Unions ♂G × ♀G					
	Garçons			Filles			Garçons			Filles		
	N	Nombre de familles dont tous les garçons sont <i>G</i>		N	Nombre de familles dont toutes les filles sont <i>G</i>		N	Nombre de familles dont tous les garçons sont <i>G</i>		N	Nombre de familles dont toutes les filles sont <i>G</i>	
		obs.	théor.		obs.	théor.		obs.	théor.		obs.	théor.
1	23	15	14.598	30	16	19.042	30	17	19.041	55	28	55.000
2	8	5	3.617	20	6	9.041	19	12	8.589	29	10	29.000
3	3	0	1.082	8	0	2.386	6	0	2.165	13	2	13.000
4	1	0	0.315	5	0	1.575	2	0	0.630	2	0	2.000
5	1	0	0.292	2	0	0.585	1	0	0.292	2	0	2.000
6	2	0	0.552	1	0	0.281	—	—	—	—	—	—
7	1	0	0.275	1	1	0.275	—	—	—	—	—	—
Total	39	20	20.741	67	23	33.185	58	29	30.717	101	40	101.000

NOTE: N = nombre total de familles.

Tab. XIII. Gène lié à X: allèle *D* dominant. Fréquences des familles dont tous les enfants sont *D*

Nombre d'enfants du même sexe	Unions ♂G × ♀D						Unions ♂D × ♀D					
	Garçons			Filles			Garçons			Filles		
	N	Nombre de familles dont tous les garçons sont <i>D</i>		N	Nombre de familles dont toutes les filles sont <i>D</i>		N	Nombre de familles dont tous les garçons sont <i>D</i>		N	Nombre de familles dont toutes les filles sont <i>D</i>	
		obs.	théor.		obs.	théor.		obs.	théor.		obs.	théor.
1	23	11	23.000	42	14	42.000	17	6	17.000	24	6	24.000
2	11	4	7.151	11	1	7.151	11	2	7.151	23	3	23.000
3	3	0	1.425	9	0	4.276	7	2	3.326	9	2	9.000
4	2	0	0.775	3	0	1.163	1	0	0.388	2	0	2.000
5	1	0	0.344	2	0	0.688	1	1	0.344	3	0	3.000
6	1	0	0.322	1	0	0.322	1	0	0.322	2	1	2.000
7	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
8	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
9	—	—	—	1	0	0.303	—	—	—	—	—	—
10	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
11	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0	1.000
Total	41	15	33.017	69	15	55.903	38	11	28.531	64	14	64.000

NOTE: N = nombre total de familles.

**Tab. XIV. Gène autosomique: fréquences des fratries dont tous les sujets possèdent le phénotype désigné**

Union		G × G	G × D D × G	D × D
N		109	140	70
Allèle G dominant	Nombre de fratries dont tous les sujets sont	G	G	D
	Fréquence observée	37	38	13
	Fréquence théorique	96.02	85.52	70.00
	Fr. obs. / Fr. théor.	0.385	0.444	0.186
	$\chi^2$	304.64	67.85	—
	P	<0.001	<0.001	—
Allèle D dominant	Nombre de fratries dont tous les sujets sont	G	D	D
	Fréquence observée	37	20	13
	Fréquence théorique	109.00	47.67	43.09
	Fr. obs. / Fr. théor.	0.339	0.420	0.302
	$\chi^2$	—	24.35	54.31
	P	—	<0.001	<0.001

NOTE: N = nombre total de fratries.

Tab. XV. Gène lié à X: fréquences des fratries dont tous les sujets possèdent un phénotype déterminé

		Union	♂G × ♀G	♂G × ♀D	♂D × ♀G	♂D × ♀D
Allèle G dominant	♂	N	58	41	39	38
		Nombre de fratries dont tous les garçons sont	G	D	G	D
		Fréquence observée	29	15	20	11
		Fréquence théorique	30.72	41.00	20.74	38.00
		Fr. obs. / Fr. théor.	0.944	0.366	0.964	0.290
		$\chi^2$	0.204	—	0.056	—
		P	0.50-0.70	—	0.80-0.90	—
		♀	N	101	69	67
Nombre de fratries dont toutes les filles sont	G	G	G	D		
Fréquence observée	40	32	23	14		
Fréquence théorique	101.00	69.00	33.18	64.00		
Fr. obs. / Fr. théor.	0.396	0.469	0.693	0.219		
$\chi^2$	—	—	6.87	—		
P	—	—	0.01-0.001	—		
Allèle D dominant	♂	N	58	41	39	38
		Nombre de fratries dont tous les garçons sont	G	D	G	D
		Fréquence observée	29	15	20	11
		Fréquence théorique	58.00	33.02	39.00	28.53
		Fr. obs. / Fr. théor.	0.500	0.454	0.513	0.386
		$\chi^2$	—	50.53	—	43.22
		P	—	<0.001	—	<0.001
		♀	N	101	69	67
Nombre de fratries dont toutes les filles sont	G	D	D	D		
Fréquence observée	40	15	20	14		
Fréquence théorique	101.00	55.90	67.00	64.00		
Fr. obs. / Fr. théor.	0.396	0.268	0.299	0.219		
$\chi^2$	—	151.05	—	—		
P	—	<0.001	—	—		

NOTE: N = nombre total de fratries.



## Bibliographie

- GUTTMAN R., ROSENZWEIG K. A., GUTTMAN L. (1965). The retest reliability of the observation of certain traits. *Acta Genet. (Basel)*, **15**: 358-370.
- LEGUEBE A. (1967). Hand clasping: étude anthropologique et génétique. *Bull. Soc. Roy. Belg. Anthropol. Prehist.*, **78**: 81-107.
- LEGUEBE A. (1968). Le mode d'insertion du lobe de l'oreille. Etude génétique. *Bull. Inst. Roy. Sci. Nat. Belg.*, **44**(28): 1-26.
- NEEL J. V., SCHULL W. J. (1954). *Human Heredity*. University of Chicago Press, Chicago.
- QUELCE-SALGADO A., FREIRE-MAIA A., FREIRE-MAIA N. (1961). Arm folding: a genetic trait? *Jap. J. Hum. Genet.*, **6**: 21-25.
- TAYLOR G. L., PRIOR A. M. (1939). Blood groups in England. III. Discussion of the family material. *Ann. Eugen. (London)*, **9**: 18-44.

### RIASSUNTO

Al fine di verificare l'eredità del modo di incrociare le braccia, sono stati raccolti i dati relativi a 319 coppie di coniugi e ai loro 897 figli. La distribuzione dei fenotipi D e G risulta diversa da una distribuzione 0.5-0.5. Non si rilevano differenze in funzione del sesso e dell'età. Le unioni sono casuali e il numero medio di figli per famiglia non presenta differenze statisticamente significative per tipo d'incrocio. L'analisi dei dati familiari non conferma l'ipotesi di una trasmissione ereditaria del carattere e si riscontrano notevoli discordanze tra i valori osservati e quelli attesi per meccanismi genetici con due alleli, *D* e *G*, di un gene autosomico o legato al sesso.

### RÉSUMÉ

En vue de vérifier le caractère héréditaire du mode de croisement des bras, on a recueilli des observations relatives à 319 couples et aux 897 enfants qui en sont issus.

La distribution des phénotypes D et G est différente d'une distribution 0.5-0.5; on n'observe aucune différence en fonction du sexe et de l'âge. Les unions se réalisent au hasard et le nombre moyen d'enfants par famille ne présente pas de différence statistiquement significative selon le type d'union.

L'analyse des familles ne confirme pas l'hypothèse d'une transmission héréditaire du caractère et on constate des différences importantes entre les valeurs observées et les valeurs théoriques correspondant à des mécanismes faisant appel à deux allèles, *D* et *G*, soit d'un gène autosomique, soit d'un gène lié au sexe.

### ZUSAMMENFASSUNG

Um festzustellen, ob die Art und Weise, in der die Menschen die Arme verschränken, erblich ist, wurden Erhebungen bei 319 Ehepaaren und deren 897 Kindern angestellt. Die Verteilung der Phänotypen D und G entspricht nicht der Verteilung 0.5-0.5. In Bezug auf Alter und Geschlecht lassen sich keine Unterschiede bemerken. Die Verbindungen sind zufällig und die durchschnittliche Kinderzahl pro Familie spielt bei der jeweiligen Art von Verschränkung keine wesentliche Rolle. Die Analyse der Daten bestätigte die Annahme, dass das Merkmal erblich sei, nicht, und es bestanden merkliche Diskordanzen zwischen den beobachteten Werten und denjenigen, die man sich für Erbmechanismen mit zwei Allelen *D* und *G* eines autosomen oder geschlechtsgebundenen Gens erwartet hätte.

Dr. A. LEGUEBE, Section d'Anthropologie et de Préhistoire, Institut Royal des Sciences Naturelles de Belgique, Rue Vautier 31, B1040 Bruxelles, Belgium.

---