

przypadków, połączonych z równoległym toksycznym, zacierającym objawy urazu, działaniem alkoholu.

4. Opiniowanie błędu lekarskiego powinno pozostać w obszarze medycyny sądowej w oparciu o kolegialne, komisyjne, wielospecjalistyczne rozstrzygnięcia samodzielnych pracowników nauki. Jak wskazuje przedstawiona analiza, nadal dla oceny błędów lekarskich przydatne są klasyczne kryteria błędu uwzględniające zwłaszcza zakres ujemnych skutków na zdrowiu pacjenta.

## PIŚMIENICTWO

I. Baran E.: Uwagi na temat przydatności zachowania pojęcia „błąd lekarski” w opiniowaniu sądowym. Arch. Med. Sąd. Krym. 1995, 45, 1, 33-36 - 2. Baran E.: Błąd medyczny w opiniach Zakładu Medycyny Sądowej CM UJ w Krakowie w sprawach karnych w latach 1990-1994. Arch. Med. Sąd. Krym. 1995, 45, 2, 173-179 - 3. Baran E. Woźniak K.: Błąd lekarski (decyzyjny) w badaniach pośmiertnych sądowo-lekarskich. VI Ogólnopolska Konferencja Naukowa Błąd Medyczny oraz Symposium Hemogenetyczne. Streszczenia 1996, 14 - 4. Dzida J.: Granice kompetencji medyka sądowego przy współopiniowaniu z lekarzami innych specjalności. VI Ogólnopolska Konferencja Naukowa Błąd Medyczny oraz Symposium Hemogenetyczne. Streszczenia 1996, 15 - 5. Kołodziej J. Marek Z.: Ocena postępowania lekarskiego w stosunku do zatrutych alkoholem. VI Ogólnopolska Konferencja Naukowa Błąd Medyczny oraz Symposium Hemogenetyczne. Streszczenia 1996, 27 - 6. Kunz J.: Niektóre przyczyny rozbieżności stanowisk prawników i biegłych lekarzy w opiniowaniu sądowo-lekarskim. Cz. 1: Problematyka związku przyczynowego. Arch. Med. Sąd. Krym. 1992, 42, 1, 38-60. - 7. Marek Z. Plac-Bobula E. : Klasyfikacja błędu medycznego. Arch. Med. Sąd. I Krym. 1994, 44, 2, 187-201. - 8 Marek Z. : Błąd diagnostyczny czy/i nieprawidłowości organizacyjne Arch. Med. Sąd. Krym. 1989, 39, 1. - 9. Nasiłowski W. Szczepański J.: Błąd lekarski rozpatrywany w granicach odpowiedzialności zawodowej. Arch. Med. Sąd. Krym. - 10. Nasiłowski W. Szczepański J.: Realizm opinii sądowo-lekarskiej w sprawach o błąd lekarski. Arch. Med. Sąd. I Krym.

II. Popielski B.: Medycyna i prawo. PZWL, Warszawa, 1968. -12. Popielski B. Kobiela J.: Medycyna sądowa. PZWL, Warszawa 1972. -13. Świątek B. Tajemnica lekarska a przestępstwa przeciwko wolności. Postępy Med. Sąd. I Krym. 1995, 2, 45-50. -14. Świątek B. Problemy sądowo-lekarski a aktualne przepisy prawne. Postępy Med. Sąd. I Krym. 1995, 2, 51-58

Adres autora:

Katedra Medycyny Sądowej AM w Katowicach  
40-752 Katowice  
ul. Medyków 18

**Ewa Raczek**

## Polimorfizm układu D1S80 w populacji Górnego Śląska; jego przydatność w badaniach spornego ojcostwa

### **D1S80 polymorphism in the Upper Silesia population; its application to paternity testing**

Z Katedry Medycyny Sądowej Śląskiej AM w Katowicach  
Kierownik: prof. dr hab. H. Sybirska

Badania populacyjne lokus D1S80 obejmują 260 osób dorosłych niespokrewnionych z regionu Górnego Śląska. Obserwowano 20 alleli, 57 fenotypów spośród 210 możliwych; najczęściej występujące allele to :24 (35.19%), 18 (23.65%) i 31 (7.69%), zaś fenotypy - 18-24 (15.77%), 24-24 (12.69%) i 18-18 (5.77%). W populacji jest zachowana równowaga Hardy-Weinberg'a. W niniejszej pracy porównano wyniki badań polimorfizmu lokus D1S80 w populacji górnośląskiej z 6 innymi populacjami polskimi przeprowadzając analizę homogenności w badanym układzie (test Carmody'ego). W populacji górnośląskiej wielkości istotne dla potrzeb sądowo-lekarskich zastosowania układu przyjmują następujące wartości: Ht obs. = 78.85%, Ht ocz. = 80.29% , PD = 94.14%, PM = 5.86%, PE = 60.30% i PIC = 78.36%.

A population study of the D1S80 locus was carried out in 260 unrelated adults from the Upper Silesia region. Out of the 210 possible phenotypes, 57 were observed; alleles 18, 24 and 31 were detected with a frequency of 0.3519, 0.2365 and 0.0769 respectively. The Upper Silesia population shows HWE; the homogeneity of the Polish population was analysed by the Carmody test. The observed heterozygosity was 78.85%, the expected heterozygosity (unbiased) = 80.29%± 2.47, PD = 94.14%, PM = 5.86%, PE = 60.30% and PIC = 78.36%.

**Słowa kluczowe:** D1S80, badania populacyjne, test homogenności, mutacja

**Key words:** D1S80, population data, homogeneity test, mutation

## WPROWADZENIE

Polimorficzny układ D1S80 (pMCT118) zlokalizowany w dystalnej części krótkiego ramienia chromosomu pierwszego należy do Ampli-FLP o 16 pz sekwencji kanonicznej, powtarzanej od 13 do ponad 47 razy (11,22,24,25). W układzie spotkano interallele (7,19,23,24), zaś ostatnie doniesienia (2) opisują 11 podtypów alleli D1S80 oznaczonych metodą PCR-RFLP jako E1 - E11 (allel 24 u około 60% badanych osobników to podtyp E4 zaś u 40% - E8).

Badania populacyjne układu prowadzono we wszystkich rasach: białej (1,8,11,17,22,23,24,25, 28), czarnej (4) i żółtej (3,6,9,12,19,20,26).

W Polsce oznaczono polimorfizm D1S80 w 6 regionach (10,13,15,18,21,27).

Szerokie zastosowanie układu w praktyce sądowej podkreślają Arakura i wsp. (2), Sajantila i wsp. (22) czy Thymann i wsp. (25).

Dlatego celowym wydało się przedstawienie częstości występowania alleli D1S80 w populacji Górnego Śląska, w szczególności zaś pokazanie homogenności regionu górnośląskiego z pozostałymi już zbadanymi regionami Polski. Podjęto też próbę wykazania homogenności populacji polskiej w ogóle.

## MATERIAŁ I METODY

Badaniami objęto 260 próbek krwi osób dorosłych, niespokrewnionych, uczestniczących w procesach spornego ojcostwa. DNA izolowano zmodyfikowaną metodą Kunkel'a i wsp. (14).

Polimorficzny układ D1S80 oznaczano - korzystając z zestawu odczynników firmy Perkin Elmer - zgodnie z zaleceniami producenta, stosując amplifikator tej firmy (typ 480), elektroforezę wertykalną (aparatus do elektroforezy SA-32 firmy Life Technologies) na żelu poliakrylamidowym GDG (produkcji Perkin Elmer) i barwienie srebrem.

Obliczenia statystyczne prowadzono wykorzystując program komputerowy TFPGA, umożliwiający sprawdzenie równowagi HW w oparciu o test chi-kwadrat oraz exact metodą Monte Carlo.

Charakterystyka statystyczna locus D1S80 w populacji górnośląskiej obejmuje również: heterozygotyczność obserwowaną (Ht obs.), heterozygotyczność oczekiwaną (Ht ocz.), siłę dyskryminacji (PD), prawdopodobieństwo zgodności (PM), siłę wykluczeniową układu (PE) i współczynnik informacji polimorficznej (PIC)(cyt. za 5 i 16).

W ceiu wykazania homogenności polskich populacji w badanym układzie zastosowano test Oarmody'ego.

## WYNIKI I ICH OMÓWIENIE

Tabela I obrazuje liczbę obserwowanych i oczekiwanych fenotypów, liczbę alleli znalezionych w locus D1S80 w górnośląskiej populacji i ich częstości występowania. Znaleziono 20 alleli i tylko 57 fenotypów spośród 210 możliwych. Nie znaleziono żadnego interallelu. Podobnie jak w populacjach europejskich (11,24,25) i polskich (10,13,15,18,21,27) najczęstszymi allelami są 24 i 18 (występujące odpowiednio z częstością 0.3519 i 0.2365) oraz fenotypy 18-24 (15.77%), 24-24 (12.69%) i 18-18 (5.77%).

Tabela I. Liczba obserwowanych i oczekiwanych fenotypów w układzie DIS80 oraz alleli i ich częstość wśród 260 osób dorosłych z populacji górnośląskiej.

Table I. Number of observed and expected phenotypes and allele frequency in DIS80 locus in 260 adults from the Upper Silesia population.

Allele	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	35	36	37	n	częstość	
17	-	-	-	-	-	-	-	2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	4	0.0077	
18	15	-	2	1	6	1	41	11	8	-	5	5	3	5	-	1	-	-	-	2	123	0.2365	
19	14.55	-	2.37	3.08	5.68	1.86	43.29	8.99	2.60	-	5.91	3.78	1.66	9.46	-	0.47	-	-	-	4	2.13	0.0038	
20	-	-	-	-	-	-	0.70	0.15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.0038	
21	-	-	-	-	-	-	3	1	-	-	-	-	-	3	-	-	1	-	-	-	10	0.0192	
22	-	-	-	-	-	2	6	1	-	-	2	-	-	1	-	-	-	-	-	-	13	0.0250	
23	-	-	-	-	-	0.80	4.58	0.95	-	-	0.63	-	-	1.00	-	-	-	-	-	-	24	0.0462	
24	-	-	-	-	-	2	8	-	-	-	1	1	-	1	-	-	-	1	-	-	24	0.0462	
25	-	-	-	-	-	0.55	8.45	-	-	-	0.74	0.32	1.85	-	-	-	-	0.42	-	-	24	0.0462	
26	-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	2	-	-	1	-	-	-	-	-	-	7	0.0135	
27	-	-	-	-	-	-	2.46	-	-	-	0.34	-	-	0.54	-	-	-	-	-	-	7	0.0135	
28	-	-	-	-	-	-	33	13	2	2	10	4	3	14	1	1	-	-	-	3	183	0.3519	
29	-	-	-	-	-	-	32.20	13.37	3.87	0.70	8.80	5.63	2.46	14.08	0.35	0.70	-	-	-	3	3.17	0.00731	
30	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	3	-	3	-	-	-	-	-	-	-	38	0.0731	
31	-	-	-	-	-	-	1.39	-	-	-	1	-	1.17	2.92	-	-	-	-	-	-	11	0.0212	
32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.0038	
33	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.0038	
35	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.0019	
36	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	0.0058	
37	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8	0.0154	
																					Σ	520	1.0000

test chi-kwadrat dla wszystkich (20) alleli (210 klas fenotypów):  $\chi^2_{190} = 199.0238$ ;  $p=0.3121$

test exact (Monte Carlo):  $p=0.5462\pm 0.0205$

chi-square test for all (20) alleles (210 classes of phenotypes):  $\chi^2_{190} = 199.0238$ ;  $p=0.3121$

exact test (Monte Carlo):  $p=0.5462\pm 0.0205$

Zastosowane testy statystyczne wykazują równowagę Hardy-Weinberg'a w populacji Górnego Śląska (tabela I).

Wielkości charakteryzujące lokus D1S80 w aspekcie sądowo-lekarskim przedstawiają się w regionie Górnego Śląska następująco: Ht obs. = 78.85%, Ht ocz. = 80.29± 2.47%, PD = 94.14%, PM = 5.86%, PE = 60.30% i PIC = 78.36%. Wartości tych wielkości nie odbiegają od podobnych wielkości obliczonych dla populacji belgijskiej (23), niemieckiej (24) czy polskich (18,21,27).

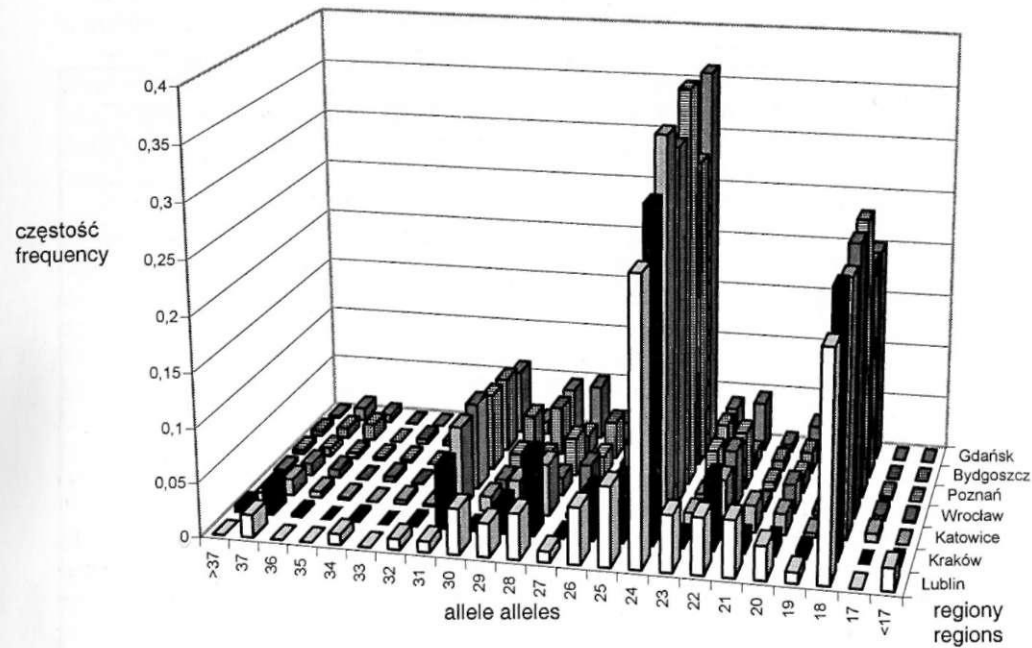
Wśród 130 zbadanych tercetów w sprawach spornego ojcostwa wykluczono 30 niesłusznie pozwanych mężczyzn, w tym 19 w układzie D1S80 (63.3%). Nie obserwowano interalleli ani odchyleń od praw Mendla w parze: matka-dziecko. W jednej z trójek wykazano przeciwstawne homozygoty w parze: pozwany-dziecko. Po zbadaniu w tym tercecie następujących markerów genetycznych: ABO, MN, Rh, Kell, P, Ss, Jk, Fy, Hp, ACP, ESD, PGM1 podgrupy, GLO, PGP, MLP:33.15/Hinfl, SLP: MS8, MS31, MS43a i MS205 wcięciu Hinfl, DQA1, LDLR, GYPA, HBG, D7S8, Gc i TH01, dziedzicznych zgodnie z prawami Mendla i obliczeniu prawdopodobieństwa ojcostwa (bez uwzględnienia MLP i 4 SLP wynosiło 99.99%), przyjęto w tym przypadku mutację.

Tabela II obrazuje analizę homogenności polskich populacji w systemie każda z każdą i łącznie w oparciu o test Carmody'ego. Wynika z niej, że większość populacji polskich z 7 zbadanych nie jest ze sobą jednorodnych, a co za tym idzie brak jest jednorodności populacji polskiej jako całości. Najbardziej istotne statystycznie różnice wykazują populacje Polski pld.-zach. i Pomorza-Kujaw w porównaniu z pozostałymi, natomiast największą zgodność częstości występowania alleli w układzie D1S80 wykazano dla populacji Górnego Śląska i Polski pld. Nie różni się też populacja górnośląska od Polski pld., Polski pld.-wsch. czy Wielkopolski (przyjmując 0.01 poziom ufności). Największą zgodność z pozostałymi populacjami wykazuje Polska pld. Homogenność polskich populacji w systemie każda z każdą można uszeregować następująco: Polska pld. > Górny Śląsk = Polska pld. = Polska pld.-wsch. > Pomorze-Kujawy = Wielkopolska > Polski pld.-zach.. Oznacza to, iż nie można stosować danych z niejednorodnych względem siebie populacji do jakichkolwiek obliczeń statystycznych (prawdopodobieństwo ojcostwa). Nie należy pisać o polskiej populacji gdy występują tak istotne różnice regionalne (tabela II). Przyczyn tych odmienności można szukać w jeszcze zbyt małej liczbie badanych, nieprawidłowym (złym) rozdziale elektroforetycznym czy fenotypowaniu. Nie można natomiast tłumaczyć zjawiska istotnych różnic subpopulacjami, gdyż Górny Śląsk wykazuje dużą zgodność z populacją europejską (24) - chi-kwadrat - 20.57, p = 0.317; G = 21.14, p = 0.381. Natomiast populacja górnośląska w sposób istotny różni się od azjatyckiej (chi-kwadrat = 213.85, p = 0.000; G = 244.85, p = 0.000, liczone z danych Nagai i wsp. - 19), czy Hasydów nowojorskich (chi-kwadrat = 38.93, p = 0.000; G = 45.87, p = 0.000), którzy mimo przynależności do Żydów aszkenazyjskich wykazują istotną odmienną od Kaukazoidów (17).

Tabela II. Homogenność polskich populacji (test Carmody'ego).  
Table II. Homogeneity of Polish populations (Carmody test).

Porównywane populacje (piśmienictwo) Compared populations (references)	X <sup>2</sup> -test			G - test			Homogenne ? Homogenous? p>0.05 - tak yes; 0.05>p>0.01 - ? p<0.01 - nie no
	X'	p	SE	G	p	SE	
Polska Płn. (21)							
Pomorze -Kujawy (18)	27.20	0.058	0.007	27.07	0.111	0.009	tak yes
Wielkopolska (15)	24.28	0.092	0.009	24.16	0.140	0.011	tak yes
Polska pld.-zach. (10)	57.37	0.000	0.000	52.22	0.000	0.000	nie no
Górny Śląsk	24.95	0.105	0.009	25.89	0.149	0.011	tak yes
Polska pld. (27)	26.50	0.073	0.008	27.75	0.107	0.009	tak yes
Polska pld.-wsch. (13)	25.88	0.068	0.008	23.35	0.176	0.012	tak yes
Pomorze -Kujawy (18)							
Wielkopolska (15)	43.61	0.001	0.001	39.60	0.004	0.002	nie no
Polska pld.-zach. (10)	54.48	0.000	0.000	42.03	0.000	0.000	nie no
Górny Śląsk	51.33	0.000	0.000	48.09	0.000	0.000	nie no
Polska pld. (27)	49.47	0.000	0.000	53.00	0.000	0.000	nie no
Polska pld.-wsch. (13)	21.48	0.207	0.012	22.39	0.274	0.014	tak yes
Wielkopolska (15)							
Polska pld.-zach. (10)	47.27	0.000	0.000	46.97	0.000	0.000	nie no
Górny Śląsk	30.18	0.043	0.006	31.49	0.053	0.007	tak yes
Polska pld. (27)	38.60	0.002	0.001	38.28	0.010	0.003	?
Polska pld.-wsch. (13)	38.58	0.005	0.002	33.25	0.015	0.003	
Polska pld.-zach. (10)							
Górny Śląsk	56.00	0.000	0.000	56.34	0.000	0.000	nie no
Polska pld. (27)	71.61	0.000	0.000	59.83	0.000	0.000	nie no
Polska pld.-wsch. (13)	62.29	0.000	0.000	44.26	0.000	0.000	nie no
Górny Śląsk							
Polska pld. (27)	15.97	0.521	0.015	15.82	0.636	0.015	tak yes
Polska pld.-wsch. (13)	27.42	0.054	0.007	25.93	0.082	0.008	tak yes
Polska pld. (27)							
Polska pld.-wsch. (13)	26.15	0.065	0.007	24.78	0.174	0.012	tak yes
Polska populacja	252.86	0.000	0.000	233.29	0.000	0.000	nie no

Uzyskane wyniki testu homogenności nakazują więc znaleźć przyczynę rozbieżności. Okazuje się, że liczenie homogenności prowadzone w oparciu tylko o 3 najczęściej występujące allele (24,18, 31) daje pozytywny wynik (chi-kwadrat = 12.31, p = 0.387; G = 13.97, p = 0.286). Dopiero włączenie allelu 25 do obliczeń znacznie zmienia stosunki homogenności w polskiej populacji i daje różnice mało istotne statystycznie (chi-kwadrat = 28.15, p = 0.06; G = 30.39, p = 0.037). Kolejny alfę! (28) powoduje, że 7 polskich populacji bardzo różni się między sobą (chi-kwadrat = 70.27, p = 0.000; G = 69.79, p = 0.000).



Dla zobrazowania różnic w częstości występowania poszczególnych alleli lokus D1S80 w regionach Polski sporządzono graficzny ich wykres (ryc. 1). Wyraźnie można wskazać proporcjonalnie zgodnie często występujące allele w 7 zbadanych populacjach, jak również te allele, które powodują rozbieżności. Badania prowadzone w różnych ośrodkach europejskich (1,23,24) dają większą zgodność rozkładu częstości alleli lokus D1S80.

Przeprowadzona analiza zgodności wyników badań w lokus D1S80 dla różnych regionów Polski jest pewnego rodzaju atestacją polskich laboratoriów, tym istotniejszą, że układ ten jest obligatoryjnie wymagany przez Komisję Hemogenetyczną przy PTMSiK w ekspertyzie spornego ojcostwa.

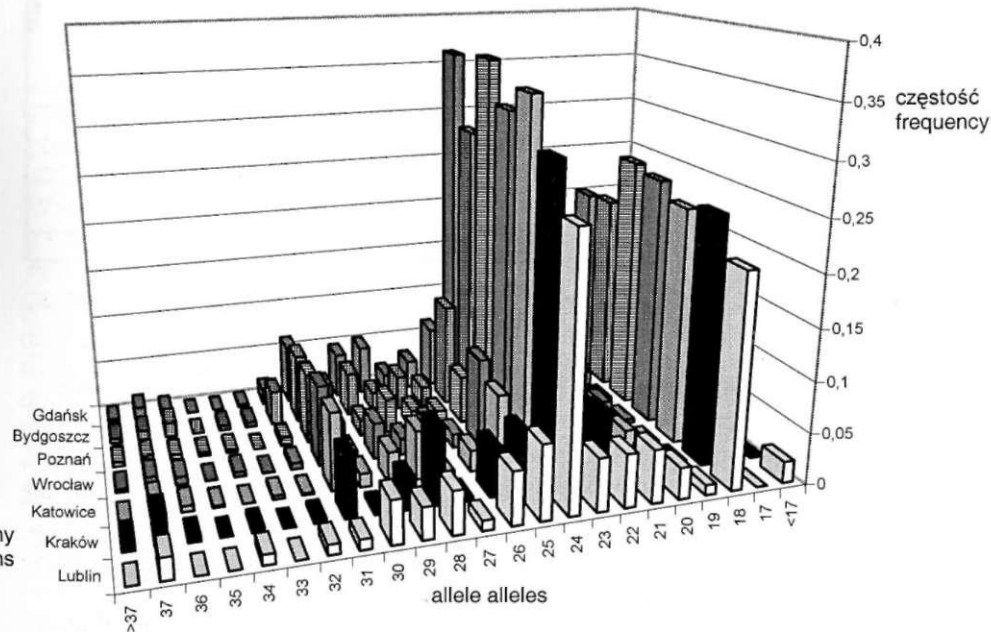
## PODZIĘKOWANIA

Autorka dziękuje mgr. P. Wolańskiej-Nowak z Instytutu Ekspertyz Sądowych w Krakowie za udostępnienie programu komputerowego TFPGA i pomoc w obliczeniach statystycznych. Tą drogą składa również podziękowania dr. P. Koziołowi z Katedry Medycyny Sądowej AM w Lublinie za możliwość skorzystania z programu Carmody'ego.

## PIŚMIENNICTWO

- Alonso A., Martin P., Albarran C., Sancho M.: Amplified fragment length polymorphism analysis of the VNTR locus D1S80 in Central Spain. *Int. J. Legal Med.*, 1993, 105, 311-314.
- Arakura A., Liu C., Ota M., Fukushima H.: Subtyping and characterization of D1S80 in a Japanese population using PCR-RFLP. *Int. J. Legal Med.*, 1998, 111, 183-187.
- Balamurugan K., Abdel-Rehman H., Duncan G.T., Budowle B., Anderson S., Macechko J., Tahir M.: Distribution of D1S80 alleles in the Jordanian population. *Int. J. Legal Med.*, 1998, 111, 276-277.
- Budowle B., Baechtel F., Smerick J., Presley K., Giusti A., Parson G., Alevy M., Chakraborty R.: D1S80 population data in African Americans, Caucasians, Southeastern Hispanics, Southwestern Hispanics and Orientals. *J. Forensic Sci.*, 1995, 40, 38-40.
- Chakraborty R., Fornage M., Gueguen R., Boerwinkle E.: Population genetics of hypervariable loci: analysis of PCR based VNTR polymorphism within a population. w: *DNA fingerprinting approaches and applications* p.red. T. Burkę, G Dolf, A.J. Jeffreys i R. Wolf. Birkhauser Veriag, Basel, 1991, str.: 127-143.
- Halos S.C., Fortuno III E.S., Ferreon A.C.M., Chu J.Y., Miranda J., Harada S., Benecke M.: Allele frequency distributions of the polymorphic STR loci HurrwWA, HumFES, HumF13A01 and the VNTR D1S80 in a Filipino population from Metro Manila. *Int. J. Legal Med.*, 1998, 111, 224-226.
- Harashima N., Liu C., Katsuyama Y., Ota M., Fukushima H.: Sequence variation of allele 27 at the D1S80 locus. *Int. J. Legal Med.*, 1997, 110, 22-26.
- Hochmeister M.N., Budowle B., Borer U.V., Dimhofer R.: Swiss population data on the loci HLA-DOA1, LDLR, GYPA,

Ryc. 1. Częstości alleli lokus D1S80 w 7 polskich populacjach.  
Fig. 1. Allele frequencies of the locus D1S80 in 7 Polish populations.



population data on the loci HLA-DGA1, LDLR, GYPA, HBGG, D7S8, GC and D1S80. *Forensic Sci. Int.*, 1994, 67, 175-184. - 9. Huang N.E., Chakraborty R., Budowle B.: D1S80 allele frequencies in a Chinese population. *Int. J. Legal Med.*, 1994, 107, 118-120. - 10. Jonkisz A.: Polimorfizm układu grupowego Amp.Flp D1S80 w populacji polskiej. Praca magisterska wykonana w KMS AM im. Piastów Śląskich we Wrocławiu. 1995, str.:19, 29.

11. Klintschar M., Kubat M., Ebersold A.: The distribution of D1S80 (pMCT118) alleles in an Austrian population sample - Description of two new alleles. *Int. J. Legal Med.*, 1995, 107, 225-226. - 12. Koh C.L., Lim M.E., Nig H.S., Sam C.K.: D1S80 (pMCT118) frequencies in Malay population sample from Malaysia. *Int. J. Legal Med.*, 1997, 110, 39-40. - 13. Kozioł P., Ciesielka M.: Ocena przydatności badań VNTR lokus D1S80 w sprawach spornego ojcostwa. *Arch. Med. Sąd. i Krym.*, 1994, 44, 459-465. - 14. Kunkel L.M., Smith K.D., Bayer S.H., Borgaonkar D.S., Wachtel S.S., Miller O.J., Berg W.R., Jones H.W., Rary J.M.: Analysis of human Y-chromosome - specific reiterated DNA in chromosome variants. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 1977, 74, 1245-1249. - 15. Kwiatkowska J., Dziechciowska K., Lisiecka D., Słomski R.: DNA polymorphism in locus D1S80 in Poland. DNA profiling and detection of a new alleles by heteroduplex formation between alleles of the same size. *J. Appl. Genet.*, 1997, 38. - 16. Lareu M.V., Phillips C.P., Carracedo A., Lincoln P.J., Syndercombe Court D., Thomson J.A.: Investigation of the STR locus Hum TH01 using PCR and two electrophoresis formats: UK and Galician Caucasian population surveys and usefulness in paternity investigations. *Forensic Sci. Int.*, 1994, 66, 41-52. - 17. Medintz I., Kingston C., Levine L., Fogarty P., Mar E., Mc Curdy L., Kobilinsky L.: D1S80 allele frequencies in Hasidic and non-Hasidic New York City Jewish population. *Int. J. Legal Med.*, 1998, 111, 273-275. - 18. Miścicka-Śliwka D., Syroczyńska A., Śliwka K., Berent J.A.: Investigation of D1S80 VNTR locus in a Polish population. *Acta Med. Leg.*, 1994, 44, 72-73. - 19. Nagai A., Yamada S., Bunai Y., Ohya I.: Analysis of the VNTR locus D1S80 in a Japanese population. *Int. J. Legal Med.*, 1994, 106, 268-270. - 20. Nakajima T., Matsuki T., Ohkawara H., Nara M., Furukawa K., Kishi K.: Evaluation of 7 DNA markers (D1S80, HLADOA1, LDLR, GYPA, HBGG, D7S8 and GC) in Japanese population. *Int. J. Legal Med.*, 1996, 109, 47-48.

21. Pawłowski R.: Polimorfizm lokus D1S80 człowieka w populacji Polski Północnej badany metodą PCR. *Genetyka populacyjna oraz zastosowanie do badania śladów. Arch. Med. Sąd. i Krym.*, 1995, 45, 247-256. - 22. Sajantila A., Budowle B., Strom M., Johnsson V., Lukka M., Peltonen L, Ehnholm Ch.: PCR amplification of alleles at the D1S80 locus; Comparison of a Finnish and a North American Caucasian population sample, and forensic casework evolution. *Am. J. Hum. Genet.*, 1992, 50, 816-825. - 23. Sepulchre M.A., Wiegand P., Brinkmann B.: D1S80 (pMCT118): analysis of 3 ethnic subpopulations living in Brussels. *Int. J. Legal Med.*, 1995, 108, 45-47. - 24. Skowasch K., Wiegand P., Brinkmann B.: pMCT118 (D1S80) a new allelic ladder and an improved electrophoretic separation lead to the demonstration of 28 alleles. *Int. J. Legal Med.*, 1992, 105, 165-168. - 25. Thyman M., Nellesmann L.J., Masumba G., Irgens-Moller L., Morling N.: Analysis of the locus D1S80 by amplified fragment length polymor-

phism technique (Amp-Flp), frequency distribution in Danes. Intra and inter laboratory reproducibility of the technique. *Forensic Sci. Int.*, 1993, 60, 47-56. - 26. Tie J., Oshida S., Chiba S., Tsukamoto S., Sebetan I.M.: Frequency of D1S80 and DQA1 alleles in a Chinese population. *Int. J. Legal Med.*, 1995, 108, 170-171. - 27. Turowska B., Sanak M.: D1S80 VNTR locus genotypes in population of South Poland; Meta-analysis pointer to genetic disequilibrium of human populations. *Forensic Sci. Int.*, 1995, 75, 207-216. - 28. Wolier J., Furedi S., Padar Z.: AmpFLP analysis of the VNTR loci D1S80 and ApoB in Hungary. *Int. J. Legal Med.*, 1995, 107, 273-274.

Adres autora:

Katedra Medycyny Sądowej Śląskiej AM  
Ul. Medyków 18  
40-752 Katowice