

Witold Pepiński, Małgorzata Skawrońska, Jerzy Janica*, Anna Niemcunowicz-Janica*, Ireneusz Sołtyszewski, Zofia Wardaszka

Genetyka populacyjna 10 loci typu STR w próbce populacyjnej Podlasia (Polska północno-wschodnia)

Population genetics of the 10 short tandem repeat (STR) loci in the population of Podlasie (Northeastern Poland)

* Z Zakładu Medycyny Sądowej AM w Białymstoku

f Kierownik: prof. dr hab. J. Janica

I Z Centralnego Laboratorium Kryminalistycznego KGP w Warszawie

Dyrektor: A. Filewicz

Przeprowadzono badanie populacyjne w obrębie 10 loci STR: D3S1358, VWA, D16S539, D2S1338, D8S1179, D21S11, D18S51, D19S433, TH01 i FGA w grupie 620 niespokrewnionych osób urodzonych w regionie Podlasia. DNA poddano reakcji multiplex PCR stosując zestaw AmpFISTR SGM Plus Kit (Applied Biosystems). Rozdział produktów znakowanych fluorescencyjnie prowadzono przy użyciu analizatora ABI 310 (Applied Biosystems). Obliczono częstości alleli poszczególnych układów oraz parametry ich przydatności w badaniach medyczno-sądowych. Rozkłady częstości alleli wszystkich badanych loci były zgodne z regułą Hardy-Weinberga. Nie stwierdzono znaczących statystycznie różnic między badaną populacją a danymi z innych wybranych populacji Polski. Łączna wartość prawdopodobieństwa przypadkowej zgodności wynosi $4,18 \times 10^{-13}$, zaś siły wykluczenia 0,99997.

A population study on 10 STR loci: D3S1358, VWA, D16S539, D2S1338, D8S1179, D21S11, D18S51, D19S433, TH01 and FGA was performed on 620 unrelated individuals born in Podlasie (NE Poland). The DNA was amplified by multiplex PCR using a commercially available multiplex AmpFISTR SGM Plus kit. Capillary electrophoresis with fluorescent detection was carried out using the ABI 310 Genetic Analyzer. The expected performance of the analysed loci for personal identification and paternity testing was estimated. All loci met the Hardy-Weinberg assumption. No significant differences between the studied population and other Polish data were found. The combined values of the Matching Probability and of the Power of Exclusion are $4,18 \times 10^{-13}$ and 0.99997, respectively.

Słowa kluczowe: STR, multiplex PCR, AmpFISTR SGM Plus, genetyka populacyjna, Polska północno-wschodnia.

Key words: STR, multiplex PCR, AmpFISTR SGM Plus, population genetics, Northeastern Poland.

WSTĘP

Oznaczanie loci STR jest obecnie najskuteczniejszym i najszybszym sposobem identyfikacji próbek ludzkiego materiału biologicznego oraz dochodzenia ojcostwa (18, 21, 29, 34). Z uwagi na występowanie różnych rozkładów częstości cech loci STR w populacjach, w celu określenia wartości prawdopodobieństwa opisujących losową szansę wystąpienia profilu DNA, prowadzone są badania mające na celu określenie częstości obserwowanych genotypów i alleli (21). Obliczenia prawdopodobieństwa są oparte na znanych częstościach alleli każdego locus STR pod warunkiem zgodności z regułą Hardy-Weinberga zweryfikowanej przy użyciu odpowiednich metod statystycznych. Stosowanie kompatybilnych paneli markerów genetycznych przez laboratoria zajmujące się identyfikacją osobniczą zapewnia porównywalność i możliwość weryfikacji wyników (8, 10). Wraz ze wzrostem uznania i zapotrzebowania na analizę polimorfizmu DNA, w praktyce medyczno-sądowej zostały upowszechnione systemy multipleksowe (10, 20, 32). Zastosowanie zautomatyzowanej analizy produktów PCR znakowanych fluorescencyjnie przy użyciu elektroforezy kapilarnej umożliwiło osiągnięcie wyjątkowej dokładności oraz wysokiej wydajności analizy próbek DNA (23). Obecna praca przedstawia dane dla populacji Podlasia w zakresie 10 układów STR stosowanych w medycynie sądowej jako wysoce dyskryminatywny system markerów genetycznych.

MATERIAŁ I METODY

DNA izolowano metodą z Cheleksem-100 i proteinazą K (33) z próbek krwi obwodowej pobranych od 620 niespokrewnionych osób urodzonych na terenie Podlasia, zgłaszających się do Zakładu Medycyny Sądowej AMB. Wszystkie badane osoby wyraziły pisemną zgodę na pobranie próbek krwi. Stężenie DNA określano spektrofotometrycznie. Reakcje multipleks PCR przy użyciu zestawu AmpFISTR SGM Plus (Applied Biosystems) prowadzono zgodnie z zaleceniami producenta. Wielkości produktów PCR oznaczano na analizatorze ABI 310 (Applied Biosystems) stosując oprogramowanie GeneScan Analysis v3.1 oraz Genotyper v2.5 (1). Zastosowany dekapleks zawiera odczynniki potrzebne do amplifikacji następujących loci: D3S1358 (14), VWA (12), D16S539 (Cooperative Human Linkage Center (CHLC), accession number 715; Genbank accession number G07925), D2S1338 (7), D8S1179 (20), D21S11 (25), D18S51 (23), D19S433 (6), TH01 (5), FGA (16) oraz locus fragmentu genu amelogeniny specyficzny dla płci (26). Zgodność z równowagą Hardy-Weinberga badano stosując test dokładny Guo

i Thompsona (9) przy użyciu oprogramowania Arlequin v1.1 (24). Stopień zróżnicowania genowego (Gene Diversity) obliczano według Nei (19), współczynnik informacji o polimorfizmie (Polymorphism Information Content, PIC) według Botsteina i wsp. (2), typowy indeks ojcostwa (Typical Paternity Index, TPI) według Brennera i Morrisa (3), prawdopodobieństwo przypadkowej zgodności (Matching Probability, MP) i siłę dyskryminacji (Discrimination Power, DP) według Jonesa (11). W obliczeniach parametrów przydatności w badaniach medyczno-sądowych wykorzystano oprogramowanie PowerStats v1.2 (Promega Corp.) (28). Porównania międzypopulacyjne wykonano z użyciem testu RxC (G.Carmody, Ottawa, Kanada).

WYNIKI

Tabela I przedstawia obserwowane częstości alleli 10 loci STR oraz wartości parametrów przydatności w badaniach medyczno-sądowych obliczone na podstawie badania próbek DNA pobranych od 620 osób urodzonych na terenie Podlasia. Nie stwierdzono odchyłeń od równowagi Hardy-Weinberga dla żadnego z analizowanych układów. Obliczone wartości PD zawierały się w zakresie od 0,890 (D16S539) do 0,970 (D2S1338 i D18S51), zaś wartości PE od 0,510 (TH01) do 0,790 (FGA). Łączne wartości PE i MP dla 10 loci wynoszą odpowiednio 0,99997 oraz $4,18 \times 10^{-13}$ w badanej próbce populacyjnej. Test χ^2 -test według Carmody'ego nie wykazał znaczących różnic między badaną populacją a populacjami innych regionów Polski (17, 22, 30, 31) (Tabela II).

Tabela I. Obserwowane częstości alleli 10 loci STR w populacji Podlasia (Polska północno-wschodnia).

Table I. Distribution of the observed allele frequencies for the 10 STR loci in the population of Podlasie (NE Poland).

Allele	D3S1358	VWA	FGA	TH01	D16S539	D2S1338	D21S11	D18S51	D8S1179	D19S433
5	-	-	-	0,004	-	-	-	-	-	-
6	-	-	-	0,246	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	0,121	-	-	-	-	-	-
8	-	-	-	0,114	0,006	-	-	-	0,005	-
9	-	-	-	0,189	0,060	-	-	-	0,015	-
9,3	-	-	-	0,314	-	-	-	-	-	-
10	-	-	-	0,011	0,030	-	-	0,012	0,060	-

c.d. tabeli I

11	-	-	-	-	0,306	-	-	0,008	0,115	0,014
12	-	-	-	-	0,349	-	-	0,089	0,168	0,081
12,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,003
13	-	0,004	-	-	0,194	-	-	0,089	0,320	0,196
13,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,028
14	0,152	0,097	-	-	0,046	-	-	0,161	0,215	0,299
14,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,022
15	0,248	0,108	-	-	-	-	-	0,190	0,095	0,193
15,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,070
16	0,207	0,157	-	-	-	0,050	-	0,149	0,025	0,053
16,2	-	-	-	-	-	0,000	-	-	-	0,022
17	0,207	0,313	-	-	-	0,213	-	0,129	0,005	0,006
17,2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,011
18	0,167	0,213	0,013	-	-	0,098	-	0,097	-	0,002
19	0,019	0,090	0,077	-	-	0,113	-	0,028	-	-
20	-	0,015	0,148	-	-	0,129	-	0,028	-	-
21	-	0,004	0,175	-	-	0,044	-	0,012	-	-
22	-	-	0,181	-	-	0,019	-	0,008	-	-
23	-	-	0,144	-	-	0,091	-	-	-	-
24	-	-	0,141	-	-	0,120	-	-	-	-
25	-	-	0,057	-	-	0,113	-	-	-	-
26	-	-	0,050	-	-	0,013	-	-	-	-
27	-	-	0,014	-	-	-	0,037	-	-	-
28	-	-	-	-	-	-	0,171	-	-	-
29	-	-	-	-	-	-	0,146	-	-	-
30	-	-	-	-	-	-	0,230	-	-	-
30,2	-	-	-	-	-	-	0,062	-	-	-
31	-	-	-	-	-	-	0,068	-	-	-
31,2	-	-	-	-	-	-	0,112	-	-	-
32	-	-	-	-	-	-	0,037	-	-	-
32,2	-	-	-	-	-	-	0,059	-	-	-
33,2	-	-	-	-	-	-	0,062	-	-	-

c.d. tabeli

34,2	-	-	-	-	-	-	0,016	-	-	-
H	0,810	0,840	0,900	0,750	0,840	0,820	0,720	0,880	0,760	0,830
PIC	0,770	0,780	0,850	0,740	0,700	0,860	0,850	0,860	0,770	0,800
DP	0,920	0,930	0,960	0,920	0,890	0,970	0,960	0,970	0,930	0,940
TPI	2,59	3,05	4,97	2,00	1,79	2,84	3,22	4,13	2,08	2,89
PE	0,610	0,670	0,790	0,510	0,460	0,640	0,680	0,750	0,530	0,650
MP	0,080	0,070	0,040	0,080	0,110	0,030	0,040	0,030	0,070	0,060
LR	0,805	0,131	0,386	0,302	0,589	0,236	0,612	0,623	0,721	0,352
P	0,835	0,155	0,552	0,355	0,624	0,247	0,648	0,639	0,791	0,398

H (observed heterozygosity), PIC (polymorphism information content), PD (power of discrimination), TPI (typical paternity index), PE (power of exclusion), MP (matching probability), LR (likelihood ratio), P (Hardy-Weinberg equilibrium, exact test)

Tabela II. Porównanie homogenności rozkładów alleli AmpFISTR SGM Plus przy użyciu tabeli kontyngencji RxC.

Table II. Comparisons of homogeneity distributions of AmpFISTR SGM Plus alleles using a RxC contingency table.

	P x S P (31)			P x N P (22)			P x N-W P (17)			P x C P (30)		
	χ^2	d.f.	P	χ^2	d.f.	P	χ^2	d.f.	P	χ^2	d.f.	P
D3S1358	1,24	6	0,97	1,98	6	0,92	2,96	6	0,82	0,95	6	0,98
VWA	4,10	8	0,86	2,03	8	0,99	3,16	8	0,92	3,11	8	0,93
FGA	7,82	13	0,85	6,22	13	0,94	11,32	13	0,62	7,90	13	0,84
TH01	0,92	5	0,97	-	-	-	-	-	-	2,12	5	0,86
D16S539	3,64	7	0,82	-	-	-	-	-	-	1,33	7	0,96
D2S1338	8,24	12	0,78	-	-	-	-	-	-	6,84	12	0,92
D21S11	9,36	13	0,74	5,27	13	0,96	-	-	-	7,80	13	0,80
D18S51	9,93	12	0,70	5,64	12	0,92	-	-	-	4,60	12	0,95
D8S1179	1,98	8	0,97	4,28	8	0,83	-	-	-	3,50	8	0,88
D19S433	5,46	11	0,91	-	-	-	-	-	-	3,60	11	0,98

P - Podlasie, S P - Southern Poland, N P - Northern Poland, N-W P - Northwestern Poland, C P - Central Poland, χ^2 - chi-square test, d.f. - degrees of freedom, P - probability

DYSKUSJA

Korzystne wartości wskaźników przydatności w badaniach medyczno-sądowych wskazują na wysoką skuteczność systemu AmpFISTR SGM Plus w analizie polimorfizmu DNA w śladach biologicznych oraz sprawach o dochodzenie ojcostwa. Ponadto, stosunkowo wysokie wartości PD wykazywane przez loci D3S1358 (0,920) i D19S433 (0,940), jak również niewielkie długości ich fragmentów (100-150 bp) czynią te układy szczególnie przydatnymi w analizie zdegradowanych próbek (4, 14, 20). Jednoczesna amplifikacja sekwencji STR w reakcji multipleksowej pozwala na znaczne ograniczenie próbki materiału przeznaczonej do oznaczenia profilu genetycznego (14).

Dochodzenie ojcostwa jest oparte na zasadzie, że w danym locus u dziecka jeden z alleli pochodzi od matki, zaś drugi od ojca. Jeśli badany mężczyzna nie posiada jednego lub obu alleli stwierdzonych u dziecka, jego ojcostwo może być wykluczone. Nie ma podstaw do wykluczenia w przypadku zgodności cech między domniemanym ojcem a dzieckiem. W takich sytuacjach obliczane są wskaźniki typowego indeksu ojcostwa (TPI) oraz prawdopodobieństwa ojcostwa (Probability of Paternity, PP). Przy założeniu a priori, że domniemany ojciec jak 1 inny, niespokrewniony i losowo wybrany mężczyzna mają równe szanse spółdzenia badanego dziecka, PP można obliczyć dzieląc TPI przez $1 + TPI$. Z uwagi na występowanie dość częstych alleli, nierzadko wartość PP wynosi poniżej 0,999999 - najniższego progu dla uznania ojcostwa za praktycznie udowodnione w polskiej strukturze medyczno-prawnej. W wielu krajach ojcostwo jest uznane już, gdy wspomniane prawdopodobieństwo osiąga 0,999. Z naszego doświadczenia wynika, że badanie 10 systemów STR opisanych w niniejszej pracy nie wystarcza do ustalenia ojcostwa we wszystkich przypadkach. Także inni autorzy wskazywali, że dla otrzymania jednoznacznie pewnych wyników panel badanych loci powinien być większy (15, 27, 29, 34). Rozszerzenie ekspertyzy o inne markery genetyczne jest szczególnie istotne w przypadkach gdy matka lub domniemany ojciec nie są dostępni, a brakujący profil jest odtwarzany na podstawie badań rodzinnych (13).

WNIOSKI

Zgodność z prawem Hardy-Weinberga pozwala na stosowanie wszystkich analizowanych loci w badaniach pokrewieństwa oraz identyfikacji.

Brak znaczących różnic między badaną populacją a populacjami innych regionów Polski sugeruje możliwość łącznego stosowania danych statystycznych dla tych grup.

Parametry $MP = 4,18 \times 10^{-13}$ i $PE = 0,99997$ badanego systemu multipleksowego obliczone dla naszej próbki populacyjnej świadczą o jego dużej przydatności w badaniach medyczno-sądowych.

PIŚMIENNICTWO

I. Bar W, Brinkmann B, Budowle B, Carracedo A, Gili P, Lincoln P, Mayr W, Olaisen B: DNA recommendations. Further report of the DNA commission of the IFSH regarding the use of short tandem repeat systems. *Int J Legal Med*, 1997; 110: 175-176-2. Botstein D, White RL, Skolnick M, Davies RW: Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *Am J Hum Genet*, 1980; 32: 314-331 -3. Brenner C, Morris JW: Paternity index calculations in single locus hypervariable DNA probes validation and other studies. *Proceedings from International Symposium of Human Identification*. Promega Corp. 1989; 23-53. -4. Cotton EA, Allsop RF, Guest JL et al.: Validation of the AmpFISTR SGM plus system for use in forensic casework. *Forensic Sci Int*, 2000; 112: 151-61. -5. Edwards A, Hammond HA, Jin L, Caskey CT, Chakraborty R: Genetic variation at five trimeric and tetrameric tandem repeat loci in four human population groups. *Genomics*, 1992; 12: 241-53. -6. Garofano L, Pizzamiglio M, Bizzaro GP, Donato F, Rossetti M, Budowle B: Italian population data on two new short tandem repeat loci: D6S477 and D19S433. *Forensic Sci Int*, 1999; 101: 203-8. -7. Garofano L, Pizzamiglio M, Donato F, Biondi F, Rossetti M, Budowle B: Italian population data on two new short tandem repeat loci: D2S1338 and Penta E. *Forensic Sci Int*, 1999; 105: 131-6. -8. Gili P: Role of short tandem repeat DNA in forensic casework in the UK—past, present, and future perspectives. *Biotechniques*, 2002; 32: 366-8. -9. Guo SW, Thompson EA: Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics*, 1992; 48: 361-72. -10. Hammond HA, Jin L, Zhong Y, Caskey CT, Chakraborty R: Evaluation of 13 short tandem repeat loci for use in personal identification applications. *Am J Human Genet*, 1994; 55: 175-89.

II. Jones DA: Blood samples: probabilities of discrimination. *J Forensic Sci Soc*, 1972; 12: 355-359. -12. Kimpton CP, Walton A, Gili P: A further tetranucleotide repeat polymorphism in the vWF gene. *Hum Mol Genet*, 1992; 4: 287. -13. Kozioł P, Krajka A: Genetic data analysis of paternity in cases requiring phenotype reconstruction. *Arch Med Sad Krym*, 2000; 3: 267-276 -14. Li H, Schmidt L, Wei MH, Hustad T, Lerman MI, Zbar B, Tory B: Three tetranucleotide polymorphisms for loci: D3S1352, D3S1358, D3S1359. *Hum Mol Genet*, 1993; 2: 1327. -15. Mertens G, Mommers N, Heylen H, Gielis M, Muylle L, Vandenberghe A: Allele frequencies of nine STR systems in the Flemish population and application in parentage testing. *Int J Legal Med*, 1997; 110: 177-80. -16. Mills KA, Even D, Murray JC: Tetranucleotide repeat polymorphism at the human alpha fibrinogen locus (FGA). *Hum Mol Genet*, 1992; 1: 779. -17. Miścicka-Sliwka D, Czarny J, Berent JA, Grzybowski T, Wozniak M: Population genetics of the STRs vWA, D3S1358 and FGA in the Pomerania-Kujawy region of Poland. *Int J Legal Med*, 1999; 112: 391-2. -18. Moretti TR, Baumstark AL, Defenbaugh DA, Keys KM, Brown AL, Budowle B: Validation of STR typing by capillary electrophoresis. *J Forensic Sci*, 2001; 46: 661-76. -19. Nei KM: Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 1978; 89: 583-590. -20. Oldroyd NJ, Urquhart AJ, Kimpton CP,

Millican ES, Watson SK, Downes T, Gili PD: A highly discriminating octoplex short tandem repeat polymerase chain reaction system suitable for human individual identification. *Electrophoresis*, 1995; 16: 334-7.

21. Parson W, Steinlechner M: Efficient DNA database laboratory strategy for high throughput STR typing of reference samples. *Forensic Sci Int*, 2001; 22: 1-6. -22. Pawłowski R, Maciejewska A: Forensic validation of a multiplex containing nine STRs - population genetics in Northern Poland. *Int J Legal Med*, 2000; 114: 45-49. -23. Ricci U, Sani I, Guarducci S et al: Infrared fluorescent automated detection of thirteen short tandem repeat polymorphisms and one gender-determining system of the CODIS core system. *Electrophoresis*, 2000; 21: 3564-70. -24. Schneider S, Kueffer JM, Roessli D, Excoffier L: Arlequin (ver.1.0) a software environment for the analysis of population genetics data. *Genetics and Biometry Lab, University of Geneva, Switzerland*, 1997. -25. Sharma V, Litt M: Tetranucleotide repeat polymorphism at the D21S11 locus. *Hum Mol Genet*, 1992; 1: 67. -26. Sullivan KM, Mannucci A, Kimpton CP, Gili P: A rapid and quantitative DNA sex test: fluorescence-based PCR analysis of X-Y homologous gene amelogenin. *Biotechniques*, 1993; 15: 636-641. -27. Szczerkowska Z, Wysocka J, Kapińska E, Cybulska L: Genetic variation at 14 VNTR loci in the North Poland population. *Arch Med Sad Krym*, 2001; 3: 227-232. -28. Tereba A: Tools for Analysis of Population Statistics. Profiles in DNA, 1999; 3 Promega Corporation (www.Dromeaa.com/geneticidtools/Dowerstats/). -29. Thomson JA, Pilotti V, Stevens P, Ayres KL, Debenham PG: Validation of short tandem repeat analysis for the investigation of cases of disputed paternity. *Forensic Sci Int*, 1999; 100: 1-16. -30. Tucholska-Lenart A, Wujec J, Samborski J, Grejcz Jakubowska E: Allele frequencies for 10 STR loci in a population from central Poland. *Forensic Sci Int*, 2002; 129: 131-133.

31. Turowska B, Sanak M, Opolska-Bogusz B: Allele frequencies of 10 STR loci from the amp FISTR SGM Plus in the South Polish population. Preliminary study. *Arch. Med. Sąd Krym*, 2001; 51: 93-97. -32. Urquhart A, Oldroyd NJ, Kimpton CP, Gili P: Highly discriminating heptaplex short tandem repeat PCR system for forensic identification. *Biotechniques*, 1995; 18: 116-121. -33. Wiegand P, Bajanowski T, Brinkmann B: PCR typing of debris from fingernails. *Int J Legal Med*, 1993; 106: 81-84. -34. Zupanic Pajnic I, Sterlinko H, Balazic J, Kornel R: Parentage testing with 14 STR loci and population data for 5 STRs in the Slovenian population. *Int J Legal Med*, 2001; 114:178-80

Adres pierwszego autora:
Zakład Medycyny Sądowej AM
ul. Waszyngtona 13
15-269 Białystok

Małgorzata Chowaniec, Czesław Chowaniec

Uwagi do obowiązujących kryteriów orzekania o niezdolności do pracy dla celów rentowych

Remarks on operative regulations relating to decision making about inability to work in pension cases

Z Katedry Medycyny Sądowej Śląskiej AM w Katowicach
Kierownik: dr hab. n. med. Z. Olszowy - profesor Śląskiej AM

W 1996 i 1997 roku w Polsce dokonano zmian ustaw o zaopatrzeniu emerytalnym i ubezpieczeniu społecznym oraz wprowadzono znowelizowane zasady orzekania o niezdolności do pracy dla celów rentowych. Dla celów rentowych w miejsce zlikwidowanych grup inwalidzkich wprowadzono orzekanie oparte na stopniu niezdolności do pracy, natomiast orzekające w systemie dwuinstancyjnym komisje lekarskie ds. inwalidztwa i zatrudnienia zastąpiono lekarzami orzecznikami Zakładu Ubezpieczeń Społecznych. Wraz z wprowadzonymi zmianami obserwujemy zwiększony napływ spraw kierowanych przez Wydziały Pracy i Ubezpieczeń Społecznych Sądów Okręgowych do Zakładu Medycyny Sądowej ŚAM, co wymaga szerszej analizy sądowo-lekarskiej. Podjęto próbę analizy przyczyn wzrostu liczby odwołań ubezpieczonych od decyzji ZUS oraz rozbieżności stanowisk w orzekaniu o niezdolności do pracy.

In years 1996 and 1997 both the Pension Act and the Social Insurance Act were changed in Poland and as a consequence of this, all the regulations relating to decision making about the inability to work. Having suppressed the so-called disability groups, such terms as permanent or temporary inability to work were introduced. Medical boards deciding on disability were replaced by predicative physicians working for the Social Insurance Department. Recently a rise in number of cases relative to the verification of the decisions passed by the SID and sent by either employer or Social Insurance Departments of district courts to the Department of Forensic Medicine Silesian Academy in Katowice has been observed. The authors have tried to analyse the cause of a rise in the number of appeals to a decision of the SID submitted by the insured.

Słowa kluczowe: opiniowanie sądowo-lekarskie, niezdolność do pracy.

Key words: medico-legal opinions, inability to work.

W Polsce w 1996 i 1997 roku zostały zmienione ustawy o zaopatrzeniu emerytalnym i ubezpieczeniu społecznym. Z dniem 01.09.1997 roku weszła w życie ustawa