

- Ruch Prawniczy, Ekonomiczny i Socjologiczny*, nr 2/1987, s. 79-96.
- [14] Krajewski K., Pozytywizm kryminologiczny i jego krytyka, *Archiwum Kryminologii*, t.XVIII (1992), s. 7-50.
- [15] Krajewski K. *Teorie kryminologiczne a prawo karne*, Dom Wydawniczy ABC, Warszawa 1995.
- [16] Lernell L., *Zarys kryminologii ogólnej*, wyd. II, Państwowe Wydawnictwo Naukowe, Warszawa 1978.
- [17] Sack F., Probleme der Kriminalsoziologie, (w:) R.König (red) *Handbuch der empirischen Sozialforschung*, Bd.12, Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart 1978, str.192-492.
- [18] Świda W., Wiadomości wstępne, (w:) Świda W. (red.) *Kryminologia*, Państwowe Wydawnictwo Naukowe, Warszawa 1977, s. 11-56.
- [19] Tyszkiewicz L., *Badania osobopoznawcze w procesie karnym*, Wydawnictwo Prawnicze, Warszawa 1975.
- [20] Widacki J., Przedmiot i zakres kryminalistyki, (w:) Widacki J. (red.) *Kryminalistyka*, Wydawnictwo C.H. Beck, Warszawa 1999, s. 1-5.

Adres autora:

Uniwersytet Jagielloński
Katedra Kryminologii
ul. Olszewskiego 2
31-007 Kraków

Bożena Turowska*, Marek Sanak, Barbara Opolska-Bogusz***

Wstępne badanie populacji Polski Południowej w zakresie 10 STR loci z zestawu AmpFISTR SGM Plus

Allele frequencies of 10 STR loci from the AmpFISTR SGM Plus in the South Polish population. Preliminary study

* Z Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej CM UJ w Krakowie

Kierownik: dr hab. F. Trela - profesor UJ

** Z Katedry Chorób Wewnętrznych CM UJ w Krakowie

Kierownik: prof. dr hab. A. Szczeklik

W pracy przedstawiono wyniki badań częstości alleli 10 loci typu STR uzyskane przy zastosowaniu zestawu AmpFISTR SGM Plus firmy AB Applied Biosystems. Wyizolowane DNA ze 136 próbek krwi amplifikowano metodą PCR a produkty amplifikacji identyfikowano przy zastosowaniu elektroforezy płytowej na automatycznym sekwenatorze ABI Prism 377. We wszystkich loci stwierdzono zgodność z równaniem Hardy'ego-Weinberga. Stwierdzono bardzo dużą przydatność zestawu SMP Plus do badań z zakresu medycyny sądowej.

This paper presents the allele frequencies for the 10 STR loci included in the AmpFISTR SGM Plus kit (AB Applied Biosystems, USA). DNA isolated from 136 blood samples, were amplified by the use of the PCR method. Electrophoresis was carried using an automated DNA sequencer - model ABI Prism 377. Distribution of allele frequencies indicated no deviation from the Hardy-Weinberg equilibrium. High discrimination power the SGM Plus kit is highly useful for forensic medicine.

Słowa kluczowe: multiplex PCR, STR, badania populacyjne

Keywords: multiplex PCR, STR, population data

Oznaczanie sekwencji DNA - STR znalazło między innymi zastosowanie w medycynie sądowej. Stosowanie zestawów multiplexowych przy metodzie PCR pozwala na jednoczesne określenie alleli w kilku systemach STR. Dlatego ten metodyczny postęp znalazł natychmiastowe zastosowanie przy badaniach śladów biologicznych i w dochodzeniu spornego ojcostwa.

W pracy przedstawiono wyniki badań częstości alleli 10 loci typu STR przy zastosowaniu zestawu AmpFISTR SGM plus firmy AB Applied Biosystems w populacji Polski Południowej. Zestaw ten obejmuje następujące loci- D3S1358 vWA, D16S539, D2S1338, D8S1179, D21S11, D18S51, D19S433, TH01, FGA oraz marker płci - locus amelogeniny.

MATERIAŁ I METODYKA

Materiałem badawczym było 136 próbek płynnej krwi pobranej na EDTA od kobiet i mężczyzn zgłaszających się do Zakładu Medycyny Sądowej CMUJ z rejonu Polski Południowej w sprawach o ustalenie ojcostwa. DNA izolowano metodą nieenzymatyczną (2). Stężenie DNA określano spektrofotometrycznie. Amplifikację przygotowanych próbek DNA dla loci zawartych w zestawie AmpFISTR SGM plus firmy AB Applied Biosystems wykonano zgodnie z podanymi warunkami przez producenta. Frakcjonowanie systemów wchodzących w skład multiplexu przeprowadzono z wykorzystaniem automatycznego sekwenatora ABI Prism 377. Ocenę długości fragmentów DNA i genotypowania przeprowadzono z wykorzystaniem programu komputerowego ABI Prism Genotyper 2.5 oceniającego długości badanych fragmentów DNA i przyporządkującego im nazwy na podstawie porównania z drabinami allelicznymi.

Parametry statystyczne obliczono jak podano w poprzedniej pracy (4).

WYNIKI I OMÓWIENIE

W tabeli I na podstawie badania 136 osób, kobiet i mężczyzn zamieszkujących Polskę Południową przedstawiono częstości alleli dla 10 loci, obecnych w zestawie SGM Plus. Liczba wykrywanych alleli w poszczególnych loci była różna. Najmniejszą liczbę wykazano w locus TH01 (6 alleli), największą w loci S21S11 (14 alleli). Nie stwierdzono odchylenia od prawa Hardy-Weinberga. Dla populacji Polski Południowej stwierdzono najbardziej polimorficzne loci D21S11, D18S51, FGA i D2S1338.

Uzyskane częstości alleli w poszczególnych loci badane przy użyciu zestawu SGM Plus - jakkolwiek na małej próbce populacyjnej (tylko 136 osób) są podobne do tych jakie uzyskali Drobnic i in. (1) którzy badali populację ze Słowenii i stosowali ten sam zestaw do amplifikacji, jak również zbliżone do wyników, jakie uzyskał Pawłowski i in. (3) używając zestawu Profiler Plus.

W tabeli II podano informacje o parametrach statystycznych w aspekcie przydatności badanych loci dla medycyny sądowej. Otrzymane wartości statystyczne wskazują na bardzo dużą przydatność wysoce polimorficznych loci przy rozwiązywaniu różnych problemów z zakresu badań genetycznych. Przydatność jest tym większa, że jednorazowe badanie obejmuje 10 loci i tym samym w zasadniczy sposób skraca czas oczekiwania na wyniki a odczyt jest automatyczny, przy użyciu laserowego sekwenatora.

Tabela I. Częstości alleli dla AmpFISTR SGM Plus loci w populacji Polski Południowej

Table I. Allele frequencies for AmpFISTR SGM Plus loci in a South Polish population

Allele	D16S539	D2S1338	D3S1358	vWA	D18S51	D21S11	D8S1179	D19S433	FGA	TH01
6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.217
7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.125
8	0.007	-	-	-	-	-	0.011	-	-	0.118
9	0.088	-	-	-	-	-	0.011	0.004	-	0.173
9.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.349
10	0.037	-	-	-	0.011	-	0.063	-	-	0.018
11	0.290	-	0.004	-	0.015	-	0.074	-	-	-
12	0.346	-	-	-	0.099	-	0.195	0.103	-	-
12.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
13	0.191	-	-	-	0.103	-	0.327	0.191	-	-
13.2	-	-	-	-	-	-	-	0.011	-	-
14	0.037	-	0.158	0.114	0.140	-	0.154	0.353	-	-
14.2	-	-	-	-	-	-	-	0.029	-	-
15	0.004	0.004	0.272	0.125	0.165	-	0.118	0.176	-	-
15.2	-	-	-	-	-	-	-	0.048	-	-
16	-	0.037	0.250	0.158	0.169	-	0.048	0.070	-	-
16.2	-	-	-	-	-	-	-	0.011	-	-
17	-	0.221	0.173	0.268	0.154	-	-	0.004	-	-
17.2	-	-	-	-	-	-	-	0.004	-	-
18	-	0.096	0.129	0.239	0.066	-	-	-	0.015	-
19	-	0.110	0.015	0.088	0.037	-	-	-	0.107	-
20	-	0.147	-	0.007	0.029	-	-	-	0.140	-
20.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21	-	0.037	-	-	0.007	-	-	-	0.165	-
21.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	-	0.015	-	-	0.004	-	-	-	0.173	-
22.2	-	-	-	-	-	-	-	-	0.011	-
23	-	0.103	-	-	-	-	-	-	0.129	-
23.2	-	-	-	-	-	0.004	-	-	0.015	-
24	-	0.103	-	-	-	-	-	-	0.103	-
24.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
25	-	0.114	-	-	-	0.004	-	-	0.085	-
26	-	0.011	-	-	-	0.004	-	-	0.037	-
27	-	0.004	-	-	-	0.037	-	-	0.015	-
28	-	-	-	-	-	0.169	-	-	0.007	-
29	-	-	-	-	-	0.202	-	-	-	-
29.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30	-	-	-	-	-	0.239	-	-	-	-
30.2	-	-	-	-	-	0.081	-	-	-	-
31	-	-	-	-	-	0.044	-	-	-	-
31.2	-	-	-	-	-	0.085	-	-	-	-
32	-	-	-	-	-	0.011	-	-	-	-
32.2	-	-	-	-	-	0.107	-	-	-	-
33.2	-	-	-	-	-	0.011	-	-	-	-
34.2	-	-	-	-	-	0.004	-	-	-	-

Tabela II. Statystyczne parametry przydatności 10 badanych loci w medycynie sądowej

Table II. Statistical parameters of the usefulness of 10 loci in forensic medicine

System	PM	ME	PE	DP	He	Ho
D3S1358	0.3521	0.5334	0.6307	0.9245	0.794769	0.838235
vWA	0.3550	0.5653	0.6599	0.9369	0.812405	0.794118
D16S539	0.3478	0.4811	0.5718	0.8969	0.751872	0.727941
D2S1338	0.3616	0.6837	0.7622	0.9703	0.874376	0.838235
D8S1179	0.3551	0.5750	0.6593	0.9380	0.808417	0.852941
D21S11	0.3595	0.6350	0.7187	0.9578	0.847867	0.830882
D18S51	0.3612	0.6851	0.7646	0.9706	0.876438	0.875000
D19S433	0.3527	0.5512	0.6357	0.9288	0.791757	0.801471
TH01	0.3500	0.5140	0.6039	0.9138	0.774148	0.801471
FGA	0.3615	0.6897	0.7683	0.9715	0.878636	0.860294
Razem Total	0.987664641	0.999889940	0.999990354	1.000000000	0.821068	0.822059

PIŚMIENNICTWO

1. Drobnic K., Regent A., Budowle B.: STR data for the AmpFISTR SGM plus from Slovenia. *Forensic Sci. Inter.* 2001, 115, 107-109 -2. Lahiri D.K., Bye S., Numberger J.I., Hodes M.E., Crisp M.: A non-organic and non-enzymatic extraction method gives higher yields of genomic DNA from whole blood samples than do nine other methods tested. *J. Biochem. Biophys. Methods.* 1992, 25, 193-205 -3. Pawłowski R., Dettlaff-Kąkol A., Jezierski G., Maciejewska A., Paszkowska R., Reichert M.: Genetyka populacyjna dziewięciu loci typu STR z zestawu Profiler Plus w próbkę populacyjnej z obszaru Polski. *Arch. Med. Sąd. Krym.*, 2000, L, 207-213 -4. Turowska B., Sanak M., Opolska-Bogusz B.: Częstość alleli układów STR: LPL, F13B i HPRTB w populacji Polski Południowej. *Arch. Med. Sąd. Krym.*, 1999, 49, 149-152

Adres pierwszego autora:
Katedra Medycyny Sądowej CM UJ
ul. Grzegorzewska 16
30-531 Kraków

Agnieszka Maciejewska*, Ryszard Pawłowski****

Wpływ metody izolacji DNA na stosunek wysokości alleli X i Y genu *amelogeniny* systemu Profiler Plus

Influence of DNA isolation methods on amelogenin X and Y allele ratios of the ProfilerPlus kit

* Z Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej AM w Gdańsku
m Kierownik: dr hab. Z. Szczerkowska - profesor AM
" Z Instytutu Ekspertyz Sądowych w Krakowie
Dyrektor: Aleksander Głazek

Celem pracy było zbadanie wpływu metody izolacji DNA oraz warunków elektroforezy kapilarnej na stosunek alleli X i Y *amelogeniny*. Analiza stosunku wysokości alleli X i Y genu *amelogeniny* przy użyciu trzech różnych metod izolacji wykazała, iż metoda fenol-chloroform daje najbardziej zróżnicowane relacje wysokości tych alleli. Jedynie dla tej metody stwierdzono skrajny przypadek, gdzie stosunek obu alleli był niższy od 60%. Dla pozostałych dwóch metod izolacji, minimalny stosunek obu alleli nie spadał poniżej 79%. Analizując profile DNA w aspekcie istnienia potencjalnej mieszaniny należy zwrócić uwagę na rodzaj zastosowanej metody izolacji DNA.

The main aim of our study was the analysis of the influence of DNA isolation methods and capillary electrophoresis conditions on the ratio of amelogenin alleles. Three different DNA isolation methods were compared (phenol-chlorophorm (F-CH), Chelex and Blood DNA prep Plus). It was shown that the phenol-chlorophorm method gives the highest differences between X and Y allele ratios. It was observed that using the F-CH method it is possible to obtain a very low Y:X ratio (below 60%). In the case of two other methods the X:Y ratio was not lower than 79%. It was found that allele ratios of heterozygotes depend on the isolation DNA method used.

Słowa kluczowe: ProfilerPlus, mieszaniny DNA, zasady TWGDAM, metody izolacji DNA

Key words: ProfilerPlus, DNA mixtures, TWGDAM rules, DNA isolation methods