

Jarosław Berent, Renata Jacewicz, Stefan Szram

## Iloraz częstości szansy ojcostwa $Q_f$ w przypadku zastąpienia w trójce badanej ojca biologicznego przez jego brata

### Frequency quotient of paternity index $Q_f$ in a case of replacement of the natural father within a trio with his brother

Z Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego w Łodzi  
Kierownik: prof. zw. dr hab. n. med. Stefan Szram

Przypadki, kiedy w trójce badanej mogło dojść do zastąpienia ojca biologicznego przez jego bliskiego krewnego, są jednymi z trudniejszych do opiniowania. Celem pracy było sprawdzenie, z jakimi częstościami dane, konkretne wartości szansy ojcostwa pojawiają się w trójkach z ojcem biologicznym i z bratem ojca biologicznego oraz czy częstości te mogą być podstawą do wychwycenia zastąpienia ojca biologicznego w trójce badanej przez jego brata. Materiałem do pracy była populacja, w której genotypy zbadano zestawem AmpF/STR® SGM Plus™. Stwierdzono, że im wyższe wartości szansy ojcostwa, tym częściej pojawiają się one w trójkach z ojcem biologicznym a rzadziej w trójkach z bratem ojca biologicznego. Zależność ta ma charakter ogólny i dotyczy wszystkich zbadanych układów. Ilorazy częstości  $Q_f$  (zdefiniowane jako częstość danej wartości PI w trójkach z ojcem biologicznym w stosunku do „zredukowanej” częstości tej wartości PI w trójkach z bratem ojca biologicznego) zawierają się w zakresie od około 0,6 do około 1,4, przy czym wartości skrajne są rzadkie, natomiast najczęściej jest takich przypadków, kiedy to  $Q_f$  oscyluje w niewielkich granicach wokół wartości 1. Fakt ten wskazuje, że w większości przypadków obliczone wartości  $Q_f$  niewiele wniosą do rozstrzygnięcia kwestii czy pozwany jest ojcem dziecka, czy też ojcem tego dziecka jest brat pozwanego.

Cases of trios in which the natural father's near blood-relative instead of the natural father are among the hardest to give an expert opinion on. The goal of this study was to determine with what frequencies specific given values of paternity index appear in trios with the natural father

and with the natural father's brother, and whether these frequencies can be the basis for discovering the substitution of the natural father by a brother in a given trio examined. The study material was the population of genotypes investigated in the AmpF/STR® SGM Plus™ system. It was seen that the higher the paternity index values, the more frequently they appear in trios with the natural father, and less frequently in trios with the natural father's brother. This dependency has a general character and obtained in all the systems studied. The frequency quotients  $Q_f$  (defined as the frequency of a given PI value in trios with the natural father in relation to the «reduced» frequency of the PI value in trios with the brother of the natural father) are found in the region of c. 0,6 to c. 1,4, whereby extreme values are rare, and the most frequent are cases where  $Q_f$  oscillates within modest limits around the value 1. This fact shows that the majority of cases, calculated  $Q_f$  values contribute little to resolving the question of whether the defendant-or his brother-is the child's father.

#### WPROWADZENIE

Jako że badania układów grupowych krwi zastosowano do badań ojcostwa już w roku 1924, przed wielu laty opracowano także pierwsze metody interpretacji biostatystycznej wyników. Niekwestionowanym pionierem w tej dziedzinie był Essen-Möller [12], który w 1938 r. opublikował swoją fundamentalną pracę dotyczącą prawdopodobieństwa

ojcostwa W (niem. Wahrscheinlichkeit). Prawdopodobieństwo to obliczane było na podstawie tzw. wartości krytycznej Y/X. Wartość krytyczna sama w sobie nie przyjęła się wśród badaczy, natomiast Gürtler [13] w 1956 r. zaproponował stosowanie jej odwrotności X/Y nazwanej szansą ojcostwa PI (paternity index). W piśmiennictwie niemieckim spotykany jest dodatkowo tzw. logarytmiczny zapis wartości krytycznej, oznaczonej na cześć Essen-Möllera przez Hummela symbolem EM [15,16]. Te trzy parametry, tzn. PI, EM i W stanowią obecnie podstawowy zbiór parametrów biostatystycznych pozwalających na oszacowanie wartości dowodowej ekspertyzy po jej przeprowadzeniu.

PI i EM niosą ze sobą te same informacje podane jedynie w nieco innej postaci. Praktycznie na całym świecie stosuje się PI, a EM używany jest wyłącznie przez niektórych badaczy niemieckich. Obliczenia obu tych wartości oparte są tylko i wyłącznie na wynikach ekspertyzy i dlatego są czysto genetyczne. Natomiast W oblicza się na podstawie wyników ekspertyzy oraz prawdopodobieństwa „a priori”, które stanowi czynnik pozagenetyczny. Dlatego też zarzucano, że W obarczone jest pewnym, niemożliwym do oszacowania, błędem, zamazującym prawdziwy wynik. Zazwyczaj do obliczeń stosuje się „neutralną” wartość prawdopodobieństwa „a priori” równą 0,5, chociaż były też koncepcje przyjmowania innych wartości, opartych na tzw. współczynniku prawdomówności. Obecnie kwestia ta jest już przebrzmiała, bowiem, przy współcześnie uzyskiwanych wartościach szansy ojcostwa, wpływ prawdopodobieństwa „a priori” na W jest znikomy [18]. Dlatego też – pomimo obecności czynnika pozagenetycznego w sposobie obliczeń W – zarówno PI, jak i W niosą praktycznie tę samą informację, tyle tylko, że inaczej wyrażoną. Hummel [16], będący uznanym autorytetem w tej dziedzinie, wskazał, że nie widzi żadnych argumentów przemawiających za przewagą podawania wyniku ekspertyzy w jednej czy drugiej formie, bowiem należy je obie uznać za równorzędne.

Według danych Paternity Testing Workshop of the ESGW of the ISFG w roku 2002 85 % uczestników dla oceny wartości dowodowej ekspertyzy wykorzystywała PI (ew. EM lub W), a tylko 4 % wykorzystywało w tym celu te parametry wraz z siłą wykluczenia PE. Żaden z uczestników nie stosował wyłącznie PE, a 11 % nie prowadziło w ogóle żadnych obliczeń [14].

## CEL PRACY

Celem pracy było sprawdzenie, z jakimi częstościami dane, konkretne wartości szansy ojcostwa, pojawiają się w trójkach z ojcem biologicznym i z bratem ojca biologicznego oraz czy częstości te mogą być podstawą do wychwycenia zastąpienia ojca biologicznego w trójce badanej przez jego brata.

## MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiła populacja stu niespokrewnionych osób zgenotypowana zestawem AmpF/STR® SGM Plus™ [3, 4]. Na przeprowadzenie badań uzyskano zgodę uczelnianej Komisji Bioetyki.

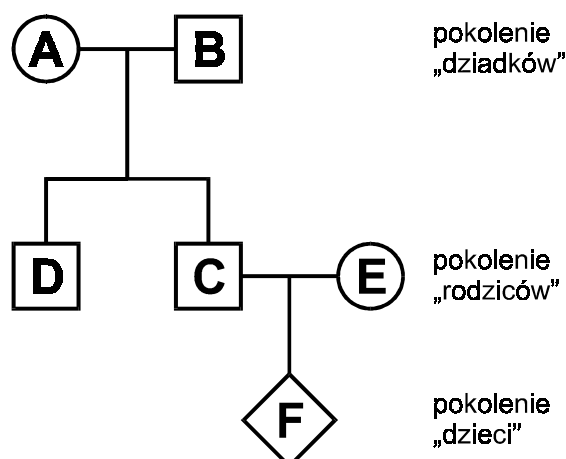
Dla każdego analizowanego układu prowadzono następującą symulację. Kolejno generowano wszystkie teoretycznie możliwe układy genotypów w poniższej rodzinie: nie spokrewnieni ze sobą kobieta A i mężczyzna B (pokolenie „dziadków”) posiadają potomstwo płci męskiej – ojca biologicznego C i jego brata D (pokolenie „rodziców”). Dalej tenże ojciec biologiczny C posiada dziecko F (pokolenie „dzieci”) z kobietą E (matką) nie spokrewnioną z pokoleniem „dziadków”. Rodzinę tę przedstawiono na ryc. 1.

Tworzenie takich rodzin przebiegało następująco. Pierwszemu teoretycznie możliwemu genotypowi „dziadka” B przyporządkowano pierwszy teoretycznie możliwy genotyp „babci” A. Dalej określono wszystkie teoretycznie możliwe genotypy dzieci C i D z takiego związku i każdemu dziecku C przyporządkowano pierwszy teoretycznie możliwy genotyp „matki” E, a w kolejnym kroku określono wszystkie teoretycznie możliwe genotypy dzieci F z takiego związku. Powyższą analizę prowadzono po kolei dla wszystkich teoretycznie możliwych układów genotypów w danym układzie. Przykładowo: dla układu o 10 allelach możliwych jest  $10^2=100$  różnych genotypów (przy rozróżnianiu osób o genotypie pq od osób o genotypie qp, co wynika z algorytmu obliczeń wskazanego poniżej). Zatem każdy „dziadek” B może mieć 100 genotypów, podobnie jak każda „babcia” A. Daje to razem  $100^2=10\ 000$  (dziesięć tysięcy) możliwych układów genotypów dla pary „babcia” A i „dziadek” B. Taka para może mieć  $10\ 000 \cdot 4=40\ 000$  (czterdzieści tysięcy) możliwych genotypów dzieci C i D. Każde z 40 000 dzieci C może tworzyć parę z jedną z 100

możliwych matek E, co daje  $40\,000 \cdot 100 = 4\,000\,000$  (cztery miliony) kombinacji genotypów w parze dziecko C i matka E. W kolejnym pokoleniu każda z tych kombinacji genotypów może mieć  $4\,000\,000 \cdot 4 = 16\,000\,000$  (szesnaście milionów) możliwych genotypów dzieci F.

Ryc. 1. Drzewo genealogiczne symulowanej komputerowo rodziny.

Fig. 1. Genealogical tree of the computer-simulated family.



Po wygenerowaniu w taki sposób kolejnych rodzin prowadzono dla nich obliczenia opisane poniżej. Z uwagi na olbrzymią ilość kombinacji nie istnieje możliwość „ręcznego” ich przeliczenia. Dlatego też wszelkie obliczenia prowadzono przy pomocy napisanego samodzielnie w języku Delphi programu komputerowego (opis tego programu został opublikowany wcześniej [3]). Koncepcja komputerowego „przeliczenia” wszystkich teoretycznie możliwych genotypów została zastosowana przez jednego z autorów także dla innych celów już we wcześniejszych publikacjach [5, 6].

Dla wszystkich analizowanych układów, tj. dla 10 układów mikrosatelitarnych zestawu AmpF/STR® SGM Plus™ z własnej populacji, dla wszystkich teoretycznie możliwych kombinacji układów genotypów w rozważanej rodzinie obliczono, z jaką częstością pojawi się dana konkretna wartość PI pośród wszystkich analizowanych trójek z ojcami biologicznymi (tzn. w trójkach C-F-E) oraz pośród wszystkich analizowanych trójek z braćmi tychże ojców (tzn. w trójkach D-F-E). W kolejnym etapie dokonano „zredukowania” obliczonych częstości dla trójek z bratem ojca biologicznego. Zabieg ten polegał na przeliczeniu uzyskanych częstości po odrzuceniu częstości dla tych trójek dla  $PI=0$ , tj. wszystkie uzyskane częstości (z wyjątkiem tej dla  $PI=0$ ) podzielono przez wartość  $(1-f(PI=0))$ , co spowodowało ich relatywne zwiększenie. Cel tego eta-

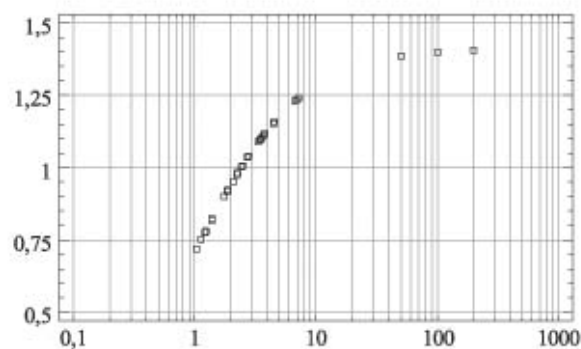
pu omówiono w dyskusji. Następnie dokonano obliczeń ilorazu częstości  $Q_f$  zdefiniowanego jako częstość danej wartości PI w trójkach z ojcem biologicznym (C-F-E) w stosunku do „zredukowanej” częstości tej wartości PI w trójkach z bratem ojca biologicznego (D-F-E). Tak uzyskane wartości ilorazów  $Q_f$  przedstawiono w formie wykresów

## WYNIKI

Na poniższych rycinach 2-11 przedstawiono wyniki obliczeń ilorazu częstości  $Q_f$  dla 10 układów zestawu AmpF/STR® SGM Plus™ z własnej populacji. Z uwagi na zróżnicowanie częstości alleli w tych układach możliwe jest wystąpienie wielu różnych wartości PI (dla kolejnych układów jest to odpowiednio: 33, 48, 53, 74, 75, 92, 95, 74, 40 i 82 różnych wartości) i dlatego przedstawiono je w formie wykresów ilorazu częstości w funkcji szansy ojcostwa  $Q_f=f(PI)$ .

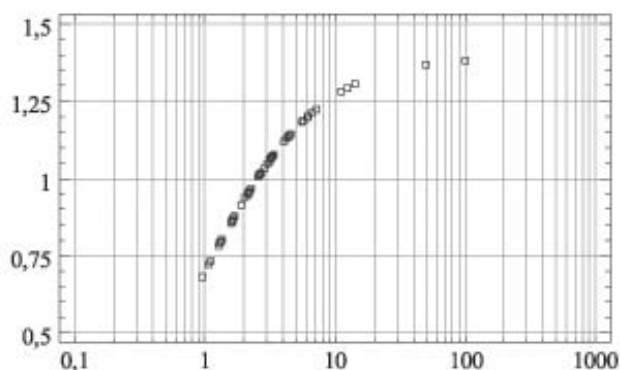
Ryc. 2. Wykres ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI dla układu D3S1358.

Fig. 2. Frequency quotient curve  $Q_f$  in the function of PI for the system D3S1358.



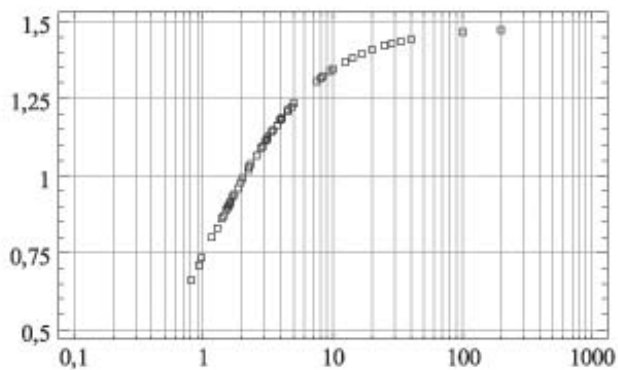
Ryc. 3. Wykres ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI dla układu vWA.

Fig. 3. Frequency quotient curve  $Q_f$  in the function of PI for the system vWA.



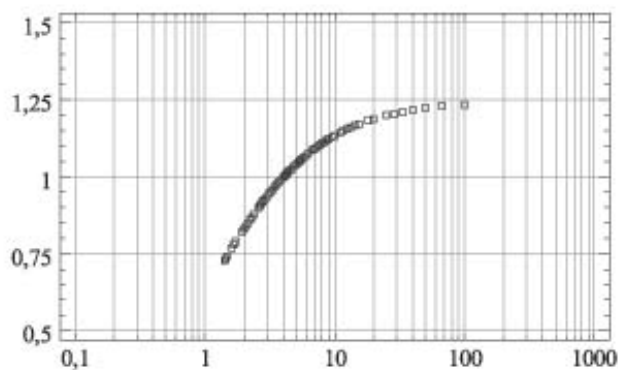
Ryc. 4. Wykres ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI dla układu D16S539.

Fig. 4. Frequency quotient curve  $Q_f$  in the function of PI for the system D16S539.



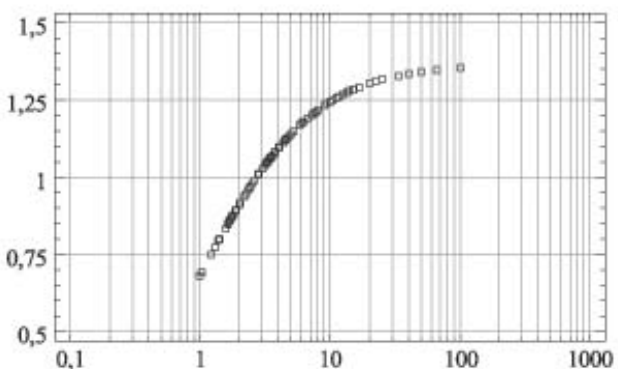
Ryc. 5. Wykres ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI dla układu D2S1338.

Fig. 5. Frequency quotient curve  $Q_f$  in the function of PI for the system D2S1338.



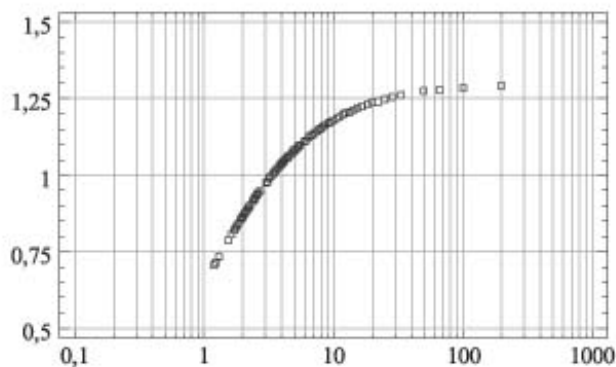
Ryc. 6. Wykres ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI dla układu D8S1179.

Fig. 6. Frequency quotient curve  $Q_f$  in the function of PI for the system D8S1179.



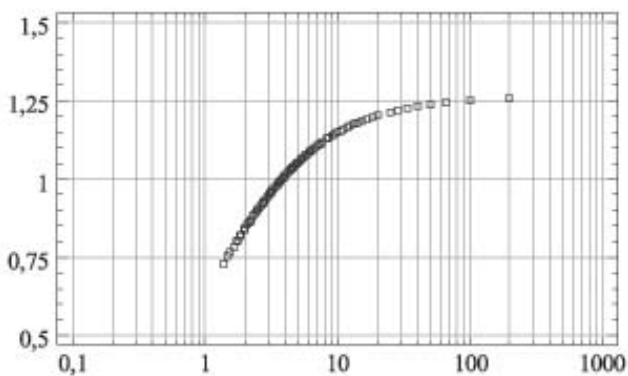
Ryc. 7. Wykres ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI dla układu D21S11.

Fig. 7. Frequency quotient curve  $Q_f$  in the function of PI for the system D21S11.



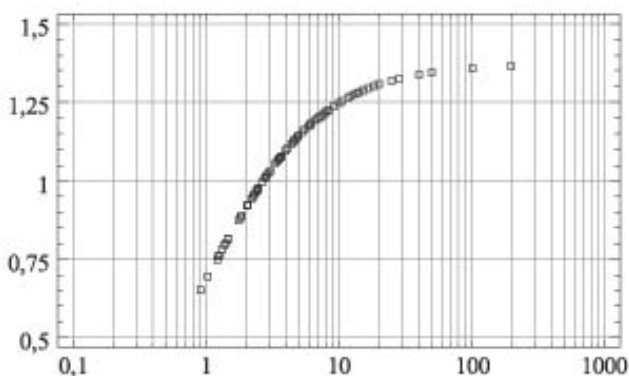
Ryc. 8. Wykres ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI dla układu D18S51.

Fig. 8. Frequency quotient curve  $Q_f$  in the function of PI for the system D18S51.



Ryc. 9. Wykres ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI dla układu D19S433.

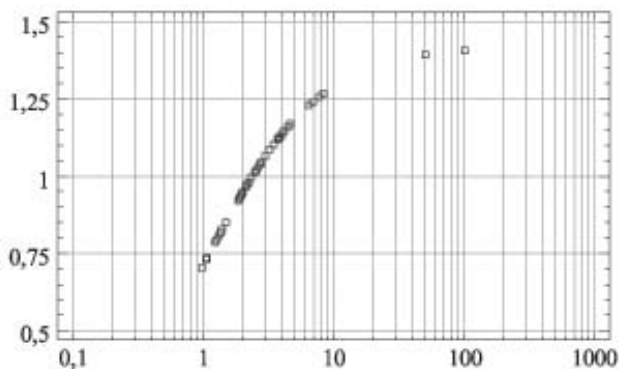
Fig. 9. Frequency quotient curve  $Q_f$  in the function of PI for the system D19S433.





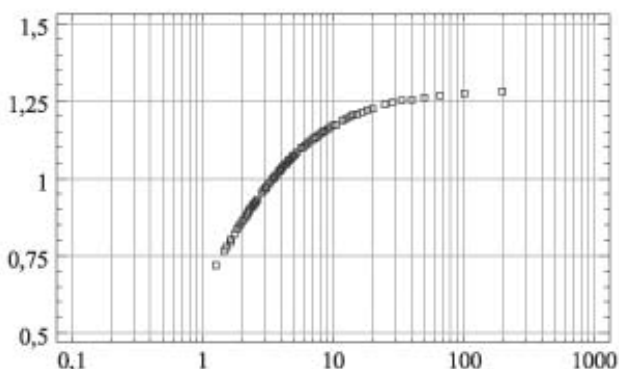
Ryc. 10. Wykres ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI dla układu TH01.

Fig. 10. Frequency quotient curve  $Q_f$  in the function of PI for the system TH01.



Ryc. 11. Wykres ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI dla układu FGA.

Fig. 11. Frequency quotient curve  $Q_f$  in the function of PI for the system FGA.



## DYSKUSJA

Wyjściową metodą badawczą w niniejszej pracy była komputerowa symulacja rodzin zastosowana w celu prześledzenia wszystkich teoretycznie możliwych kombinacji genotypów w takich rodzinach. Pozwoliło to na przeanalizowanie genotypów olbrzymiej ilości, idącej dla niektórych układów w miliony, kombinacji. Taka analiza daje znacznie lepszy wgląd w rozważany parametr biostatystyczny, niż analiza faktycznych rodzin, których z natury rzeczy można przebadac znacznie mniej. Symulacja komputerowa jest często spotykanym narzędziem w badaniach biostatystycznych. Jeden z autorów tej pracy zastosował ją już we wcześniejszych pracach [3, 5, 6] i podobnie jak u innych autorów, np.: Asano i wsp. [1], Ayres [2], Calafell [8], Ege-

land i wsp. [10, 11], Kaye i wsp. [17], Presciuttini i wsp. [20] czy Thomson i wsp. [23], dała ona możliwość pełnego wglądu w analizowane zagadnienie.

W pracy obliczono, jak często dana, konkretna wartość PI pojawia się w trójkach z ojcem biologicznym i w trójkach z bratem ojca biologicznego. Takie podejście było ściśle nakierowane na zastosowanie praktyczne, ponieważ podczas typowej analizy ojcostwa, wynikiem, którym dysponujemy, jest obliczona wartość PI i to na jej podstawie podejmujemy próbę ustalenia stopnia pokrewieństwa. Pewnym estymatorem tego stopnia pokrewieństwa mógłby być stosunek częstości, z jaką takie właśnie wartości PI pojawiają się w trójkach z ojcem biologicznym i w trójkach z jego bratem. Jeżeli stosunek taki byłby większy od 1, to sugerowałoby to, że analizowana trójka jest trójką z ojcem biologicznym, natomiast stosunek mniejszy niż 1 wskazywałby na trójkę z bratem ojca. Oczywiście im obliczony stosunek byłby bardziej odległy od 1, tym silniejszy byłby wniosek końcowy.

Przy obliczaniu stosunku częstości zastosowano jeszcze krok obliczeniowy nazwany „zredukowaniem”. Polegał on na tym, że przed obliczeniem końcowego stosunku częstości w trójkach z bratem podzielono przez człon równy jeden minus częstość, z jaką dla trójek z bratem pojawi się wartość  $PI=0$ , innymi słowy: minus częstość wykluczenia się brata. Uzasadnienie tego kroku było następujące: przypadek  $PI=0$  jest szczególny, bowiem wskazuje na wykluczenie się danego pozwanego. Przy analizie trójek z ojcem biologicznym taka wartość nie pojawia się w ogóle. Natomiast dla trójek z bratem ojca występuje ona z pewną częstością. Oznacza to, że wartości PI inne niż zero pojawią się z częstością wynoszącą: jeden minus częstość PI równego zero. Ze względu na to, że przedmiotem analizy w tej pracy są niezerowe wartości PI (gdyż tylko takie występują w trójkach z ojcem), dlatego niezbędne było takie relatywne zwiększenie częstości niezerowych PI dla trójek z bratem, aby łącznie sumowały się one do jedności. Z matematycznego punktu widzenia osiągnięto to drogą podzielenia przez wartość: jeden minus częstość PI równego zero. Tak zdefiniowany stosunek częstości nazwano ilorazem częstości i oznaczono symbolem  $Q_f$ .

Przy analizowaniu ilorazu częstości  $Q_f$  dla układów rzeczywistych z uwagi na występowanie różnych częstości alleli, możliwe było pojawianie się wielu różnych wartości PI (od 33 do 95 różnych wartości). Wyniki przedstawiono więc graficznie jako wykresy ilorazu częstości  $Q_f$  w funkcji PI.

Pierwszym wnioskiem, nasuwającym się po ich obejrzeniu, jest to, że wyglądają one niemalże iden-

tycznie, pomimo tego, że oparte są na badaniach 10 różnych układów STR o odmiennej ilości rodzajów alleli, ich częstościach, heterozygotyczności i innych parametrach stanowiących o polimorfizmie. Umożliwia to potraktowanie niniejszych wykresów jako podstawy do szerszych uogólnień i pozwala na bezpośrednie przeniesienie tych wyników na inne układy STR.

Przedstawione wykresy prowadzą do wniosku, że im wyższa jest szansa ojcostwa PI w danej trójce, tym wyższa jest też wartość  $Q_f$ . Uzyskane wykresy są zbliżone do przebiegów funkcji potęgowej. Już z samych wykresów wynika natomiast, że ilorazy częstości  $Q_f$  zawierają się w zakresie od około 0,6 do około 1,4, przy czym wartości skrajne są rzadkie, natomiast najczęściej jest takich przypadków, kiedy to  $Q_f$  oscyluje w niewielkich granicach wokół wartości 1. Fakt ten wskazuje, że w większości przypadków obliczone wartości  $Q_f$  niewiele wniosą do rozstrzygnięcia kwestii czy pozwany jest ojcem dziecka, czy też ojcem tego dziecka jest brat pozwanego.

Dodatkowo przebiegi te pokazują, że największe skupienie punktów wykresu występuje dla wartości PI zbliżonych do średniej szanse ojcostwa w układzie, natomiast duże szanse ojcostwa, znacznie odbiegające od średniej, są rzadkie. Potwierdza to znaną zależność, że rzadkie allele (powodujące duże PI), przez swoją właśnie „rzadkość” występowania, niewiele wpływają na wartość dowodową danego układu [5].

Ostatnim spostrzeżeniem, poczynionym na podstawie analizy wykresów, jest to, że szanse ojcostwa dla badanych układów prawie zawsze są wyższe od jedności, a dla niektórych układów  $PI < 1$  nawet w ogóle się nie pojawia (D3S1358, D2S1338, D21S11, D18S51, FGA). Jest to związane ze sposobem obliczeń PI, bowiem PI jest obliczane jako iloraz, który w liczniku ma zawsze wartość jeden, a w mianowniku pewną kombinację liniową częstości alleli [7]. Dlatego  $PI < 1$  wystąpią tylko wtedy, gdy mianownik ułamek będzie większy od jedności. Mianownik ten oblicza się na podstawie częstości alleli, przy czym w mianowniku tym może być co najwyżej podwojona suma częstości dwu alleli. Innymi słowy,  $PI < 1$  może wystąpić tylko wówczas, gdy w populacji znajdują się co najmniej dwa allele, których suma częstości przekroczy 0,5. Taka sytuacja wystąpiła w zakresie kilku układów (vWA, D16S539, D8S1179, D19S433, TH01) i dla nich też wystąpiły PI mniejsze od jedności. Jednakże przypadki, że akurat oba te allele znalazły się w trójce w takiej kombinacji, że wpłynęły na PI są dość rzadkie i dlatego takie małe wartości PI ( $< 1$ ) występują niezbyt często. Innymi słowy, zastosowany panel

układów STR prawie zawsze – o ile nie dojdzie do wykluczenia – spowoduje, że obliczone PI będzie większe niż 1.

Powyższe spostrzeżenie mogło by prowadzić do dosyć kontrowersyjnego wniosku o bezużyteczności obliczeń PI, który można by uzasadnić w ten sposób, że, o ile nie dojdzie do wykluczenia, to i tak obliczone PI będzie wyższe od jedności. Czyli, o ile nie dojdzie do wykluczenia, to obliczenia są bezcelowe, bowiem wynik zawsze będzie faworyzował hipotezę, że pozwany jest ojcem w stosunku do hipotezy alternatywnej, że ojcem jest inny losowo wybrany mężczyzna z populacji. Tezy takie pojawiały się w piśmiennictwie już przed laty w dobie rozkwitu badań klasycznych, np. w pracy Langaney'a i wsp. [19]. Podkreślenia wymaga, że układy klasyczne wówczas stosowane miały niski polimorfizm. Z tego powodu częstości alleli, jakie wówczas stosowano w obliczeniach, były duże i częściej niż obecnie mogły wystąpić wartości  $PI < 1$  [22], ale nawet pomimo tego zazwyczaj otrzymywano  $PI > 1$ , co skutkowało pracami takimi, jak cytowana praca Langaney'a i wsp. [19]. Współcześnie, z racji wyższego polimorfizmu układów STR, szansa ojcostwa  $PI < 1$  prawie nie występuje a PI osiągają zawrotne wartości. W piśmiennictwie nie pojawiają się jednak żadne doniesienia o bezużyteczności obliczeń PI, bowiem problem ten rozwiązano już wcześniej. Dobrym przykładem jest odpowiedź na tezy Langaney'a i wsp. opublikowana przez Valentina [24]. Stwierdza on, że PI (podobnie zresztą jak inne estymatory) jest tylko pewnym matematycznym porównaniem szans prawdziwości hipotezy, że pozwany jest ojcem dziecka w stosunku do szans prawdziwości hipotezy alternatywnej. PI daje zatem tylko pewną informację statystyczną, która jest prawdziwa w badaniu dużej grupy przypadków, chociaż niekoniecznie musi być prawdziwa w pojedynczym przypadku. Badanie ojcostwa nigdy nie da 100 % pewności, bowiem zawsze występuje pewne ryzyko błędnej konkluzji. Valentin stwierdza dalej, że im PI jest wyższe, tym bardziej konkluzja opinii staje się pewniejsza, chociaż nie jednoznacznie pewna. Taki też pogląd obecnie jest powszechnie przyjęty: wynik obliczeń biostatystycznych jest estymatorem wartości dowodowej badania i powinien być podawany, natomiast należy pamiętać, że nie przesądza on o „prawdzie obiektywnej” w pojedynczym przypadku, chociaż wskazuje jak duże jest ryzyko błędnej konkluzji. Należy w tym miejscu zacytować zdanie Chakravarti'ego i wsp. [9] o tym, że prawa genetyki mendelowskiej nigdy nie potwierdzają ojcostwa. Jeszcze bardziej dosadnie pogląd ten wyraził Stoney [21] stwierdzając, że uzyskanie obiektywnej identyfikacji nie jest możliwe, a przenosze-

nie metod statystycznych i praw genetyki populacyjnej na indywidualny przypadek może być ryzykowne.

## WNIOSKI

1. Im wyższe wartości szansy ojcostwa, tym częściej pojawiają się one w trójkach z ojcem biologicznym a rzadziej w trójkach z bratem ojca biologicznego. Zależność ta ma charakter ogólny i dotyczy wszystkich zbadanych układów.

2. Ilorazy częstości  $Q_f$  (zdefiniowane jako częstość danej wartości PI w trójkach z ojcem biologicznym w stosunku do „zredukowanej” częstości tej wartości PI w trójkach z bratem ojca biologicznego) zawierają się w zakresie od około 0,6 do około 1,4, przy czym wartości skrajne są rzadkie, natomiast najwięcej jest takich przypadków, kiedy to  $Q_f$  oscyluje w niewielkich granicach wokół wartości 1. Fakt ten wskazuje, że w większości przypadków obliczone wartości  $Q_f$  niewiele wniosą do rozstrzygnięcia kwestii czy pozwany jest ojcem dziecka, czy też ojcem tego dziecka jest brat pozwanego.

## PIŚMIENNICTWO

1. Asano M., Minakata K., Hattori H.: General formulas of the estimated likelihood ratio  $Y/X$  in the diagnosis of paternity of a deceased putative father. *Z. Rechtsmed.* 1980, 84, 125-133.

2. Ayres K. L.: Measuring genetic correlations within and between loci with implications for disequilibrium mapping and forensic identification. Ph. D. Thesis, The University of Reading, Reading 1998, pp. 181-204.

3. Berent J.: Biostatystyczna interpretacja badań genetycznych w dochodzeniu ojcostwa dla przypadków bliskiego pokrewieństwa pozwanego mężczyzny i ojca biologicznego. Rozprawa habilitacyjna. Łódź 2003, ISBN 83-88940-46-5.

4. Berent J., Jacewicz R., Szram S.: Effect on paternity index of substituting the biological father by his brother – preliminary report. *International Congress Series* 2004, 1261, 476-478.

5. Berent J. A., Miścicka-Śliwka D., Czarny J.: Średnie wartości szansy ojcostwa – obliczenia dla populacji polskiej. *Arch. Med. Sąd. i Krym.* 1999, 49, 11-15.

6. Berent J., Szram S.: DLP – a computer program for calculation of discrete locus parameters. *Forensic Sci.* 2003, 1, 46-47.

7. Brenner C.: What's wrong with the „exclusion probability”. <http://users.ccnet.com/~cbrenner/exclusn.htm>.

8. Calafell F.: The probability distribution of number of loci indicating exclusion in a core set of STR markers. *Int. J. Legal Med.* 2000, 114, 61-65.

9. Chakravarti A., Li C. C.: The effect of linkage on paternity calculations. W: Walker R. H. (ed.): *Inclusion probabilities in parentage testing*. American Association of Blood Banks, Arlington 1983, pp. 411-422.

10. Egeland T., Mostad P. F., Mevag B., Stenersen M.: Beyond traditional paternity and identification cases. Selecting the most probable pedigree. *Forensic Sci. Int.* 2000, 110, 47-59, <http://www.nr.no/familas>.

11. Egeland T., Mostad P. F., Olaisen B.: A computerized method for calculating the probability of pedigrees from genetic data. *Sci. Justice* 1997, 37, 269-274.

12. Essen-Möller E.: Die Beweiskraft der Ähnlichkeit im Vaterschaftsnachweis. *Theoretische Grundlagen. Mitteilungen der Anthropologischen Gesellschaft in Wien* 1938, 68, 2-53.

13. Gürtler H.: Principles of blood group statistical evaluation of paternity cases at the University Institute of Forensic Medicine Copenhagen. *Acta Med. Leg. Soc. Liege* 1956, 9, 83-93.

14. Hallenberg C., Morling N.: A report of the 1997, 1998 and 1999 paternity testing workshops of the English Speaking Working Group of the International Society for Forensic Genetics. *Forensic Sci. Int.* 2001, 116, 23-33.

15. Hummel K.: Biostatistical opinion of parentage based upon the results of blood group tests. *Gustav Fisher Verlag, Stuttgart* 1971, p. 95.

16. Hummel K.: On the theory and practice of Essen-Möller's  $W$  value and Gürtler's paternity index. *Forensic Sci. Int.* 1984, 25, 1-17.

17. Kaye D. H., Vyvial T. M., Young D.: Validating the probability of paternity. *Transfusion* 1991, 31, 823-828.

18. Kozioł P., Krajka A.: Przyczyny różnic w obliczeniach prawdopodobieństwa ojcostwa oraz ich wpływ na opiniowanie w sprawach spornego ojcostwa. *Post. Med. Sąd. i Krym.* 2001, 6, 189-196.

19. Langaney A., Pison G.: Probability of paternity: useless. *Am. J. Hum. Genet.* 1975, 27, 558-561.

20. Presciuttini S., Ciampini F., Alu M. et al.: Allele sharing in first-degree and unrelated pairs of individuals in the Ge.F.I. AmpFISTR® Profiler Plus™ database. *Forensic Sci. Int.* 2003, 131, 85-89.

21. Stoney D. A.: What made us ever think we could individualize using statistics? *J. Forensic Sci. Soc.* 1991, 31, 197-199.

22. Szczotka H., Schlesinger D.: Tablice do obliczeń prawdopodobieństwa ojcostwa w populacji polskiej. *Mat. i Prace Antrop.* 1980, 98, 3-52.

23. Thomson J. A., Pilotti V., Stevens P., Ayres K. L., Debenham P. G.: Validation of short tandem repeat analysis for the investigation of cases of disputed paternity. *Forensic Sci. Int.* 1999, 100, 1-16.

24. Valentin J.: Statistical evidence in paternity cases: imperative. *Am. J. Hum. Genet.* 1976, 28, 620-622.

Adres do korespondencji:

Dr hab. n. med. Jarosław Berent  
Katedra i Zakład Medycyny Sądowej  
Uniwersytetu Medycznego w Łodzi  
Ul. Sędziowska 18a  
91-304 Łódź