

Jarosław Bednarek, Urszula Rogalla, Tomasz Grzybowski

## Pułapka typologii antropologicznej\*

### Pitfalls of anthropological typology

Z Katedry Medycyny Sądowej Collegium Medicum w Bydgoszczy Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu

Kierownik: prof. dr hab. K. Śliwka

Istotą typologii antropologicznej jest przyporządkowanie ludzi do poszczególnych typów na podstawie określonego zespołu cech morfologicznych. Autorzy tej koncepcji twierdzą, że cechy właściwe dla danego typu dziedziczą się monogenicznie zgodnie z prawami Mendla. Zgodnie z tymi założeniami, na podstawie cech budowy czaszki możliwe jest jednoznaczne określenie koloru oczu, włosów itp. Mogłoby to mieć istotne znaczenie dla identyfikacji osób na podstawie szkieletu, gdyby nie fakt, że typologia stoi w znaczącej sprzeczności z aktualną wiedzą z genetyki populacyjnej i ewolucyjnej. Większość cech morfologicznych zdeterminowana jest przez zespół współdziałających ze sobą genów. Ponadto różnice genetyczne między populacjami są niewielkie, a większość zmienności przypada na zróżnicowanie wewnątrzpopulacyjne, co stawia pod znakiem zapytania klasyczną definicję rasy. Dlatego dziś bardziej uzasadnione aniżeli wiara w naukową wartość typologii antropologicznej, byłoby wykorzystywanie panelu markerów SNP (AIMs) w celu przewidywania pochodzenia geograficznego nieznanymi osob.

The essence of anthropological typology is to classify people as belonging to anthropological types according to predetermined sets of morphological traits. The authors of the concept claim that traits characteristic of a given type are monogenic and have a Mendelian inheritance pattern. According to these assumptions, it is possible to unambiguously determine hair or eye color, etc. on the basis of skull characteristics only. Such a solution could be of a great importance in identification based on the skeleton but for the fact that the concept contradicts the current body of knowledge of population genetics or

evolutionary biology analyses. It is widely known that the vast majority of morphological traits is determined by a complex of cooperating genes. Moreover, it has been demonstrated that genetic distances between populations are low, while most of the diversity is attributed to intrapopulation variation. Therefore, rejecting the classic concept of race seems to be justified. For this reason, today it is more reasonable to use the panel of SNP markers (AIMs) in identification of unknown individuals while aiming at prediction of their ethnic ancestry rather than to believe in the scientific value of anthropological typology.

**Słowa kluczowe:** typologia, antropologia sądowa, identyfikacja osobnicza, markery informujące o pochodzeniu, struktura populacji  
**Key words:** typology, forensic anthropology, personal identification, ancestry-informative markers, population substructure

W ostatnich latach, w niektórych polskich publikacjach naukowych poświęconych identyfikacji nieznanymi osob lub rekonstrukcji wyglądu postaci historycznych, postulowano się często pojęciem typu antropologicznego [1, 2]. Przykładowo, powołując się na wyniki badań czaszki wskazywano, że dana osoba przynależy do pewnego ściśle określonego typu rasowego. Miało to oznaczać, że osoba ta za życia charakteryzowała się zestawem określonych cech morfologicznych, np. jasnymi włosami i oczami, wąską twarzą, wąskim nosem, długą głową i wysokim wzrostem. Sugeruje to istnienie prostej, skutecznej i naukowo uzasadnionej metody

\* Autorzy pracy dedykują ją Prof. dr hab. med. Jerzemu Janicy.

rekonstrukcji ogólnych cech wyglądu człowieka na podstawie wskaźników kraniometrycznych, czyli proporcji czaszki.

Przekonanie to jest konsekwencją poglądów twórców i zwolenników tzw. typologicznej koncepcji rasy w antropologii. Koncepcja ta stanowi jedną z prób opisu morfologicznego zróżnicowania człowieka oraz wyjaśnienia mechanizmów jego powstawania. Najbardziej szczegółowe jej

rozwińnięcie jest dziełem tzw. „Polskiej Szkoły Antropologicznej” [3-5]. Jej przedstawiciele uznali istnienie trzech głównych odmian człowieka – białej, czarnej i żółtej. W ich obrębie wyróżnili sześć typów czystych oraz piętnaście typów mieszanych powstałych w wyniku ich krzyżowania (tabela I). W wersji opublikowanej przez Michalskiego wyodrębniono dodatkowe podjednostki taksonomiczne: facje i morfy [5].

Tabela I. Klasyfikacja typów antropologicznych wg Czekanowskiego [3].

Table I. The classification of anthropological types according to Czekanowski [3].

TYPY CZYSTE	TYPY MIESZANE
Nordyczny Śródziemnomorski Armenoidalny Laponoidalny Arktyczny Nigrycki	Subnordyczny (nordyczno-laponoidalny) Sublaponoidalny (śródziemnomorsko-laponoidalny) Północno-zachodni (nordyczno-śródziemnomorski) Dynarski (nordyczno-armenoidalny) Alpejski (armenoidalno-laponoidalny) Litoralny (śródziemnomorsko-armenoidalny) Paleoazjatycki (nordyczno-arktyczny) Centralno-azjatycki (laponoidalno-arktyczny) Orientalny (arktyczno-armenoidalny) Paleoamerykański (arktyczno-śródziemnomorski) Pacyficzny (arktyczno-armenoidalny) Negroidalny (nigrycko-arktyczny) Mediterranoidalny (śródziemnomorsko-nigrycki) Australoidalny (nigrycko-nordyczny) Australoafrykański (nigrycko-laponoidalny)

Cytowani autorzy dokonali tego podziału w oparciu o kryterium morfologiczne. Ich zdaniem przynależność do danej jednostki taksonomicznej (typu) jest uzależniona od kombinacji cech morfologicznych stwierdzonych u danego człowieka. Przykładowo, osoby o wysokim wzroście, smukłej budowie ciała, krótkim tułowiu, długich kończynach, wąskich dłoniach i stopach, białej skórze o różowym odcieniu, jasnych włosach, niebieskich oczach, wąskim prostym nosie, wąskiej podłużnej twarzy i wydłużonej głowie zalicza się do typu nordyckiego.

Zgodnie z tą koncepcją, podstawową jednostką rasy jest nie populacja, ale pojedynczy osobnik. W związku z tym każda populacja, bez względu na zamieszkiwany region świata, może być zbiorem osobników reprezentujących różne typy antropologiczne. Różnice międzypopulacyjne miałyby się wówczas manifestować w różnym odsetku występowania osobników reprezentujących poszczególne typy.

Poza aspektem morfologicznym teoria dotyczyła kwestii systematycznych (taksonomicznych), genetycznych i statystycznych. Z punktu widzenia systematyki typ (rasę) pojmowano jako

jednostkę taksonomiczną w randze podgatunku lub odmiany. Z kolei w aspekcie statystycznym typ to określony zespół cech, który w populacji losowo kojarzących się osobników występuje częściej, niż należałoby tego oczekiwać przy założeniu niezależnego kojarzenia się cech.

Najważniejszy jednak wydaje się aspekt genetyczny, który ma wyjaśniać sposób dziedziczenia typów antropologicznych. Zdaniem twórców typologii cechy będące wyznacznikami danego typu dziedziczą się wspólnie, zgodnie z prawami Mendla. Pogląd ten sugeruje, że są one zdeterminowane monogenicznie na zasadzie efektu plejotropowego. Oznacza to, że pojedynczy gen kodujący dany typ antropologiczny determinuje jednocześnie wysokość ciała, proporcje głowy, twarzy, kończyn i tułowia oraz barwę oczu, włosów i skóry.

Zakładając monogeniczny sposób dziedziczenia typów przyjęto, że osobniki będące homozygotami pod względem określonego zestawu cech morfologicznych reprezentują tzw. typy „czyste”. W wyniku krzyżowania się przedstawicieli typów „czystych” pojawiają się osobniki heterozygotyczne należące do tzw.

typów „mieszanych”. Typy „czyste” nie znikają, ponieważ rekonstruują się w następnych pokoleniach na skutek tzw. mendelistycznego rozszczepienia mieszańców.

Typologiczne podejście do problemu zróżnicowania morfologicznego populacji ludzkich wydaje się bardzo atrakcyjne z punktu widzenia techniki badawczej. Posługując się podstawowymi narzędziami antropometrycznymi oraz skalami barw oczu i włosów, wykonując szereg nieskomplikowanych pomiarów i porównań, można łatwo określić przynależność typologiczną każdego człowieka.

Oznaczenia typologiczne możliwe są także w przypadku badań szkieletów. Klasyfikacji dokonuje się wówczas na podstawie pomiarów czaszki. Ponieważ zespoły cech morfologicznych właściwych dla poszczególnych typów zostały szczegółowo opisane, zdaniem typologów oznaczanie typu na podstawie pomiarów czaszki pozwala na rzetelne wnioskowanie m.in. o kolorze oczu i włosów badanej osoby. Pogląd taki został ostatnio wyrażony m.in. przez zespół badający czaszkę, która mogła pochodzić od Mikołaja Kopernika [1]. Sugerowałoby to zastosowanie wiedzy typologicznej w praktyce identyfikacji osobniczej co zresztą prawdopodobnie czynią jeszcze nieliczni antropolodzy oraz niektóre laboratoria policyjne [1, 2].

Podejście takie jest z naukowego punktu widzenia kompletnym nieporozumieniem. Podstawy typologicznej koncepcji rasy zostały sformułowane w latach 20-tych ubiegłego wieku, a więc w okresie poprzedzającym rozwój genetyki populacyjnej, genetyki molekularnej i nowej syntezy ewolucyjnej. Teorie typologów powstały wyłącznie w oparciu o analizę cech morfologicznych i z przyczyn oczywistych nie mogły być zweryfikowane poprzez badania genetyczne. Nietrafność proponowanych przez szkoły typologiczne modeli dziedziczenia i w konsekwencji całej koncepcji wykazał już na początku lat 60-tych XX wieku Bielicki [6]. Autor ten nie musiał posługiwać się bezpośrednimi danymi genetycznymi, których uzyskanie było w owym czasie niemożliwe. Swój dowód oparł na prawie Hardy’ego-Weinberga stanowiącym fundamentalną zasadę genetyki populacyjnej. Prawo to w ujęciu typologicznym nosi nazwę prawa liczebności typów i zakłada, że w populacji znajdującej się w stanie równowagi genetycznej suma pierwiastków kwadratowych empirycznie stwierdzonych częstości typów „czystych” powinna być równa lub bliska jedności. Przeprowadzona przez Bielickiego analiza piśmien-

nictwa wykazała, że jeżeli nawet uzyskiwano taką zależność to był to z reguły wynik tzw. kosmetyzacji, czyli zabiegu polegającego na takim doborze badanego materiału, aby wynik pasował do z góry przyjętego założenia. W innych przypadkach suma kwadratów częstości typów „czystych” znacznie odbiegała od jedności i zwykle nie przekraczała wartości 0,5. Oznacza to, że prawo liczebności typów nie jest spełnione, a zatem typologia jest bezpodstawna z punktu widzenia genetyki. Wniosek ten nie jest czymś niespodziewanym, ponieważ nie można konstruować zaawansowanych teorii, dotyczących sposobu dziedziczenia zespołów cech, nie znając modeli właściwych dla dziedziczenia każdej z nich. Dziś nie ulega żadnej wątpliwości, że ogromna większość cech fizycznych będących przedmiotem dawnych klasyfikacji typologicznych, takich jak pigmentacja skóry, oczu i włosów, kształt i proporcje twarzy, wzrost i inne, jest zdeterminowana przez wiele współdziałających ze sobą genów oraz podlega istotnym wpływom środowiska [7]. Szczególnie istotną rolę we współczesnych poszukiwaniach, zmierzających do identyfikacji genów związanych ze złożonymi cechami fizycznymi, odgrywają badania asocjacyjne z wykorzystaniem tysięcy różnych polimorfizmów jednonukleotydowych (SNPs) [8-10]. Interpretacja wyników takich badań wymaga zastosowania zaawansowanych narzędzi statystycznych właściwych dla współczesnej genetyki cech ilościowych, które z oczywistych względów nie mogły być znane twórcom typologii [11].

Krytycy typologii zarzucają jej również, że jest ona koncepcją abiologiczną ponieważ odrzuca istnienie ewolucji [6]. Typolodzy przyjęli, że wszystkie typy są stałe i niezmiennie zarówno w czasie jak i przestrzeni. Oznacza to, że istniały one od zawsze i nie podlegały żadnym zmianom bez względu na zmieniające się warunki środowiska życia, działanie doboru naturalnego, dryfu genetycznego, presji mutacyjnej i migracji. Jest to hipoteza pozbawiona logiki. Skoro, jak twierdzą jej twórcy, typy antropologiczne są kombinacjami określonych cech, a w poszczególnych regionach świata stwierdza się przewagę określonych typów, to można się spodziewać, że cechy te powstały jako odpowiedź adaptacyjna na specyficzne warunki środowiska panujące na tych obszarach. Zmiana tych warunków może doprowadzić do zaniku określonych cech morfologicznych jak również do powstania nowych cech. A zatem twierdzenie, że układy cech morfologicznych

nie powstały na skutek działania mechanizmów ewolucji i że jej nie podlegają pozbawiona jest biologicznego sensu.

Kolejnym słabym punktem typologii jest jej subiektywizm. Dowodem tego jest chociażby istnienie wielu alternatywnych klasyfikacji typologicznych i brak zgody wśród typologów odnośnie definicji poszczególnych typów. Jak podkreśla Bielicki [6] klasyfikacje typologiczne mogą być przeprowadzone dowolnie na wiele sposobów w zależności od gustu klasyfikującego. Ten sam osobnik może być różnie przyporządkowany w zależności od wybranej klasyfikacji. Wynika to także z faktu, że granice zakresów wartości wskaźników antropometrycznych, służących do opisu proporcji, muszą być ze swej natury ustalane arbitralnie.

Typologiczna koncepcja rasy jest więc teorią, która obecnie może być postrzegana jedynie jako ciekawostka historyczna. Jest zbiorem hipotez postawionych przez badaczy nie dysponujących dostateczną wiedzą na temat biologicznej natury cech, które były przedmiotem ich badań. Typologia antropologiczna jest subiektywna, abiologiczna i bezpodstawna z punktu widzenia genetyki. W związku z tym opisane przez typologów jednostki zwane rasami czy też typami lub elementami rasowymi należy postrzegać wyłącznie jako twory fikcyjne.

Z opisanych wyżej powodów próba jakiegokolwiek praktycznego wykorzystywania typologii jest całkowicie nieuzasadniona. Określanie barwy oczu i włosów czy też odcienia skóry nieznaney osoby, na podstawie pomiarów jej czaszki, jest całkowicie bezpodstawne i może prowadzić do przyjęcia błędnych wniosków. To z kolei będzie miało fatalne konsekwencje, jeżeli stanie się elementem ekspertyzy wykonanej dla potrzeb śledztwa prowadzonego przez policję lub prokuraturę. Skierować to może proces identyfikacji nieznaney osoby na niewłaściwą drogę i tym samym go opóźnić lub wręcz uniemożliwić.

Równie nieuzasadnione, choć nie mające tak istotnych konsekwencji, jest wykorzystywanie typologii do oceny wyglądu twarzy osób, których szczątki zostały odkryte w wyniku prac archeologicznych lub prób odtworzenia wizerunku postaci historycznych. Sytuacja taka miała miejsce m.in. w przypadku poszukiwania szczątków Mikołaja Kopernika [1]. W raporcie z prac nad rekonstrukcją autorzy utrzymują co prawda, że jej wynik „jest jedynie modelem rzeczywistego wyglądu, a nie jego odtworzeniem”. Z drugiej jednak strony uważają, że zastosowanie typologii do określania cech wyglądu jest w pełni

uzasadnione i powołują się na osiągnięcia Centralnego Laboratorium Kryminalistycznego Komendy Głównej Policji. Niestety autorzy nie cytują żadnych publikacji naukowych, które dokumentowałyby te osiągnięcia i w sposób przekonujący broniły tezy o przydatności podejścia typologicznego dla identyfikacji człowieka. Zdają się oni także nie dostrzegać lub po prostu nie rozumieć naukowych argumentów przeciwko typologii, uważając, że została ona odrzucona wyłącznie z przyczyn ideologicznych na fali poprawności politycznej [1]. Wprowadzają też czytelników w błąd formułując osobliwą i błędną tezę o „negacji naukowych podstaw jakiegokolwiek biologicznego, wewnątrzgatunkowego podziału naszego gatunku”. Sugeruje to brak znajomości innych definicji rasy przyjmowanych na gruncie współczesnej antropologii fizycznej – koncepcji populacyjnej [12] oraz zmienności klinowej [13]. Co najistotniejsze, zwolennicy anachronicznych podziałów typologicznych zdają się całkowicie ignorować liczący sobie ponad kilkadziesiąt lat nurt badań nad genetycznym zróżnicowaniem populacji ludzkich. W istocie już w oparciu o wyniki analiz polimorfizmu tzw. klasycznych markerów – układów grupowych krwi badanych metodami immunologicznymi oraz zróżnicowania białek analizowanych za pomocą technik elektroforetycznych wykazano, że dystanse genetyczne pomiędzy kontynentalnymi grupami populacji ludzkich są niewielkie, a ogromna część zmienności genetycznej (>85%) przypada na zróżnicowanie wewnątrzpopulacyjne [14]. Postawiło to pod znakiem zapytania tradycyjne podziały ludzkości na rasy, sformułowane na podstawie ograniczonego panelu cech morfologicznych. Dziś wiadomo, że międzykontynentalne zróżnicowanie tych cech w populacjach jest w dużej mierze wynikiem działania selekcji naturalnej na skutek adaptacji do zmieniających się warunków środowiska, zwłaszcza po opuszczeniu Afryki przez człowieka współczesnego. Ścisłe podłoże genetyczne tych adaptacji jest jednak ciągle przedmiotem badań [15, 16]. Tymczasem po przeanalizowaniu kilkuset tysięcy polimorfizmów jednonukleotydowych, u kilku tysięcy osób z różnych populacji ludzkich, nie ulega żadnej wątpliwości, że genetyczna heterogenność (struktura) populacji w obrębie różnych kontynentów jest jeszcze mniejsza niż między kontynentami, choć jest ona zdeterminowana geograficznie [17-20]. Istnienie tego niewielkiego rozwarstwienia jest w przeważającej mierze wynikiem działania dryfu genetycznego, choć niektóre regiony genomu

mogły podlegać presji selekcyjnej [21]. Warto zwrócić uwagę, że jedynie niewielka część markerów typu SNP w genomie człowieka (od 40 do 3000 spośród ponad 35 milionów) odznacza się znacząco różnymi częstościami pomiędzy populacjami ludzkimi zamieszkującymi różne kontynenty [22-26]. Wspomniany panel markerów (AIMs, ang. ancestry informative markers) może ulegać poszerzeniu w miarę pozyskiwania nowych danych dotyczących pełnych sekwencji genomów jądrowych u przedstawicieli różnych grup etnicznych [27]. AIMs wydają się obiecujące w kontekście przewidywania pochodzenia geograficznego nieznanymi osobami [28] i jako takie w niedalekiej przyszłości mogą znaleźć zastosowanie w genetyce sądowej. Aplikacje tego rodzaju będą z pewnością oparte na solidnych podstawach naukowych, w odróżnieniu od anachronicznych koncepcji typologicznych.

## PIŚMIENNICTWO

1. Piasecki K., Zajdel D.: Badania antropologiczne we Fromborku. Grób nr 13. Rekonstrukcja wyglądu na podstawie czaszki., [w]: Gąsowski J. (ed.), Poszukiwanie grobu Mikołaja Kopernika, *Castra Dominae Nostrae Litterae Annales*, Wyższa Szkoła Humanistyczna w Pułtusk, 2005, 27-37.
2. Zajdel D.: Czy tak wyglądał Kopernik?, *Problemy Kryminalistyki*, 2006, 251, 39-44.
3. Czekanowski J.: Człowiek w czasie i przestrzeni, Trzaska, Evert i Michalski, Warszawa, 1937.
4. Henzel T., Michalski I.: Podstawy klasyfikacji człowieka w ujęciu Tadeusza Henzla i Ireneusza Michalskiego, *Przegląd Antropologiczny*, 1955, 21(2).
5. Michalski I.: Struktura antropologiczna Polski, 1949, Łódzkie Towarzystwo Naukowe.
6. Bielicki T.: Typologiczna i populacyjna koncepcja rasy w antropologii, *Materiały i prace antropologiczne*, 1961, 55.
7. Pulker H., Lareu M. V., Phillips C., Carracedo A.: Finding genes that underlie physical traits of forensic interest using genetic tools. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2007. 1: 100-104.
8. Sulem P., Gudbjartsson D. F., Stacey S. N., Helgason A., Rafnar T., Jakobsdottir M., Steinberg S., Gudjonsson S. A., Palsson A., Thorleifsson G. i wsp.: Two newly identified genetic determinants of pigmentation in Europeans. *Nat Genet.* 2008. 40: 835-837.
9. Lettre G., Jackson A. U., Gieger C., Schumacher F. R., Berndt S. I., Sanna S.: Eyheramendy S., Voight B.F., Butler J.L., Guiducci C. i wsp.: Identification of ten loci associated with height highlights new biological pathways in human growth. *Nat Genet.* 2008. 40: 584-591.
10. Weedon M. N., Lango H., Lindgren C. M., Wallace C., Evans D. M., Mangino M., Freathy R. M., Perry J. R., Stevens S., Hall A. S. i wsp.: Genome-wide association analysis identifies 20 loci that influence adult height. *Nat Genet.* 2008. 40: 575-583.
11. Schliekelman P.: Statistical power of expression quantitative trait loci for mapping of complex trait loci in natural populations. *Genetics.* 2008. 178: 2201-2216.
12. Montagu A.: *The Concept of Race*, *American Anthropologist*, New Series, 1962, 64, 5, 919-928.
13. Huxley J., 1938, Clines: an auxiliary taxonomic principle., *Nature*, 142, 219-220.
14. Cavalli-Sforza L. L., Feldman M. W.: The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution. *Nat Genet.* 2003. 33 Suppl: 266-275.
15. Myles S., Somel M., Tang K., Kelso J., Stoneking M.: Identifying genes underlying skin pigmentation differences among human populations. *Hum Genet.* 2007. 120: 613-621.
16. Coop G., Pickrell J. K., Novembre J., Kudaravalli S., Li J., Absher D., Myers R. M., Cavalli-Sforza L. L., Feldman M. W., Pritchard J. K.: The role of geography in human adaptation. *PLoS Genet.* 2009. 5: e1000500.
17. Lao O., Lu T. T., Nothnagel M., Junge O., Freitag-Wolf S., Caliebe A., Balascakova M., Bertranpetit J., Bindoff L. A., Comas D. i wsp.: Correlation between genetic and geographic structure in Europe. *Curr Biol.* 2008. 18: 1241-1248.
18. Novembre J., Johnson T., Bryc K., Kutalik Z., Boyko A. R., Auton A., Indap A., King K. S., Bergmann S., Nelson M. i wsp.: Genes mirror geography within Europe. *Nature.* 2008. 456: 98-101.
19. Nelis M., Esko T., Mägi R., Zimprich F., Zimprich A., Toncheva D., Karachanak S., Piskácková T., Balascák I., Peltonen L. i wsp.: Genetic structure of Europeans: a view from the North-East. *PLoS ONE.* 2009. 4: e5472.
20. Biswas S., Scheinfeldt L. B., Akey J. M.: Genome-wide insights into the patterns and determinants of fine-scale population structure in humans. *Am J Hum Genet.* 2009. 84: 641-650.
21. Li J. Z., Absher D. M., Tang H., Southwick A. M., Casto A. M., Ramachandran S., Cann H.

- M., Barsh G. S., Feldman M., Cavalli-Sforza L. L., Myers R. M.: Worldwide Human Relationships Inferred from genome-Wide Patterns of Variation. *Science*. 2008. 319: 1100-1104.
22. Shriver M. D., Parra E. J., Dios S., Bonilla C., Norton H., Jovel C., Pfaff C., Jones C., Massac A., Cameron N. i wsp.: Skin pigmentation, biogeographical ancestry and admixture mapping. *Hum Genet*. 2003. 112: 387-399.
23. Price A. L., Butler J., Patterson N., Capelli C., Pascali V. L., Scarnicci F., Ruiz-Linares A., Groop L., Saetta A. A., Korkolopoulou P. i wsp.: Discerning the ancestry of European Americans in genetic association studies. *PLoS Genet*. 2008. 4: e236.
24. Bauchet M., McEvoy B., Pearson L. N., Quillen E. E., Sarkisian T., Hovhannesian K., Deka R., Bradley D. G., Shriver M. D.: Measuring European population stratification with microarray genotype data. *Am J Hum Genet*. 2007. 80: 948-956.
25. Paschou P., Ziv E., Burchard E. G., Choudhry S., Rodriguez-Cintron W., Mahoney M. W., Drineas P.: PCA-correlated SNPs for structure identification in worldwide human populations. *PLoS Genet*. 2007. 3: 1672-1686.
26. Tian C., Kosoy R., Lee A., Ransom M., Belmont J. W., Gregersen P. K., Seldin M. F.: Analysis of East Asia genetic substructure using genome-wide SNP arrays. *PLoS ONE*. 2008. 3: e3862.
27. Ahn S. M., Kim T. H., Lee S., Kim D., Ghang H., Kim D., Kim B. C., Kim S. Y., Kim W. Y., Kim C. i wsp.: The first Korean genome sequence and analysis: Full genome sequencing for a socio-ethnic group. *Genome Res*. 2009. 19(9): 1622-1629.
28. Klimentidis Y. C., Shriver M. D.: Estimating genetic ancestry proportions from faces. *PLoS ONE*. 2009 4: e4460.

Adres do korespondencji:

Jarosław Bednarek

Katedra Medycyny Sądowej UMK w Toruniu

Collegium Medicum w Bydgoszczy

ul. M. Skłodowskiej-Curie 9

85-094 Bydgoszcz

e-mail: bednarek@cm.umk.pl