

Ewa Kapińska, Joanna Wysocka, Lidia Cybulska, Krzysztof Rębała, Patrycja Juchniewicz¹,
Zofia Szczerkowska

Przykłady zastosowania markerów chromosomu X w badaniach rodzinnych i identyfikacyjnych

Examples of application of X chromosomal markers in familial investigations and personal identification

Z Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego
Kierownik: dr hab. med. Z. Jankowski

¹ Z Wydziału Biologii (Biologia Sądowa) Uniwersytetu Gdańskiego

W badaniach genetycznych dotyczących ustalania spornego ojcostwa lub identyfikacji osobniczej coraz częściej, obok autosomalnych STR loci, wykorzystuje się markery chromosomów płci: X i Y. W pracy przedstawiono przypadki, w których analiza mikrosatelitarnych loci chromosomu X (X-STR) włączona do rutynowych badań, umożliwiła jednoznaczne określenie pokrewieństwa badanych osób. Przedstawione sprawy dotyczyły ustalenia ojcostwa w linii córki/ojciec, określenia czy badane kobiety są przyrodnymi siostrami (mają wspólnego ojca) oraz ustalenia tożsamości zmarłego mężczyzny. W żadnej z przeprowadzonych ekspertyz próbka DNA domniemanego ojca nie była dostępna. Typowanie markerów X-STR wykonano przy użyciu komercyjnego zestawu Mentype® Argus X-8 Amplification Kit firmy Biotype oraz Investigator Argus X-12 firmy Qiagen.

Besides autosomal STR loci, markers of sex chromosomes, X and Y, are increasingly more commonly used in genetic analyses aiming at paternity testing or personal identification. The paper presents cases in which analysis of microsatellite loci of the X chromosome (X-STRs) was included in the routine examination and allowed for an unambiguous determination of the relationship between the tested individuals. The cases addressed paternity testing of female children, determination whether the examined women were paternal half-sisters, as well as personal identification of a deceased man. In none of the conducted expert opinions, the putative father's DNA sample was't available. Genotyping of X-STR

markers was carried out with the use of commercial kits: Mentype Argus X-8 PCR Amplification Kit (Biotype) and Investigator Argus X-12 Kit (Qiagen).

Słowa kluczowe:

chromosom X, X-STR, pokrewieństwo, ustalanie ojcostwa

Key words:

X chromosome, X-STR, kinship testing, paternity testing

WSTĘP

Polimorficzne markery DNA umieszczone na ludzkich chromosomach płci stanowią, oprócz rutynowo analizowanych loci autosomalnych, cenne źródło informacji wykorzystywanej w badaniach kryminalistycznych i identyfikacyjnych. Specyficzny wzór dziedziczenia chromosomu X sprawia, że analiza mikrosatelitarnych loci X-STR (określonych na chromosomie X) znalazła szerokie zastosowanie w ekspertyzach genetycznych włączanych do opinii sądowo-lekarskich. Odgrywają one szczególną rolę w przypadkach ustalania ojcostwa, gdy spornym dzieckiem jest córka oraz w sprawach o dochodzenie ojcostwa, gdy kwestionowane jest ono w stosunku do jednej z sióstr. W sytuacji gdy domniemany ojciec jest nieobecny, markery chromosomu X wykazane u matki pozwanego i dziecka, pozwolą na wnioskowanie odnośnie ojcostwa.

Każdy mężczyzna ma tylko jeden chromosom X, który dziedziczony jest przez potomstwo płci żeń-

skiej. W rezultacie ojciec przekazuje wszystkim swoim córkom identyczny wzór alleli chromosomu X – tzw. allele odcjowskie.

Typowanie sekwencji X-STR stosuje się również w badaniach skomplikowanych przypadków pokrewieństwa (np. kazirodztwo) gdy istnieje podejrzenie, że domniemanym ojcem dziecka płci żeńskiej może być pozwany mężczyzna lub jego syn. W tym przypadku X-STR-y są bardziej przydatnym narzędziem badawczym niż loci autosomalne, ponieważ ojciec i syn posiadają różne profile chromosomu X. Markery te wykorzystuje się również w przypadkach ekspertyz dotyczących osób zaginionych lub ofiar katastrof, gdzie bezpośrednie próbki referencyjne nie są dostępne i porównanie do bliskich krewnych (np. matka-syn, matka-córka, córka-ojciec, wnuczka-matka ojca, siostra-siostra) może pomóc w ich identyfikacji [1, 2, 3, 4].

W niniejszej pracy przedstawiono przypadki, w których analiza polimorficznych loci X-STR pozwoliła na wydanie jednoznacznych opinii.

MATERIAŁ I METODY

Badaniom poddano próbki krwi obwodowej oraz wymazy z nabłonka jamy ustnej pobrane od stron występujących w omawianych sprawach. Z zabezpieczonego materiału biologicznego wyizolowano DNA stosując metodę nieenzymatyczną oraz zestaw do izolacji DNA „Sherlock AX”, firmy A&A Biotechnology. Ilość i jakość uzyskanego DNA oznaczano metodą spektrofotometryczną (NanoDrop® ND-1000 V3.1.0 Spectrophotometr), a następnie poddawano go badaniom genetyczno-molekularnym.

Do określenia autosomalnych markerów STR wykorzystano multipleksowe zestawy amplifikacyjne: AmpF_{STR}® Identifier® PCR Amplification, AmpF_{STR}® Sfiler™ PCR Amplification Kit (firmy Applied Biosystems, USA) oraz GenePrint®FFFL Multiplex Kit, PowerPlex® 16 System i PowerPlex® ESX 17 System firmy Promega. Typowanie markerów X-STR wykonano przy użyciu komercyjnych zestawów: Mentype® Argus X-8 Amplification Kit firmy Biotype oraz Investigator Argus X-12 firmy Qiagen [5, 6]. Procedurę amplifikacyjną przeprowadzono zgodnie z zaleceniami producentów multipleksów. Produkty PCR rozdzielono metodą elektroforezy kapilarnej na sekwenatorze 3130 Genetic

Analyzer (Applied Biosystems) i analizowano przy użyciu programu GeneMapper *ID* v 3.2.

Wyniki uzyskane z badania autosomalnych loci poddano rutynowej analizie statystycznej obliczając prawdopodobieństwo ojcostwa i pokrewieństwa wg programu komputerowego DNA-VIEW v. 27.12, 2005, CH. Brennera.

W analizie statystycznej markerów chromosomu X uwzględniono zjawisko tzw. nierównowagi sprzężeń (ang. linkage disequilibrium), polegające na wspólnym dziedziczeniu loci (alleli) chromosomu X leżących blisko siebie. Tworzą one wówczas stabilny haplotyp, który powinien być analizowany jako całość. W obliczeniach uwzględniać należy wówczas częstości obserwowanych haplotypów a nie częstości alleli pojedynczych loci. Ze względu na położenie markerów X STR na chromosomie X wyróżniono 4 grupy sprzężeń (ang. linkage group): 1. DXS10135-DXS8378, 2. DXS7132-DXS10074, 3. HPRTB-DXS10101, 4. DXS10134-DXS7423 obserwowane w zestawie Argus X-8 oraz 1. DXS8378-DXS10135-DXS10148, 2. DXS7132-DXS10134-DXS10079, 3. HPRTB-DXS10101-DXS10103, 4. DXS7423-DXS100749-DXS10146 występujące w multipleksie Investigator Argus X-12. Allele układów należących do różnych grup sprzężeń są dziedziczone niezależnie z wyjątkiem grup 3 i 4, które mogą być częściowo sprzężone [3, 7, 8].

Analiza statystyczna markerów X-STR obejmowała loci chromosomu X pochodzące z różnych grup sprzężeń, oddalone od siebie o co najmniej 50 cM [8]. Wzory parametrów statystycznych, uwzględniające specyfikę dziedziczenia przez potomstwo markerów X-STR od ich rodziców, określono w oparciu o program komputerowy DNA-VIEW v. 27.12, 2005, CH. Brennera. W badaniach wykorzystano częstości alleli dla poszczególnych loci występujące w populacji polskiej [9, 10, 11, 12, 13].

WYNIKI

Ustalenie pokrewieństwa domniemanych przyrodniczych sióstr

Analizowany przypadek dotyczył dwóch kobiet, które zgłosiły się do Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego w celu określenia czy są one przyrodnimi siostrami. Jedną z nich była córką zmarłego mężczyzny, na-

leżało ustalić czy zmarły był również biologicznym ojcem drugiej z kobiet.

Od stron zabezpieczono krew, wyizolowano DNA i poddano go badaniom. Ekspertyzę wykonano wyłącznie w oparciu o markery chromosomu X (Argus X-12 f-my Qiagen), które mężczyzna przekazuje swoim córkom. W przypadku, gdy mają one wspólnego ojca, w analizowanych X-STR loci wystąpią u sióstr identyczne, odcjowskie allele. Uzyskane genotypy przedstawiono w tabeli I i na rycinie 1.

Tabela I. Profile genetyczne badanych kobiet (Argus X-12). Zaobserwowano brak wspólnych alleli w 7 badanych markerach X-STR (podkreślone loci).

Table I. Genetic profiles of the tested women (Argus X-12). No shared alleles were observed in the 7 X-STR markers (underlined loci).

Marker Marker	Kobieta I Female I	Kobieta II Female II
AMGY	XX	XX
DXS10103	18/18	16/19
DXS8378	11/11	9/10
DXS7132	13/14	12/13
DXS10134	36/37	37/41.3
DXS10074	8/7	16/16
DXS10101	28.2/29	31/31.2
DXS10135	25.1/27	23/28
DXS7423	15/15	15/15
DXS10146	25/30	28/40.2
DXS10079	17/20	19/20
HPRTB	12/12	13/13
DXS10148	23.1/28.1	28.1/28.1

Analiza polimorfizmu X-STR wykazała brak wspólnych alleli między profilami genetycznymi badanych kobiet. Niezgodności wystąpiły w 7 systemach chromosomu X: DXS10103, DXS8378, DXS10074, DXS10101, DXS10135, DXS10146, HPRTB.

Przyjmując, iż kobieta II jest biologiczną córką zmarłego mężczyzny, wykluczono ojcostwo tego mężczyzny w stosunku do kobiety I.

Określenie pokrewieństwa 4 badanych kobiet – ustalenie czy są one biologicznymi siostrami

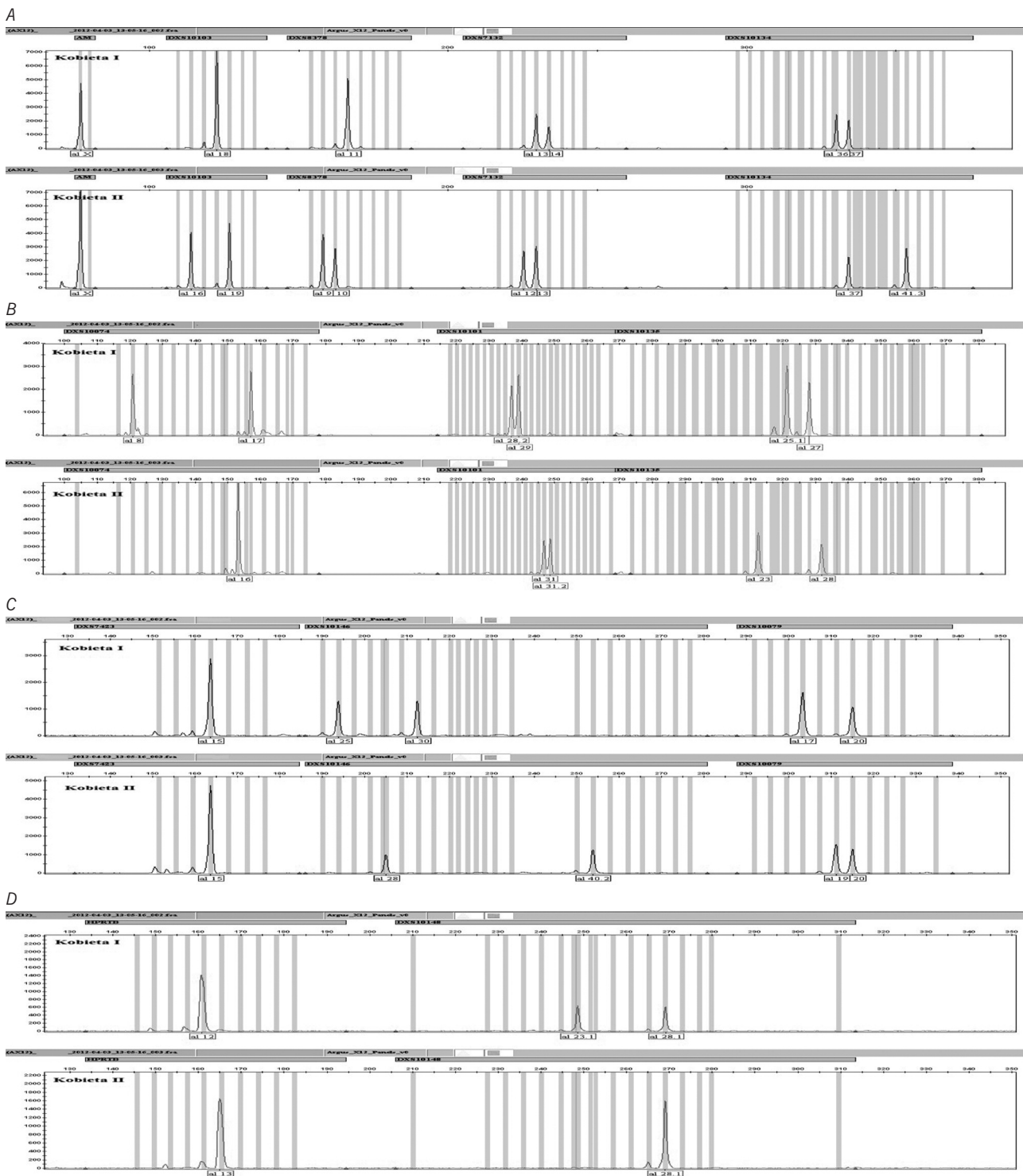
Katedra i Zakład Medycyny Sądowej Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego otrzymał polecenie wykonania badań genetycznych w sprawie o zaprzeczenie ojcostwa nieżyjącego mężczyzny, w stosunku do dwóch z czterech badanych kobiet. Na badanie zgłosiła się matka z córkami, oznaczonymi w sprawie jako: DZ1, DZ2, DZ3 i DZ4. Zgodnie z postanowieniem sądu należało przeprowadzić badanie genetyczne na okoliczność czy DZ1 i DZ2 pochodzą od tego samego ojca co DZ3 i DZ4, ustalić czy badane kobiety są biologicznym rodzeństwem.

W pierwszym etapie do określenia stopnia pokrewieństwa między badanymi osobami wykorzystano bardzo szeroki zestaw 27 autosomalnych STR loci oraz locus amelogeniny. Uzyskane wyniki amplifikacji badanego materiału przedstawiono w tabeli II.

Analiza polimorfizmu DNA osób występujących w sprawie potwierdziła macierzyństwo kobiety, określonej jako matka, w stosunku do wszystkich badanych córek. Stwierdzono również, że w 13 systemach STR (D7S820, CSF1PO, TH01, D2S1338, D19S433, D18S51, D5S818, FGA, SE33, Penta E, D10S1248, D22S1045, F13A01) w puli alleli dziedziczonych po ojcu pojawiły się więcej niż 2 allele. Oznaczało to, że w badanej sprawie występuje co najmniej dwóch mężczyzn.

W kolejnym etapie do badań włączono markery chromosomu X w celu określenia, które z badanych sióstr mają tego samego ojca. Przy użyciu zestawu Mentype® Argus X-8 PCR oznaczono 8 loci chromosomu X: DXS7132, DXS7423, DXS8378, DXS10074, DXS10101, DXS10134, DXS10135, HPRTB i AMGY (tabela III).

Zgodnie z zasadami dziedziczenia córki otrzymują jeden chromosom X od matki i jeden od ojca. Znając układ alleli matki można u dzieci płci żeń-



Ryc. 1. Profile X-STR dwóch kobiet określone przy użyciu zestawu Investigator Argus X-12 Kit (panel A loci: AMGY, DXS10103, DXS8378, DXS7132, DXS10134; panel B: DXS10074, DXS10101, DXS10135; panel C: DXS7423, DXS10146, DXS10079; panel D: HPRTB, DXS10148).
 Fig. 1. X-STR profiles of two women genotyped with the use of the Investigator Argus X-12 Kit (panel A loci: AMGY, DXS10103, DXS8378, DXS7132, DXS10134; panel B: DXS10074, DXS10101, DXS10135; panel C: DXS7423, DXS10146, DXS10079; panel D: HPRTB, DXS10148).

Tabela II. Wynik badania polimorfizmu 27 autosomalnych loci STR i amelogeniny.

Table II. Result of analysis of polymorphism of 27 autosomal STR loci and amelogenin.

Locus	Matka Mother	DZ 1 Child 1	DZ 2 Child 2	DZ 3 Child 3	DZ 4 Child 4
D8S1179	13/14	12/14	12/13	12/13	12/14
D21S11	30/30	30/30	30/30	29/30	29/30
D7S820	8/12	8/11	8/12	8/9	9/12
CSF1PO	12/12	12/12	10/12	11/12	12/12
D3S1358	17/18	14/17	15/17	14/17	15/17
TH01	7/9	6/7	6/9	7/8	9/9
D13S317	11/12	11/11	11/11	11/12	11/12
D16S539	13/14	12/14	12/14	11/13	11/14
D2S1338	17/20	17/20	17/25	19/20	19/20
D19S433	14/16.2	12/14	13/16.2	15/16.2	15/16.2
VWA	16/17	14/16	14/17	16/17	16/17
TPOX	9/11	8/9	8/11	8/9	8/11
D18S51	15/16	16/17	14/15	13/15	13/16
AMGY	XX	XX	XX	XX	XX
D5S818	12/12	12/12	11/12	10/12	11/12
FGA	20/23	20/25	20/21	20/20	23/24
SE 33	23.2/29.2	19/29.2	23.2/32.2	23.2/29.2	29.2/30.2
Penta E	10/11	10/11	5/10	10/17	10/17
Penta D	9/10	10/14	10/14	9/10	9/10
D10S1248	14/14	13/14	13/14	12/14	14/14
D22S1045	16/16	11/16	11/16	16/18	16/16
D2S441	11/14	10/14	10/11	11/11	11/14
D1S1656	12/16	12/16	16/16	12/14	12/14
D12S391	18/20	18/22	20/22	17/20	17/20
LPL	11/12	10/11	10/11	9/12	10/11
F13B	9/9	9/10	9/10	9/10	9/10
FESFPS	10/12	10/11	10/11	11/12	11/12
F13A01	5/6	3.2/6	3.2/5	5/7	5/5

Tabela III. Wynik badania 8 loci X-STR i locus amelogeniny.

Table III. Result of analysis of 8 X-STR loci and amelogenin locus.

Locus	Matka Mother	DZ 1 Child 1	DZ 2 Child 2	DZ 3 Child 3	DZ 4 Child 4
AMGY	XX	XX	XX	XX	XX
DXS8378	10/12	10/11	10/11	10/12	10/12
HPRTB	13/13	13/16	13/16	12/13	12/13
DXS7423	15/16	15/15	15/15	16/16	16/16
DXS7132	14/15	14/15	15/15	13/14	13/14
DXS10134	36/39	36/36	36/36	34/39	34/39
<u>DXS10074</u>	16/18	17/18	16/16	18/18	18/18
DXS10101	32/32.2	30/32	30/32.2	32/32	32/32.2
DXS10135	20/31	20/26	20/26	23/31	23/31

skiej określić ojcowski wzór chromosomu X. Badanie to wykazało, iż DZ1 i DZ2 dziedziczą w linii męskiej identyczny haplotyp X-STR (z wyjątkiem locus DXS10074) różny jednak od haplotypu X-STR wspólnego dla DZ3 i DZ4. Test ten potwierdził wcześniejsze przypuszczenia, że kobiety nie mają wspólnego ojca, a w omawianej sprawie występuje dwóch mężczyzn. Jeden z nich jest ojcem kobiet oznaczonych jako DZ1 i DZ2, drugi natomiast ojcem DZ3 i DZ4. Niezgodność w systemie DXS10074 uznano za mutację.

W oparciu o kompleksowe wyniki analizy DNA (markerów autosomalnych, loci chromosomu X i przy uwzględnieniu mutacji) zastosowano rachunek statystyczny określając prawdopodobieństwo, że badane osoby są biologicznymi siostrami. Uzyskano odpowiednio wartości 99,9996% dla pary DZ1/DZ2, oraz 99,9999% dla DZ3/DZ4.

Powyższe dowodzi, że kobiety oznaczone jako DZ1 i DZ2 pochodzą od innego ojca niż DZ3 i DZ4.

Badanie identyfikacyjne – ustalenie tożsamości zmarłego mężczyzny

W Katedrze i Zakładzie Medycyny Sądowej GUM przeprowadzono sekcję zwłok mężczyzny o nieznannej tożsamości, który poniósł śmierć w wypadku

drogowym. Do badań genetycznych zabezpieczono krew. W późniejszym czasie, do tut. Zakładu dostarczono materiał porównawczy w postaci wymazów z jamy ustnej, pobrany od domniemanej matki denata. Należało wykonać badania genetyczne zabezpieczonego w ww. sprawie materiału biologicznego w celu ustalenia czy sekcjonowany mężczyzna może być synem typowanej kobiety.

Do określenia 20 markerów autosomalnego DNA i locus amelogeniny wykorzystano zestawy: AmpFISTR Identifier, AmpFISTR SEfiler oraz GenePrint®FFFL Multiplex Kit. Uzyskane genotypy przedstawiono w tabeli IV.

Analiza uzyskanych genotypów wykazała, że NN mężczyzna i domniemana matka posiadają wspólne allele we wszystkich badanych układach. Prawdopodobieństwo, że analizowana kobieta jest matką denata wyniosło 99,98%. W celu zwiększenia wartości dowodowej przeprowadzanych badań i uzyskania prawdopodobieństwa pokrewieństwa $\geq 99,9999\%$ (odpowiadającego wartości W jaką należy osiągnąć w przypadku potwierdzenia ojcostwa – *Komisja Hemogenetyki Sądowej PTMSiK, Zasady Atestacji na lata 2012-2013, III Atestacja w zakresie ustalania pokrewieństwa, w tym ojcostwa*) badanie rozszerzono o markery chromosomu X ty-

Tabela IV. Wynik analizy polimorfizmu 20 autosomalnych loci STR i amelogeniny.

Table IV. Result of analysis of polymorphism of 20 autosomal STR loci and amelogenin.

Locus	NN mężczyzna Unidentified man	Matka Mother
D8S1179	13/13	13/13
D21S11	28/31	28/30
D7S820	8/11	9/11
CSF1PO	11/11	10/11
D3S1358	14/17	14/16
TH01	6/9.3	6/9.3
D13S317	9/11	11/11
D16S539	11/13	11/15
D2S1338	23/25	17/25
D19S433	13/14	14/16
VWA	15/17	15/17
TPOX	8/11	8/11
D18S51	14/15	14/18
AMGY	XY	XX
D5S818	11/12	9/11
FGA	21/22	20/21
SE33	17/21	14/17
LPL	11/12	11/12
F13B	10/10	10/10
FESFPS	10/13	10/11
F13A01	6/7	6/7

pując allele 8 systemów X-STR: DXS8378, HPRTB, DXS7423, DXS7132, DXS10134, DXS10074, DXS10101, DXS10135 (tabela V).

Tabela V. Genotypy 8 X-STR loci i amelogeniny.

Table V. Genotypes of 8 X-STR loci and amelogenin.

Locus	NN mężczyzna Unidentified man	Matka Mother
AMGY	XY	XX
DXS8378	10	10/12
HPRTB	13	11/13
DXS7423	14	14/14
DXS10134	40.3	35/40.3
DXS10074	9	9/17
DXS10101	29.2	29.2/31.2
DXS10135	19	19/23

Syn dziedziczy po matce chromosom X. Allele X-STR obecne u NN mężczyzny występowały także w profilu chromosomu X badanej kobiety.

Wyniki analizy chromosomu X włączono do obliczeń statystycznych i ponownie określono prawdopodobieństwo macierzyństwa badanej kobiety w stosunku do sekcjonowanego NN mężczyzny. Uzyskano wartość równą 99,999999%, która pozwoliła z bardzo wysokim prawdopodobieństwem stwierdzić, iż zmarły mężczyzna był synem typowanej kobiety.

WNIOSKI

W niniejszej pracy przedstawiono przypadki, w których do analizy genetycznej włączono polimorficzne, mikrosatelitarne loci chromosomu X. Stały się one dodatkowym, a w niektórych sprawach jedynym źródłem informacji genetycznej niezbędnej do opiniowania. Opierając się na zasadach dziedziczenia chromosomów płci możliwe było przeprowadzenie ekspertyzy genetycznej, nawet przy braku materiału biologicznego pochodzącego od domniemanego ojca. Analiza markerów X-STR umożliwiła uzyskanie odpowiednio wysokiej wartości prawdopodobieństwa (min. 99.9999%) potwierdzającego

pokrewieństwo badanych osób. Wysokie częstości określonych alleli autosomalnych, wspólnych dla analizowanych osób mogą sprawić, że nawet przy zastosowaniu kilku multipleksowych zestawów PCR, nie będzie możliwe uzyskanie tak wysokich parametrów statystycznych.

Przeprowadzone badania dowodzą, że wprowadzenie do analizy nowych markerów genetycznych (X-STR) jest niezbędne do zwiększenia wartości dowodowej ekspertyzy i wydania prawidłowej opinii.

PIŚMIENICTWO

1. Butler J. M.: *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology*. Academic Press Elsevier, USA 2011.

2. Toni Ch., Presciuttini S., Spinetti I., Domenici R.: Population data of four X-chromosome markers in Tuscany, and their use in a deficiency paternity case. *Forensic Sci. Int.* 2003, 137: 215-216.

3. Szibor R.: X-chromosomal markers: Past, present and future. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2007, 1(2): 93-99.

4. Szibor R., Plate I., Edelman J., Hering S., Kuhlisch E., Michael M., Krause D.: Chromosome X haplotyping in deficiency paternity testing principles and case report. *International Congress Series* 1239. 2003, 815-820.

5. *Mentype Argus X-8 PCR Amplification Kit Manual*, Biotype AG, Germany 2007.

6. *Investigator Argus X-12 Handbook*, April 2010.

7. Tillmar A. O., Mostad P., Egeland T., Lindblom B., Holmlund G., Montelius K.: Analysis of linkage and linkage disequilibrium for eight X-STR markers. *Forensic Science International: Genetics* 2008, 3: 37-41.

8. Machado F., Medina-Acosta E.: Genetic map of human X-linked microsatellites used in forensic

practice, *Letter to the Editor, Forensic Science International: Genetics* 2009, 3: 202-204.

9. Branicki W., Wolańska-Nowak P., Parys-Proszek A., Kupiec T.: Application of the Mentype Argus X-8 kit to forensic casework. *Problems of Forensic Sciences*. 2008, 73: 53-64.

10. Pepiński W., Skawrońska M., Niemcunowicz-Janica A.: Polymorphism of four X-chromosomal STRs in a Polish population sample. *Forensic Sci. Int.* 2005, 151: 93-95.

11. Czarnogórska M., Sanak M., Piniewska D., Polańska N., Stawowiak A., Opolska-Bogusz B.: Identyfikacja rzadkich wariantów genetycznych w loci DXS10074, DXS10079, DXS10146 oraz DXS10148 multipleksu Investigator Argus X-12 w populacji Polski południowej. *Arch. Med. Sąd. Kryminol.* 2010, 4: 235-242.

12. Jędrzejczyk M., Jacewicz R., Berent J.: Polimorfizm loci STR chromosomu X: DXS8378, DXS7132, HPRTB, DXS7423 w populacji Polski centralnej. *Problems of Forensic Sciences*. 2008, 73: 65-69.

13. Jędrzejczyk M., Jacewicz R., Berent J.: Zróżnicowanie markerów STR chromosomu X: DXS10135, DXS10074, DXS10101, DXS10134 i ich przydatność w genetyce sądowej. *Problems of Forensic Sciences*. 2009, 77: 89-97.

Adres do korespondencji:

Katedra i Zakład Medycyny Sądowej
Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego
ul. Dębowa 23
80-204 Gdańsk
e-mail: e.kapinska@gumed.edu.pl