

**Jarosław Berent**

**Dane populacyjne dla układów STR: CSF1PO, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, FGA, penta D, penta E, SE33, TH01, TPOX i vWA dla potrzeb obliczeń biostatystycznych w ramach atestacji laboratoriów genetycznych na lata 2008-2009**

Z Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego w Łodzi  
Kierownik: prof. nadzw. dr hab. n. med. Jarosław Berent

Podczas zebrania roboczego Komisji Genetyki Sądowej Polskiego Towarzystwa Medycyny Sądowej i Kryminologii, które odbyło się w dniu 24.05.2007 roku w Katedrze i Zakładzie Medycyny Sądowej Akademii Medycznej w Gdańsku zatwierdzono zasady atestacji laboratoriów genetycznych na lata 2008-2009. Zdecydowano między innymi, że obliczenia biostatystyczne dla potrzeb tej atestacji będą prowadzone w oparciu o ujednoczone dane populacyjne. Poniżej przedstawiono te dane dla układów: CSF1PO, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51 (tabela I) i D19S433, D21S11, FGA, penta D, penta E, SE33, TH01, TPOX, vWA (tabela II).

Są to zmodyfikowane dane oparte na pracach Janicy i wsp. [1] dla układu SE33, Kuźniara i wsp. [2] dla penta D i penta E oraz Jacewicz i wsp. [3] dla pozostałych układów. Modyfikacja polegała

na wprowadzeniu dolnego progu częstości alleli wynoszącego  $5/(2*N)$ , gdzie N – ilość osób w populacji [4,5]. Tym samym – ponieważ w publikacjach źródłowych podano dane odpowiednio dla 220, 430 i 125 osób – dolny próg częstości wyniósł 0.011 dla SE33, 0.006 dla penta D i penta E oraz 0.020 dla pozostałych układów. Współczynniki mutacji dla wszystkich układów zaczerpnięto z danych Paternity Testing Workshop of the ESWG z roku 2003 [6]. W przypadku, jeżeli w którymkolwiek z analizowanych układów pojawi się allel, którego częstość nie jest podana w przedstawionych tabelach, należy do obliczeń przyjąć jego częstość za 0.020.

Zamieszczone w niniejszej pracy dane populacyjne w formie pliku danych „Atestacja.gdb” do programu DNASat [7] mogą zostać pobrane z internetu [8] lub przesłane pocztą elektroniczną po zgłoszeniu do autora.

Tabela I. Dane populacyjne dla układów CSF1PO, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51. Po nazwach układów w nawiasie podano współczynniki mutacji wyrażone w procentach.

Allel	CSF1PO (0.101%)	D2S1338 (0.082%)	D3S1358 (0.086%)	D5S818 (0.092%)	D7S820 (0.120%)	D8S1179 (0.126%)	D13S317 (0.107%)	D16S539 (0.085%)	D18S51 (0.110%)
5									
6									
7					0.020				
8				0.020	0.124	0.020	0.116	0.020	
9	0.048			0.072	0.160	0.020	0.088	0.056	
9.3									
10	0.336			0.084	0.300	0.052	0.072	0.040	0.020
11	0.228			0.328	0.200	0.060	0.356	0.328	0.020
12	0.316		0.020	0.376	0.160	0.184	0.256	0.324	0.136
13	0.064			0.124	0.024	0.324	0.080	0.204	0.104
13.2									
14	0.020		0.180	0.020	0.020	0.208	0.028	0.044	0.168
14.2									
15			0.276	0.020		0.124	0.020		0.160
15.2									
16		0.060	0.236			0.020			0.156
16.2									
17		0.180	0.156			0.020			0.128
17.2									
17.3									
18		0.068	0.136						0.076
18.2									
18.3									
19		0.116	0.020						0.020
19.2									
20		0.152	0.020						0.020
20.2									
21		0.048							0.020
21.2									
22		0.020							
22.2									
23		0.100							0.020
23.2									
24		0.132							
24.2									
25		0.124							
25.2									
26		0.020							

Tabela II. Dane populacyjne dla układów D19S433, D21S11, FGA, penta D, penta E, SE33, TH01, TPOX, vWA. Po nazwach układów w nawiasie podano współczynniki mutacji wyrażone w procentach.

Allel	D19S433 (0.077%)	D21S11 (0.141%)	FGA (0.227%)	penta D (0.145%)	penta E (0.257%)	SE33 (0.780%)	TH01 (0.005%)	TPOX (0.019%)	vWA (0.169%)
5					0.067				
6				0.006			0.224		
7				0.006	0.148		0.124		
8				0.009	0.010		0.112	0.568	
9				0.293	0.014		0.208	0.088	
9.3							0.324		
10				0.126	0.126		0.020	0.060	
11				0.122	0.094	0.011		0.252	
12	0.060			0.167	0.140	0.014		0.032	
13	0.204			0.191	0.093	0.011			
13.2	0.020					0.011			
14	0.400			0.070	0.085	0.026			0.096
14.2	0.020								
15	0.160			0.012	0.052	0.049			0.092
15.2	0.064								
16	0.040			0.006	0.047	0.047			0.180
16.2	0.028								
17				0.006	0.064	0.070			0.288
17.2	0.020								
17.3						0.011			
18			0.020		0.031	0.044			0.252
18.2	0.020								
18.3						0.011			
19			0.068		0.019	0.082			0.076
19.2						0.011			
20			0.132		0.006	0.044			0.020
20.2						0.011			
21			0.176		0.006	0.035			
21.2			0.020			0.019			
22			0.196		0.006	0.011			
22.2			0.024			0.035			
23			0.124		0.006				
23.2			0.020			0.023			
24			0.136			0.011			
24.2			0.020			0.035			
25			0.096						
25.2						0.044			
26			0.020						
26.2						0.042			
27		0.052	0.020						
28		0.188				0.084			
28.2						0.084			
29		0.176							
29.2						0.052			
30		0.216				0.011			
30.2		0.044				0.063			
31		0.068							
31.2		0.084				0.028			
32		0.020							
32.2		0.116				0.023			
33		0.020				0.011			
33.2		0.040				0.011			
34						0.011			
34.2		0.020							
36						0.011			

## PIŚMIENICTWO

1. Janica J., Pepiński W., Skawrońska M., Niemcunowicz-Janica A.: Polimorfizm 10 autosomalnych loci STR w populacji Podlasia – rozszerzenie typowego panelu badawczego. Arch. Med. Sąd. Kryminol. 2007, 57, 248-251.

2. Kuźniar P., Płoski R.: STR data for the Powerplex 16 loci in a population from Central Poland. Forensic Sci. Int. 2004, 139, 261-263.

3. Jacewicz R., Berent J., Prośniak A., Gałęcki P., Florkowski A., Szram S.: Population genetics of the Identifiler system in Poland. Int. Congress Ser. 2004, 1261, 229-232.

4. National Research Council Report II. The Evaluation of Forensic DNA Evidence. National Academy Press, Washington, D.C. 1996, pp. 96-97.

5. Budowle B., Giusti A. M., Waye J. S., Baechtel F. S., Fourney R. M., Adams D. E., Presley L. A., Deadman H. A., Monson K. L.: Fixed-bin analysis

for statistical evaluation of continuous distributions of allelic data from VNTR loci for use in forensic comparisons. Am. J. Hum. Genet. 1991, 48, 841-855.

6. 2003 Paternity Testing Workshop of the English Speaking Working Group of the ISFG. Report 11.05.2003.

7. Berent J.: DNASat wersja 1.0 – program do obsługi bazy danych profili genetycznych oraz do obliczeń biostatystycznych. Arch. Med. Sąd. Kryminol. 2006, 56, 15-18.

8. [http://wpia.uni.lodz.pl/index.php?go=katedry/katedra\\_info.php?kat=5170000](http://wpia.uni.lodz.pl/index.php?go=katedry/katedra_info.php?kat=5170000).

Adres do korespondencji:

Prof. Jarosław Berent

Katedra i Zakład Medycyny Sądowej

Uniwersytetu Medycznego w Łodzi

ul. Sędziowska 18a

91-304 Łódź

[JBerent@eranet.pl](mailto:JBerent@eranet.pl)