

11. Schmidt U., Lutz S., Roewer L. (2003): A nomenclature for YCA II which is compatible with the ISFG guidelines for Y-STR analysis, Int. Congr. Ser. 1239, 481-485. - 12. Singer V.L., Jones L.J., Yue S.T., Haugland R.P. (1997): Characterization of PicoGreen reagent and development of a fluorescence-based solution assay for double-stranded DNA quantitation, Anal. Biochem. 249, 228-238. - 13. Walsh P.S., Fildes N.J., Reynolds R. (1996): Sequence analysis and characterization of stutter products at the tetranucleotide repeat locus vWA, Nucleic Acids Res. 24, 2807-2812.

Adres pierwszego autora:
Katedra i Zakład Medycyny Sądowej AM
ul. Marii Skłodowskiej-Curie 3A
80-210 Gdańsk

Renata Jacewicz, Jarosław Berent, Katarzyna Bąbol, Stefan Szram

Rozkład częstości alleli w 10 loci STR w regionie centralnej Polski¹

The allele distribution of the ten STR loci in Central Poland population

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

Przedstawiono bazę danych dla 10 loci STR: D3S1358, vWA, D16S539, D2S1338, D8S1179, D21S11, D18S51, D19S433, TH01, FGA opracowaną na podstawie analizy 350-osobowej próby populacyjnej z regionu Polski centralnej (region łódzki). Wykazano stan równowagi Hardyego i Weinberga (HWE) dla badanych układów. Przeprowadzono analizę porównawczą uzyskanych rozkładów z innymi populacjami.

Allele frequency data for ten STR loci: D3S1358, vWA, D16S539, D2S1338, D8S1179, D21S11, D18S51, D19S433, TH01, FGA were estimated in a sample of 350 unrelated individuals in Central Poland population (Łódź region). The accordance with the Hardy and Weinberg equilibrium (HWE) for all investigated loci was proved. The allele distributions were compared to the similar data for other populations.

Słowa kluczowe: STR multiplex, dane populacyjne, region łódzki, Polska centralna

Key words: multiplex STR, population data, Łódź region, Central Poland

WSTĘP

Jednoczesna amplifikacja wielu loci STR z różnych miejsc ludzkiego DNA tzw. STR multiplex jest podstawową techniką badawczą stosowaną w genetyce sądowej. Wykorzystując tę technikę opracowaliśmy rozkład częstości alleli dla

czteronukleotydowych sekwencji powtarzalnych zlokalizowanych na 10 różnych autosomach: D3S1358, vWA, D16S539, D2S1338, D8S1179, D21S11, D18S51, D19S433, TH01 i FGA w próbie populacyjnej z regionu łódzkiego (Polska centralna).

MATERIAŁY I METODY

Materiał do badań stanowiła krew pochodząca od 350 zdrowych, niespokrewnionych osób z regionu łódzkiego (Polska centralna). Genomowe DNA izolowano stosując metodę solną (3) bądź membrany jonowymienne (A&A Biotechnology). Amplifikację DNA wykonano wykorzystując zestawy AmpliSTR (Applied Biosystems) wg przepisu firmy (User's Manual). Detekcję produktów amplifikacji przeprowadzano w sekwenatorze ABI Prism 377 wobec standardu wielkości GeneScan-500 stosując oprogramowanie GeneScan wersję 3.7 NT (Applied Biosystems). Częstości alleli obliczono na podstawie uzyskanych genotypów z zastosowaniem programu Power Status (6). Testy korelacji dla 45 możliwych kombinacji par loci i ocena równowagi Hardy'ego i Weinberga (HWE) w oparciu o test exact zostały przeprowadzone z zastosowaniem programu komputerowego GDA (4). Porównywanie między populacjami wykonano z zastosowaniem testu χ^2 i testu Carmody'ego z pakietu RXC jego autorstwa.

WYNIKI I OMÓWIENIE

Dane o częstościach alleli dla 10 STR loci w próbie populacyjnej z regionu Polski centralnej jak i ocenę stanu HWE zebrano w tabeli 1.

Ocena zgodności rozkładu obserwowanego i oczekiwanego w populacji 350 osób niespokrewnionych, przeprowadzona w oparciu o test exact, nie wykazała odchylenia od stanu HWE w zakresie 10 badanych układów. Nie wykazano korelacji pomiędzy allelami badanych układów (dane nie prezentowane), co potwierdza ich niezależne dziedziczenie i pozwala na mnożenie częstości profili w poszczególnych układach.

Uzyskany rozkład alleli w badanej populacji zestawiono z podobnymi danymi dla populacji Słowenii (2), Czech (7), Austrii (5) i Turcji (1). Nie odnotowano statystycznie znamiennych różnic między badaną populacją polską a populacją Słowenii, Czech i Austrii, za wyjątkiem lokus D12S11. Statystyczną niezgodność ($p < 0.05$) rozkładów odnotowano w tym lokus we wszystkich analizowanych populacjach. Badana populacja z regionu centralnej Polski różni się najbardziej od populacji Turcji. Za wyjątkiem lokus D18S51 i D19S433 statystycznie znamienne różnice ($p < 0.05$) występują między obiema populacjami w obrębie wszystkich badanych loci.

Tabela I. Rozkład częstości alleli w 10 loci STR w regionie łódzkim (Polska centralna).

Table I. The distribution of allele frequencies for the 10 STR loci in the Łódź region (Central Poland).

Allele	D8S1179	D21S11	D3S1358	TH01	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	D18S51	FGA
6	–	–	–	0.226	–	–	–	–	–	–
7	–	–	–	0.120	–	–	–	–	–	–
8	0.020	–	–	0.114	0.006	–	–	–	–	–
9	0.010	–	–	0.211	0.066	–	–	–	–	–
9.3	–	–	–	0.317	–	–	–	–	–	–
10	0.056	–	–	0.011	0.039	–	–	–	0.007	–
11	0.074	–	–	–	0.321	–	–	–	0.014	–
12	0.194	–	0.003	–	0.336	–	0.066	–	0.106	–
13	0.293	–	0.006	–	0.201	–	0.226	–	0.111	–
13.2	–	–	–	–	–	–	0.013	–	–	–
14	0.224	–	0.159	–	0.030	–	0.356	0.109	0.164	–
14.2	–	–	–	–	–	–	0.026	–	–	–
15	0.103	–	0.229	–	0.001	0.003	0.183	0.100	0.159	–
15.2	–	–	–	–	–	–	0.051	–	–	–
16	0.021	–	0.236	–	–	0.069	0.044	0.183	0.156	0.001
16.2	–	–	–	–	–	–	0.024	–	–	–
17	0.004	–	0.194	–	–	0.187	–	0.264	0.130	0.001
17.2	–	–	–	–	–	–	0.006	–	–	–
18	–	–	0.164	–	–	0.073	0.001	0.247	0.087	0.019
18.2	–	–	–	–	–	–	0.004	–	–	–
19	–	–	0.009	–	–	0.110	–	0.084	0.027	0.089
20	–	–	0.001	–	–	0.141	–	0.013	0.021	0.116
21	–	–	–	–	–	0.033	–	–	0.009	0.166
21.2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	0.003
22	–	–	–	–	–	0.011	–	–	0.007	0.189
22.2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	0.019
23	–	–	–	–	–	0.117	–	–	0.001	0.124
23.2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	0.003
24	–	–	–	–	–	0.124	–	–	–	0.154
24.2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	0.007
25	–	–	–	–	–	0.116	–	–	–	0.083
26	–	0.001	–	–	–	0.014	–	–	–	0.021
27	–	0.036	–	–	–	0.001	–	–	–	0.006
28	–	0.166	–	–	–	–	–	–	–	–
29	–	0.180	–	–	–	–	–	–	–	–
29.2	–	0.001	–	–	–	–	–	–	–	–
30	–	0.247	–	–	–	–	–	–	–	–
30.2	–	0.049	–	–	–	–	–	–	–	–
31	–	0.060	–	–	–	–	–	–	–	–
31.2	–	0.086	–	–	–	–	–	–	–	–
32	–	0.009	–	–	–	–	–	–	–	–
32.2	–	0.120	–	–	–	–	–	–	–	–
33	–	0.003	–	–	–	–	–	–	–	–
33.2	–	0.039	–	–	–	–	–	–	–	–
34.2	–	0.004	–	–	–	–	–	–	–	–
HWE *	0.826	0.562	0.912	0.225	0.373	0.843	0.304	0.072	0.751	0.920

HWE* – wartości prawdopodobieństwa testu exact w ocenie równowagi Hardy'ego i Weiberga w oparciu o 3200 losowych permutacji

HWE* – Hardy and Weiberg equilibrium probability values of exact test based on 3200 shufflings

PODSUMOWANIE

Uzyskana baza danych o rozkładach alleli w zakresie 10 badanych markerów STR zostanie wykorzystana we własnej populacji do obliczeń prawdopodobieństw

stwa ojcostwa jak i częstości wystąpienia określonego profilu DNA oraz jako populacyjna próba kontrolna w badaniach klinicznych.

PIŚMIENNICTWO

1. Cakir A.H., Celebioglu A., Altunbas S.: STR data for the AmpFISTR SGM Plus from Marmara region of Turkey. *Forensic Sci. Int.*, 2002, 127, 240-242. - 2. Drobic K., Regent A., Budowle B.: STR data for the AmpFISTR SGM plus from Slovenia. *Forensic Sci. Int.*, 2001, 115, 107-109. - 3. Lahiri D.K., Numberger Jr. J. I.: A rapid non enzymatic method for RFLP studies. *Nucleic Acids Res.*, 1991, 19, 5444. - 4. Lewis P.O., Zaykin D.: Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0, 1997, <http://chee.unm.edu/gda/> - 5. Steinlechner M., Berger B., Scheithauer R., Parson W.: Population genetics of ten STR loci AmpFISTR SGM plus in Austria. *Int. J. Legal Med.* 2001;114:288-290. - 6. Tereba A.: Tools for analysis of population statistics: Promega Corporation, Profiles DNA, 2, 1999, 14-164. - 7. Vanek D., Hradil R., Budowle B.: Czech population data on 10 short tandem repeat loci of SGM Plus system kit using DNA purified in FTA™ cards. *Forensic Sci. Int.*, 2001, 119, 107-108.

Adres pierwszego autora:
Katedra i Zakład Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego w Łodzi
ul. Sędziowska 18 a
91-304 Łódź

Ewa Pufal, Marzena Sykutera, Karol Śliwka

Oznaczanie bromochlorodifluorometanu (Halon 1211) w materiale biologicznym metodą chromatografii gazowej z detektorem masowym (GC/MS)"

Determination of bromochlorodifluoromethane (Halon 1211) in biological material by gas chromatography with mass detector

Z Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej AM w Bydgoszczy
Kierownik: prof. dr hab. K. Śliwka

W pracy przedstawiono metodę oznaczania bromochlorodifluorometanu (Halon 1211) w materiale biologicznym (krew, wycinki narządów wewnętrznych) metodą chromatografii gazowej sprzężonej ze spektrometrią masową (GC/MS). Po inkubacji prób w temperaturze 65°C, po 15 minutach pobierano 10 µl powietrza z nadroztworu, który analizowano z wykorzystaniem kolumny kapilarnej DB-5ms (30m x 0,25mm x 0,25µm). Analizę ilościową wykonano w opcji monitorowania pojedynczych jonów (SIM) - m/z 85 i m/z 87. Opracowaną metodę wykorzystano w celu oznaczenia stężenia bromochlorodifluorometanu w materiale biologicznym pobranym ze zwłok mężczyzny, którego zgon nastąpił wskutek odurzenia się zawartością gaśnicy halonowej.

A gas chromatographic method with mass spectrometry has been developed for the determination of bromochlorodifluoromethane (Halon 1211) in biological material (whole blood, organ samples). After incubation of the sample (temp. 65°C, 15 min), 10 µl of the headspace is analysed using a capillary column DB-5ms (30m x 0,25mm x 0,25µm). Quantitative analysis was made with the use of a single ion monitoring option - m/z 85 and m/z 87. This developed method was used to determine the concentration of bromochlorodifluoromethane in biological material collected from the body of the man whose death was due to intoxication of halon 1211 - fire-extinguisher contents.

Słowa kluczowe: bromochlorodifluorometan, halon 1211, chromatografia gazowa sprzężona ze spektrometrią masową, materiał biologiczny

Key words: bromochlorodifluoromethan, halon 1211, gas chromatography with mass spectrometry, biological material