

Kornelia Droździok, Jadwiga Kabiesz

## Polimorfizm lokus STR F13B w populacji Górnego Śląska

### Polymorphism of STR system F13B in the Upper Silesian population

Z Katedry Medycyny Sądowej Śląskiej Akademii Medycznej w Katowicach  
Kierownik: dr hab. n. med. Z. Olszowy

Praca przedstawia wyniki badań lokus F13B w populacji Górnego Śląska. Badania przeprowadzono w grupie 433 osobników. Obserwowano następujące częstości alleli: F13B\*6=0.0982; F13B\*7=0.0127; F13B\*8=0.2286, F13B\*9=0.2494, F13B\*10=0.4042, F13B\*11=0.0046 i F13B\*12=0.0023. Wartości charakteryzujące polimorfizm układu to: siła dyskryminacji PD=0.8702, heterozygotyczność obserwowana  $Ht_{obs.}$ =0.7021, heterozygotyczność oczekiwana  $Ht_{ocz.}$ =0.7132, prawdopodobieństwo przypadkowej zgodności profili genetycznych PM=0.1298, siła wykluczeniowa układu MEC=0.4647, współczynnik informacji polimorficznej PIC=0.6630, średnie prawdopodobieństwo wykluczenia MEP=0.4315. Badana populacja znajduje się w równowadze genetycznej zgodnej z prawem Hardy'ego-Weinberga. Częstości genowe są zbliżone do obserwowanych w pięciu innych populacjach polskich. Populacja polska wykazuje homogenność.

The paper shows the results of studies on locus F13B in the population of Upper Silesia. The examinations were performed in the group of 433 unrelated adults. The following genes frequencies were observed: F13B\*6=0.0982; F13B\*7=0.0127; F13B\*8=0.2286, F13B\*9=0.2494, F13B\*10=0.4042, F13B\*11=0.0046 and F13B\*12=0.0023. DNA was isolated using Blood DNA Prep Plus of A&A Biotechnology. Amplification was carried out in a Perkin Elmer GeneAmp PCR System 2400 thermal cycler, using GenePrint STR System F13B (1q31-q32.1) of Promega Corporation, Madison, WI, USA. PCR products were electrophoretically separated by high-resolution polyacrylamide gel – GDG of Perkin Elmer. Gels were stained by the silver method. The  $\chi^2$  test, exact and Carmody test were used for statistical analysis. The identification values of the system were: PD, Ht, PM,

MEC, PIC, MEP. The analysis of the studies showed that the examined population was in the genetic equilibrium conformable to the Hardy-Weinberg's principle. The estimated gene frequencies were similar to those observed in five other Polish populations. The population of Poland was demonstrated to be homogenous.

Słowa kluczowe: lokus F13B, populacja Górnego Śląska, genetyka populacyjna, analiza statystyczna  
Key words: STR system F13B, the Upper Silesia population, population genetics, statistical analysis

#### WPROWADZENIE

Polimorficzny układ F13B jest jednym z markerów genetycznych stosowanych w hemogenetyce sądowej. Badane sekwencje F13B leżą w intronowym odcinku ludzkiego genu czynnika krzepnięcia krwi XIII. Składa się on z około 28 tysięcy nukleotydów i posiada 12 odcinków kodujących oraz 11 intronów, przy czym sekwencje intronowe stanowią 92% tegoż genu. Lokus F13B zlokalizowany jest na krótkim ramieniu w autosomalnym chromosomie 1 w regionie q31-q32.1 [1]. Polimorfizm układu F13B wynika ze zmiennej liczby powtarzającej się sekwencji czteronukleotydowej TTTA (powszechnie sekwencja kanoniczna powtarza się od 6 do 11 razy). Długość amplifikowanych fragmentów wynosi od 169 dla allelu 6 do 193 par zasad dla allelu 12 [2].

Badania populacyjne układu F13B prowadzono w wielu regionach Europy, Azji i obu Ameryk [3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10]. W Polsce oznaczano polimorfizm F13B w pięciu regionach: w pomorsko-kujawskim, w Polsce północno-wschodniej, Polsce północnej, w

Polsce południowej i Polsce południowo-wschodniej [11, 12, 13, 14 i 15].

Celem niniejszej pracy było:

- określenie częstości występowania alleli z lokus F13B w populacji Górnego Śląska;
- ocena zgodności rozkładu alleli z prawem Hardy’ego-Weinberga;
- porównanie rozkładu częstości występowania alleli w badanej populacji z pięcioma regionami Polski, populacjami europejskimi i wybranymi populacjami świata (test homogenności);
- obliczenie parametrów oceniających przydatność układu F13B w medycynie sądowej;
- pokazanie przydatności oznaczenia jednego markera genetycznego, dwóch, trzech i więcej.

## MATERIAŁ I METODYKA

Materiał do badań populacyjnych stanowiły 433 próby krwi pochodzące od osób dorosłych, niespokrewnionych, płci męskiej i żeńskiej. Krew pobraną na EDTA wylewano na bibułę filtracyjną i suszono. Z suchych plam izolowano DNA zestawem do izolacji DNA – Blood DNA Prep Plus firmy A&A Biotechnology.

Amplifikację wykonywano metodą PCR [16, 17] zgodnie z rekomendacją producenta zestawu GenePrint STR System F13B firmy Promega Corporation, Madison, WI, USA [14]. Produkty amplifikacji PCR rozdzielano techniką elektroforezy wertykalnej (aparatury do elektroforezy S 2001 i S-32 firmy Life Technologies firmy Gibco BRL) w systemie buforowym, na żelu poliakrylamidowym GDG firmy Perkin Elmer. Barwienie elektroforegramów wykonywano metodą srebrową [17]. Allele określano porównując wizualnie namnożone fragmenty z „drabinami alleli” firmy Perkin Elmer [2]. Pozadrabinowy allel 12 weryfikowano przez ponowną izolację (po 23 miesiącach) i amplifikację. Pozadrabinowego allela nie sekwencjonowano z uwagi na brak takiej możliwości. W genowym banku danych ([www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str\\_f13b.htm](http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_f13b.htm)) jest podawany za allel obserwowany o znanej sekwencji. W populacji polskiej jest opisywany w dwóch regionach Polski.

Opracowanie wyników stanowiło wyliczenie obserwowanych i oczekiwanych liczebności i częstości genotypów przy zastosowaniu równania Hardy’ego-Weinberga. W badaniach statystycznych ocenę zgodności między oczekiwanymi i obserwowanymi genotypami prowadzono z zastosowaniem testu  $\chi^2$  przy 21 stopniach swobody  $df=21$  i testu Exact

z zastosowaniem programu TFGA. Charakterystyka statystyczna lokus F13B obejmuje również następujące parametry statystyczne świadczące o przydatności układu w medycynie sądowej: PD – siła dyskryminacji, PE – siła wykluczająca układu, PIC – zawartość informacji polimorficznej, PM – prawdopodobieństwo przypadkowej zgodności, średnie prawdopodobieństwo wykluczenia MEP, Ht – heterozygotyczność układu (wg obowiązujących wzorów). Do obliczeń stosowano program FatRec.

Porównanie homogenności rozkładu alleli pomiędzy badaną populacją a innymi populacjami przeprowadzono testem Carmody’ego. Program ten dokonuje obliczeń kreując 1000 symulowanych tabel zawierających sumaryczną liczbę alleli, jak dla wartości obserwowanych.

## WYNIKI I DYSKUSJA

Zastosowana metoda rozdziału produktów amplifikacji markera F13B pozwala na prawidłową separację fragmentów i łatwą identyfikację genotypów. W przebadanej grupie 433 osób dorosłych, niespokrewnionych, płci męskiej i żeńskiej stwierdzono obecność wszystkich siedmiu alleli: 6, 7, 8, 9, 10, 11 i 12 wymienionych w piśmiennictwie.

Najczęściej występującym allelem w populacji Górnego Śląska jest allel 10-40.4% populacji, allel 9-24.9% i allel 8-22.9%, najrzadszym 12-0.232% populacji.

Obserwowano obecność siedemnastu genotypów: 6-6, 6-7, 6-8, 6-9, 6-10, 7-9, 7-10, 8-8, 8-9, 8-10, 8-12, 9-9, 9-10, 9-11, 9-12, 10-10 i 10-11, spośród 28 możliwych dla siedmiu spotkanych alleli. Najrzadziej występującym genotypem jest 6-7, 8-12, 9-11 i 9-12, zaś najczęstszym 8-10. W badanym lokus nie stwierdzono interalleli.

Tabela I przedstawia częstości występowania genotypów obserwowanych i oczekiwanych w układzie F13B u 433 osób niespokrewnionych oraz częstości występowania alleli w badanej populacji.

Analiza danych w oparciu o test  $\chi^2$  wykazała, że badana populacja Górnego Śląska w obrębie lokus F13B znajduje się w równowadze genetycznej zgodnej z prawem Hardy’ego-Weinberga dając wartości  $\chi^2=15.2141$  przy 21 stopniach swobody i  $p=0.8121$  z uwagi na zgodność między danymi oczekiwanymi i obserwowanymi. Różnice między wartościami obserwowanymi i oczekiwanymi nie są statystycznie istotne. Badanie zgodności rozkładu genotypów obserwowanych i oczekiwanych z wykorzystaniem testu Exact metodą Monte Carlo i Markov-Chain dało wartość  $p=1.0000$  i  $p=0.5350$  przy  $S.E=0.0000$  i  $S.E.=0.0482874$ , co również potwierdziło spełnienie prawa genetyki populacyjnej.

Tabela I. Liczebność i częstość obserwowana i oczekiwana genotypów oraz częstość alleli lokus F13B w populacji Górnego Śląska.

Table I. Observed and expected number and frequency of genotypes and allele frequencies of F13B system in the Upper Silesia population.

Genotypy F13B Genotype of F13B	Liczebność genotypów Number of genotypes		Częstość genotypów Genotype frequency		Częstość alleli Allele frequency	
	Obserwowana observed	Oczekiwana Expected	Obserwowana Observed	Oczekiwana Expected		
6-6	3	4.1715	0.0069	0.0096	F13B*6	0.0982
6-7	1	1.0797	0.0023	0.0025		
6-8	14	19.4342	0.0323	0.0449		
6-9	26	21.2009	0.0600	0.0490		
6-10	38	34.3533	0.0878	0.0793		
6-11	0	0.3926	0.0000	0.0009		
6-12	0	0.1963	0.0000	0.0005		
7-7	0	0.0699	0.0000	0.0002	F13B*7	0.0127
7-8	0	2.5150	0.0000	0.0058		
7-9	3	2.7436	0.0069	0.0063		
7-10	7	4.4457	0.0162	0.0103		
7-11	0	0.0508	0.0000	0.0001		
7-12	0	0.0254	0.0000	0.0001		
8-8	28	22.6351	0.0647	0.0523	F13B*8	0.2286
8-9	43	49.3857	0.0993	0.1141		
8-10	84	80.0231	0.1940	0.1848		
8-11	0	0.9145	0.0000	0.0021		
8-12	1	0.4573	0.0023	0.0011		
9-9	30	26.9376	0.0693	0.0622	F13B*9	0.2494
9-10	82	87.2979	0.1894	0.2016		
9-11	1	0.9977	0.0023	0.0023		
9-12	1	0.4988	0.0023	0.0012		
10-10	68	70.7275	0.1570	0.1633	F13B*10	0.4042
10-11	3	1.6166	0.0069	0.0037		
10-12	0	0.8083	0.0000	0.0019		
11-11	0	0.0092	0.0000	0.0000	F13B*11	0.0046
11-12	0	0.0092	0.0000	0.0000		
12-12	0	0.0023	0.0000	0.0000	F13B*12	0.0023
$\chi^2=15.2141$ $p=0.8121$ $df=21$ Exact test (Monte Carlo) $p=1.0000$ $SE=0.00000$ Exact test (Markov Chain) $p=0.5350$ $SE=0.0482874$						

Porównanie częstości występowania alleli w badanym lokus w populacji Górnego Śląska i pięciu regionach Polski przedstawia tabela II. Jedynie w obrębie allelu 11 i 12 nastąpiła zauważalna odmiennosc wartości częstości, która jednak nie wpłynęła na dalszy przebieg analizy statystycznej. Zaobserwowana niejednorodność wynika prawdopodobnie z różnic regionalnych i różnej ilości prób. Wysoka wartość prawdopodobieństwa zgodności z prawem Hardy'ego-Weinberga świadczy o poprawnym genotypowaniu.

W tabeli III porównano rozkład częstości genowych systemu F13B w populacji Górnego Śląska z rozkładem częstości genowych w regionie Polski północnej [14], Polski południowej [15], Polski północno-wschodniej [11], regionu Pomorze-Kujawy [13] i Polski południowo-wschodniej [12] testem homogenności (test Carmody'ego). W teście nie wykazano znamienych statystycznie różnic dla badanych alleli F13B pomiędzy populacją Górnego Śląska, a pozostałymi pulacjami. Populacja Polska jest homogenna.

Tabela II. Porównanie częstości alleli lokus F13B w populacji Górnego Śląska i innych regionach Polski.

Table II. Comparison of the allele frequencies locus F13B in the population of Upper Silesia and in other Polish population samples.

Allele F13B	Górny Śląsk Upper Silesia	Polska płd.[15] South Poland	Polska płd.-wsch. [12] South-East Poland	Polska płn.-wsch. [11] North-East Poland	Region Pomorze i Kujawy [13] The Pomerania- Kujawy Region	Polska północna [14] North Poland
6	0.0982	0.0820	0.0916	0.1010	0.0762	0.0830
7	0.0127	—	0.0159	0.0150	0.0143	0.0250
8	0.2286	0.2650	0.2092	0.2270	0.2381	0.2120
9	0.2494	0.2000	0.2450	0.2220	0.2286	0.2390
10	0.4042	0.4470	0.4343	0.4330	0.4357	0.4280
11	0.0046	0.0060	0.0040	0.0020	0.0048	0.0110
12	0.0023	—	—	—	0.0023	0.0020

Tabela III. Homogenność populacji polskiej – test Carmody'ego.

Table III. Homogeneity of Polish population – the Carmody test.

Porównywane populacje Compared populations	Test $\chi^2$ $\chi^2$ test			Test G G test			Homogenne $p \geq 0.05$ tak Homogeneous $p \geq 0.05$ yes Niehomogenne $p < 0.05$ nie Non-homogeneous $p < 0.05$ no
	$\chi^2$	p	SE	G	P	SE	
Górny Śląsk Upper Silesia							
Polska płd.-wsch. [12] South-East Poland	2.8316	0.8670	0.0107	3.4982	0.8300	0.0119	Tak yes
Polska płd. [15] South Poland	10.7747	0.0920	0.0091	14.3392	0.3200	0.0056	Tak yes
Polska płn-wsch. [11] North-East Poland	2.8411	0.8470	0.0114	3.4775	0.8100	0.0124	Tak yes
Reg. Pom. i Kujawy [13] The Pomeran.-Kujawy	4.3873	0.6480	0.0150	4.3971	0.6560	0.0150	Tak yes
Polska północna [14] North Poland	8.2896	0.2100	0.0129	8.4300	0.2520	0.0137	Tak yes
Populacja POLSKA Polish population	32.5366	0.3240	0.0148	38.1773	0.1750	0.0120	Tak yes

W tabeli IV zebrano wyniki statystycznego porównania homogenności rozkładu częstości alleli F13B pomiędzy badaną populacją Górnego Śląska a populacjami Europy. Z przeprowadzonych badań z zastosowaniem testu Carmody'ego wynika, że otrzymane w teście wartości p wskazują na odrzucenie hipotezy zgodności rozkładu alleli F13B jedynie pomiędzy populacją Górnego Śląska i Romów węgierskich [6] z uwagi na istotne różnice. Wyłączenie populacji Romów węgierskich z obliczeń w teście Carmody'ego pozwoliło na stwierdzenie, że populacja europejska jest homogenna – nie wykazano znamienych statystycznie różnic dla badanych alleli F13B.

Tabela V obrazuje statystyczne porównanie homogenności rozkładu częstości alleli pomiędzy badaną populacją Górnego Śląska, a innymi populacjami świata. W lokus F13B na poziomie istotności 0.05 populacja białych Amerykanów nie wykazała znamienych statystycznie różnic [2]. Natomiast znamienne statystycznie różnice w rozkładzie alleli obserwowano w pozostałych badanych populacjach [2, 7, 10].

W tabeli VI ukazano charakterystykę statystyczną układu F13B, gdzie: siła dyskryminacji PD = 0.8702, heterozygotyczność obserwowana i oczekiwana wynosi 0.7021 oraz  $0.7132 \pm 0.0111$ , prawdopodobieństwo przypadkowej zgodności profilu genetycznego

PM – 0.1298, zawartość informacji polimorficznej – wartość PIC 0.6630, wreszcie siła wykluczająca układu PE odpowiednio równa się 0.4647.

Dla zobrazowania przydatności locus F13B w tabeli VII przedstawiono porównanie parametrów statystycznych tego locus z parametrami innych markerów genetycznych (CSF1PO, TPOX, TH01,

F13B, HPRTB, F13A01, FESFPS, VWA, D13S317, D7S820, D16S539) [12, 15, 18, 19, 20].

Uzyskane wartości statystyczne charakteryzujące locus STR F13B istotne dla badań spornego ojcostwa i identyfikacji śladów biologicznych nie odbiegają od wartości uzyskanych dla innych regionów Polski.

Tabela IV. Homogenność populacji Górnego Śląska z innymi populacjami Europy – test Carmody’ego.

Table IV. Homogeneity of the population of Upper Silesia and other European populations – the Carmody test.

Porównywane populacje Compared populations	Test $\chi^2$ $\chi^2$ test			Test G G test			Homogenne $p \geq 0.05$ Homogeneous $p \geq 0.05$ Niehomogenne $p < 0.05$ Non-homogeneous $p < 0.05$
	$\chi^2$	p	SE	G	p	SE	
Górny Śląsk Upper Silesia							
Chorwaci [8] Croatia	6.2154	0.2880	0.1410	7.1643	0.2650	0.0142	Tak yes
Niemcy [3] Germany	3.1627	0.5370	0.0158	3.2264	0.5280	0.0158	Tak yes
Hiszpanie [9] Spanish	6.9132	0.2900	0.0143	7.6546	0.2930	0.0144	Tak yes
Szwajcarzy [4] Switzerland	10.4156	0.2100	0.0099	11.5135	0.1150	0.0089	Tak yes
Węgrzy [5] Hungarian	7.5903	0.2560	0.0138	8.4631	0.2400	0.0135	Tak yes
Węgierscy Romowie [6] Hungarian Romany	28.2805	0.0000	0.0000	29.2767	0.0000	0.0000	Nie no
Turcy [3] Turks	9.7376	0.2820	0.0112	10.1451	0.1370	0.0098	Tak yes
POPULACJA EUROPEJSKA EUROPEAN POPULATION	64.5533	0.0010	0.0012	72.1611	0.0000	0.0000	Nie no
POPULACJA EUROPEJSKA z wyłączeniem węgierskich Romów European population without of Hungarian Romany	37.7858	0.2130	0.0083	39.4637	0.0910	0.1050	Tak yes

Tabela V. Homogenność populacji Górnego Śląska z innymi populacjami świata – test Carmody’ego.

Table V. Homogeneity of the population of Upper Silesia and other world populations – the Carmody test.

Porównywane populacje Compared populations	test $\chi^2$ $\chi^2$ test			test G G test			Homogenne $p \geq 0.05$ Homogeneous $p \geq 0.05$ Niehomogenne $p < 0.05$ Non-homogeneous $p < 0.05$
	$\chi^2$	P	SE	G	P	SE	
Górny Śląsk Upper Silesia							
Japończycy [10] Japanese	158.0737	0.0000	0.0000	164.5357	0.0000	0.0000	Nie no
Tajlandia [7] Thailand	122.7237	0.0000	0.0000	124.4941	0.0000	0.0000	Nie no
Czarni Amerykanie [2] African-Americans	329.5172	0.0000	0.0000	334.9346	0.0000	0.0000	Nie no
Biali Amerykanie [2] Caucasian-Americans	3.6754	0.0160	0.0040	3.6788	0.7640	0.0134	Tak yes
Hiszpańscy Amerykanie [2] Hispanic-Americans	37.6429	0.6510	0.0151	39.5608	0.0000	0.0000	Nie no
POPULACJE ŚWIATA WORLD POPULATIONS	611.6006	0.0000	0.0000	478.2935	0.0000	0.0000	Nie no

Tabela VI. Wartości statystyczne lokus F13B wyliczone na podstawie badań własnych.

Table VI. Statistical parameters of F13B system estimated by the authors.

Układ System	PD	H <sub>ocz</sub>	MEC	PM	PIC	MEP
--------------	----	------------------	-----	----	-----	-----

Tabela VII. Porównanie własności statystycznych układu F13B z innymi układami STR.  
Table VII. Comparison of statistical parameters of F13B system with other systems.

Układ System	PD	PIC	MEC	PM	H <sub>ocz.</sub>	MEP
F13B [own]	0.8702	0.6630	0.4647	0.1298	0.7132	0.4315
[12]	0.8569	0.6447	0.4477	0.1431-	0.6766	0.3930
[15]	0.846	0.629	0.4830	-0.1540	0.6830	0.3970
LPL [own]	0.8581	0.6569	0.4580	0.1419	0.7102	0.4616
[15]	0.8580	0.6490	0.5040	0.1420-	0.7030	0.4130
[12]	0.8388	0.6260	0.4240	-0.1612	0.7142	0.4507
HPRTB [15]	0.8860	0.6900	0.5510	0.1140-	0.7310	0.4680
[12]	0.8698	0.6834	0.4974	0.1302-	0.7314	0.4730
CSF1PO [20]	0.8664	0.6727	0.4754	0.1336	0.7251	0.4635
TPOX [20]	0.8012	0.5593	0.3673	0.1988	0.6128	0.2678
TH01 [20]	0.8986	0.7168	0.5325	0.1014	0.7567	0.5314
F13A01 [18]	0.8728	0.6694	0.4785	0.1272	0.7424	0.4623
FESFPS [18]	0.8527	0.6403	0.4388	0.1473	0.7304	0.4210
VWA [18]	0.9334	0.7755	0.6136	0.0666	0.8555	0.6083
D13S317 [19]	0.9290	0.7626	0.6017	0.0710	0.7809	0.5831
D7S820 [19]	0.9348	0.6159	0.6159	0.0652	0.7865	0.6192
D16S539 [19]	0.8908	0.6995	0.5120	0.1092	0.7662	0.5008

Zestawione parametry statystyczne, stanowiące ważny element przy przeprowadzaniu badań i wydawaniu opinii wskazują, że układ ten może być użytecznym narzędziem w identyfikacji osobniczej ze wskazaniem na dużą przydatność tego markera w badaniach kryminalistycznych. Wartość współczynników MEP i MEC wskazuje, że marker F13B może być z dużym powodzeniem stosowany w badaniach kompleksowych w połączeniu z innymi markerami DNA.

## PIŚMIENNICTWO

1. Webb G. C., Coggan M., Ichinose A., Board P. G.: Localization of the coagulation factor XIII B subunit gene (F13B) to chromosome bands 1q31-32.1 and restriction fragment length polymorphism at the locus. *Hum. Genet.*, 1989, 81 (2), 157-160.
2. Promega Corp. Gene Print™ STR Systems (Silver Stain Detection), Revised ed., June 1998.
3. Alper B., Meyer E., Schurenkamp M.: HumFES/FPS and HumF13B: Turkish and German population data. *Int. J. of Legal Med.* 1995, 108, 93-95.
4. Dimo-Simonin N., Grange F., Brandt-Casadevall C.: F13B and CD4 allele frequencies in South-West Switzerland. *Int. J. of Legal Med.*, 1997, vol 110, 109.

5. Füredi S., Woller J., Pádár Z.: A population study of the STR loci HumLPL, HumF13B and HumF13A01 in Hungary. *Int. J. Legal Med.* 1997, 110, 107-108.

6. Füredi S., Woller J., Pádár Z., Angyal M., Bajnoczky I., Nishi K.: Population genetic data on four STR loci in a Hungarian Romany population. *Int. J. Legal Med.* 1998, 112, 72-74.

7. Horst B., Eigel A., Sanguanserm Sri T.: Analysis of the short tandem repeat system HUMVWA and HUMF13B in a population sample from northern Thailand. *Int. J. of Legal Med.*, 1997, 110, 329-330.

8. Kubat M., Fura C. I., Strinovic D.: short tandem repeat polymorphism at the HUMCD4 and HUMF13B loci in a Croatian population, *Int. J. of Legal Med.*, 1997, 110, 230-231.

9. Martin P., Alonso A., Budowle B.: Spanish population data on 7 tetrameric short repeat loci. *Int. J. Legal Med.* 1995, 108, 145-149.

10. Nagai A., Yamada S., Watanabe Y.: Analysis of the STR loci HUMF13A01, HUMFXIII B, HUMLI-POL, HUMTH01, HUMTPOX and HUMVWFA31 in Japanese population. *Int. J. of Legal Med.*, 1996, 109, 34-36.

11. Janica J., Pepiński W., Skawrońska M.: The STR system FES/FPS and F13B in a Polish population. *Int. J. of Legal Med.*, 1997, 110, 329-330.

12. Koziół P., Ciesielka M., Mądro R., Krajka A.: Genetic data on 19 STR loci in south-east Poland. *Forensic Sci. Int.*, 2004, 139 (1), 89-92.
13. Miścicka-Słiwka D., Czarny J., Grzybowski T., Woźniak M.: Population genetics of 14 STRs: VWA, TH01, TPOX, CSF1PO, D5S818, D13S317, D7S820, D13S539, F13A01, FESFPS, F13B, LPL, D3S1358 and FGA in the Pomerania-Kujawy region of Poland. *Progress in Forensic Genetics* 7. 261-263.
14. Szczerkowska Z., Wysocka J., Kapińska E., Cybulska L.: Genetyczna zmienność w obrębie 14 loci typu VNTR w populacji Polski północnej. *Arch. Med. Sąd. i Krym.* 2001, 51, 3, 227-232.
15. Turowska B., Sanak M., Opolska-Bogusz B.: Częstości alleli układów STR: LPL, F13B i HPRTB w populacji Polski Południowej. *Arch. Med. Sąd. Krym.* 1999, 49, 149-152.
16. Allen R. C., Graves G., Budowle B.: Polymerase chain reaction amplification products separated on rehydratable polyacrylamide gels and stained with silver. *Bio Techniques* 1989, 7, 736.
17. Bassam B. J., Caetano-Anolles G., Gresshoff P. M.: Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. *Analytical Biochemistry.* 1991, 196, 80-83.
18. Raczek E.: Population data on the three STR (FFV) loci in the Upper Silesia (Poland). *J. Forensic Sci.*, 2001, 46, 6, 1522.
19. Raczek E.: Population data on the three STR loci in the Upper Silesia (Poland). *J. Forensic Sci.*, 2002, 47, 1, 228.
20. Raczek E., Drożdżiak K., Kabiesz J.: Polimorfizm loci typu STR: TH01, TPOX i CSF1PO w populacji Górnego Śląska; ich przydatność do badań spornego ojcostwa. *Z Zagadnień Nauk Sądowych* 2001, 45, 81-92.

Adres autora:  
Kornelia Drożdżiak  
Katedra Medycyny Sądowej  
Śląskiej Akademii Medycznej  
40-752 Katowice  
ul. Medyków 18