

Ewelina Dębska<sup>1</sup>, Piotr A. Nowakowski<sup>2</sup>, Renata Jacewicz<sup>1</sup>, Katarzyna Bąbol-Pokora<sup>1</sup>, Adam Prośniak<sup>1</sup>, Maciej Jędrzejczyk<sup>1</sup>, Jarosław Berent<sup>1</sup>

## Analiza genetyczna szczątków ludzkich ekshumowanych podczas badań archeologicznych na terenie byłego poligonu na Brusie w Łodzi

### Genetic analysis of human remains exhumed during archaeological excavations on former military training ground Brus in Lodz

<sup>1</sup> Z Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej UM w Łodzi  
Kierownik: prof. dr hab. n. med. J. Berent

<sup>2</sup> Z Katedry Bronioznawstwa i Kultury Materialnej Średniowiecza Instytutu Archeologii Uniwersytetu Łódzkiego

Celem pracy było przedstawienie wyników badań mających na celu uzyskanie profili genetycznych ofiar represji nazistowskich ekshumowanych w roku 2011 na terenie byłego poligonu wojskowego Brus w Łodzi. Badania, mające charakter identyfikacyjno-porównawczy, wykonywano w oparciu o materiał kostny przekazany przez Instytut Archeologii Uniwersytetu Łódzkiego, na zlecenie Oddziałowej Komisji Ścigania Zbrodni Przeciwko Narodowi Polskiemu Instytutu Pamięci Narodowej w Łodzi. Materiał porównawczy w tej sprawie stanowił wymaz z jamy ustnej pobrany od domniemanego syna jednej z ofiar. Izolację DNA przeprowadzono w oparciu o zestaw PrepFiler® BTA Forensic DNA Extraction Kits, stosując własne modyfikacje metody. Wyizolowany materiał genetyczny amplifikowano przy użyciu zestawu multipleksowego AmpFℓSTR® Identifiler® Plus PCR Amplification Kit, po czym poddano rozdzielaniu za pomocą elektroforezy kapilarnej. W oparciu o uzyskane wyniki zidentyfikowano 12 męskich profili genetycznych. Przeprowadzona analiza wykluczyła ojcostwo dziesięciu ofiar względem badanego mężczyzny. Analiza pozostałych prób nie pozwoliła na rozstrzygnięcie kwestii ojcostwa.

The aim of this study was the genetic identification of Nazi repression victims. Human remains were found in 2011 in the area of former military training ground BRUS in Lodz. Genetic tests were performed upon the request of the Departmental Commission for the Prosecution of Crimes against the

Polish Nation of the Institute of National Remembrance in Lodz. The research material was provided by the Institute of Archaeology (University of Lodz). It consisted of bones and teeth which were exhumed from mass Grave No 7. As a reference material we used a buccal swab collected from the putative son of one of the victims. Genomic DNA was extracted from the skeletal samples using the PrepFiler® BTA Forensic DNA Extraction Kit. DNA was amplified using the AmpFℓSTR® Identifiler® Plus PCR Amplification Kit and analyzed using an AB 3500 genetic analyzer. The obtained results showed 12 male genetic profiles. The analysis excluded paternity of 10 investigated victims. The genetic data of the remaining samples did not allow for paternity settlement.

Słowa kluczowe:

szczątki ludzkie, identyfikacja genetyczna, system PrepFiler, AmpFℓSTR Identifiler Plus, Łódź – Brus

Key words:

human remains, genetic identification, PrepFiler system, AmpFℓSTR Identifiler Plus, Lodz – Brus

## WSTĘP

Łódzkie osiedle Brus, pomimo swojej korzystnej lokalizacji i występującej na nim bujnej szaty roślinnej, przez wiele lat niszczone było działaniem woj-

ska. Obecnie teren ten nie jest już wykorzystywany przez swych wieloletnich właścicieli pełniąc rolę niekontrolowanego wysypiska śmieci. Plany odkupienia poligonu wojskowego Brus od władz wojskowych i zagospodarowania go przez Urząd Miasta Łodzi skłoniły do przeprowadzenia badań archeologicznych na tym terenie. Badania pozwoliły odkryć mroczną, skrywaną od kilkudziesięciu lat historię Łodzi. Związana ona była z ujawnieniem nieznanych dotychczas zbiorowych mogił przedstawicieli łódzkiej inteligencji – ofiar zbrodni popełnionej przez niemieckiego okupanta oraz władze PRL-u [1]. W wyniku przeprowadzonych prac archeologicznych, poczynając od 2008 roku, archeolodzy zidentyfikowali siedem masowych mogił. Kolejno odkryto i eksplorowano Groby: 1 w 2008 roku, 2 i 3 – w 2009, 4-6 – w 2010, 7 – w 2011 roku. Wśród ekshumowanych ofiar znaleziono materiały zabytkowe, tj. dokumenty czy przedmioty użytku codziennego, pozwalające na określenie tożsamości czterech ofiar z Grobu 1 [1, 2]. W większości przypadków identyfikacja osobnicza była niemożliwa. Z tego też względu w 2012 roku Oddziałowa Komisja Ścigania Zbrodni Przeciwko Narodowi Polskiemu IPN w Łodzi wydała postanowienie o przeprowadzeniu badań genetycznych zabezpieczonych szczątków ofiar. Badania te zostały przeprowadzone w Pracowni Genetyki Sądowej Zakładu Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego w Łodzi.

## BADANIA ARCHEOLOGICZNO- -POSZUKIWAWCZE

Badania na terenie byłego poligonu wojskowego Łódź – Brus prowadzone są, poczynając od 2008 roku przez pracowników Katedry Bronioznawstwa Instytutu Archeologii Uniwersytetu Łódzkiego przy udziale studentów archeologii. Badania archeologiczne prowadzone są na zlecenie Urzędu Miasta Łodzi, z którego ramienia współpracowali bezpośrednio z naukowcami pracownicy Działu Inwestycji i Promocji.

Celem, jaki postawiono przed ekipą badawczą było odnalezienie mogił ukrytych na poligonie. Według dokumentów, które przechowywane są przez Komisję Ścigania Zbrodni przeciwko Narodowi Polskiemu IPN w Łodzi, doniesień prasowych oraz informacji okolicznych mieszkańców, na terenie poligonu wojskowego Łódź – Brus Niemcy

rozstrzelali mieszkańców Łodzi w okresie 1939-1945. Po II wojnie światowej funkcjonariusze Urzędu Bezpieczeństwa mordowali na terenie poligonu członków ruchu oporu przeciwko władzy komunistycznej w Polsce. W badaniach dotyczących czasów powojennych, szczególny nacisk położono na odnalezienie mogiły rozstrzelanego i najpewniej pochowanego na poligonie S. Sojczyńskiego „Warszyca”. Wśród materiałów przechowywanych w Komisji Ścigania Zbrodni przeciwko Narodowi Polskiemu IPN w Łodzi znajduje się protokół z przesłuchania prokuratora Henryka Szweda, który był świadkiem rozstrzelania i ukrycia zwłok S. Sojczyńskiego, a także najbliższych jego towarzyszy broni w dniu 19 lutego 1947 roku. W poszukiwaniu mogił osób rozstrzelanych przez Niemców w okresie II wojny światowej kierowano się z kolei przypadkowym odnalezieniem w 1965 roku masowej mogiły, o czym informują wycinki prasowe z tego okresu. Nie odnotowano natomiast tego faktu w archiwach IPN.

Na terenie poligonu Brus badania prowadzono metodą wykopów sondażowych. Zaskakujące efekty przyniosły poszukiwania na obszarze położonym na zachód od kulochwyty strzelnicy do długiej broni palnej. Odnaleziono tam 7 masowych grobów zawierających szczątki łącznie niemal 100 osób.

Podczas badań w 2008 roku odkryto mogiłę (Grób 1) zawierającą szczątki 40 rozstrzelanych osób. Duża liczba ujawnionych tam monet polskich, które pozostawały w użyciu na terenie Łodzi do końca 1939 roku i niewielka niemieckich, a także zachowany bilet miesięczny z roku 1939 pozwoliły na wysnucie przypuszczenia, iż egzekucja nastąpiła jesienią 1939 roku. Z dostępnych informacji wiadomo, że nasilenie aresztowań w Łodzi jesienią 1939 nastąpiło między 9 a 11 listopada. 1 września 2009 roku ofiary ekshumowane z Grobu 1 spoczęły na cmentarzu komunalnym na Dołach w Łodzi [1, 3].

W Grobie 2 wyekshumowanym w roku 2009, zawierającym szczątki 4 osób znalazły się między innymi, łuska od naboju kal. 7,62 x 25 mm produkcji radzieckiej z roku 1945 oraz zalegające pod szkieletami, pociski karabinowe kalibru 7,62 mm [4]. Wątpliwe jest wiązanie tych przedmiotów bezpośrednio z egzekucją, lecz fakt ich zalegania w nienaruszonych warstwach zalegających nad jamą grobu, w bezpośrednim sąsiedztwie szczątków pozwala twierdzić, iż egzekucja musiała się

odbyć przed datą produkcji pocisków. Na podstawie wyżej wymienionych faktów można wnioskować, że w przypadku Grobu 2 mamy do czynienia ze zbrodnią dokonaną w okresie stalinowskim [2].

Grób 3, odkryty także w 2009 roku, zawierał szczątki 24 osób. Mimo znalezienia pewnej ilości przedmiotów codziennego użytku (grzebień, lustro, okulary), brak było przedmiotów umożliwiających identyfikację. Zaobserwowane części cieplejszej (lecz nie zimowej) garderoby, a także polskie monety z emisji przedwojennych sugerują podobieństwo, jak w przypadku Grobu 1 ramy czasowe dokonania egzekucji.

Grób 4 odkryty w roku 2010, zawierał jedynie dolną część szkieletu, przy którym nie znaleziono żadnego materiału zabytkowego.

Również w 2010 roku odnaleziono Groby 5 i 6. Pierwszy z wymienionych ułożony był bezpośrednio nad drugim; zawierały one szczątki odpowiednio 3 i 28 osób. Jeszcze mniejsza ilość przedmiotów zabytkowych w porównaniu do Grobu nr 3 oraz ich niewielka wartość informacyjna sprawiły, że o ofiarach możemy niestety powiedzieć jeszcze mniej. Wskazówką do określenia obywatelstwa ofiar z Grobu 6 jak i czasu dokonania na nich zbrodni mogą być znalezione przy szkieletach dwie pary butów produkcji polskiej z lat przedwojennych. Ponieważ obuwiu to nie było bardzo zużyte w chwili depozycji, można przyjąć, że zabójstw dokonano w czasie II wojny światowej, prawdopodobnie w jej początkowym okresie, w ciepłej porze roku.

W Grobie 7, odkrytym w roku 2011, odnaleziono zwłoki 13 osób. W świetle analizy zabytków pozyskanych z tego grobu należy uznać, że pochowane w nim osoby zostały rozstrzelane przez Niemców najprawdopodobniej w ramach akcji represji wobec przedstawicieli inteligencji łódzkiej, mającej miejsce w listopadzie 1939 roku. Przemawiają za tym nie tylko datowniki w postaci monet, ale także charakterystyczny zestaw zabytków, ściśle odpowiadający przedmiotom znalezionym w grobach 1, 3, 5, 6 [5].

## CEL BADAŃ GENETYCZNYCH

Celem badania było przeprowadzenie w zabezpieczonych materiałach analizy genetycznej i uzyskanie unikalnego profilu DNA, który poprzez po-

równanie z profilem genetycznym bliskich krewnych ofiar umożliwiłby ich identyfikację.

## MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły szczątki ludzkie pochodzące od 13 ofiar ekshumowanych z Grobu 7, odkrytego na terenie poligonu BRUS w Łodzi. Szczegółowy opis analizowanego materiału przedstawiono w tabeli I.

*Tabela I. Charakterystyka badanych materiałów biologicznych.*

*Table I. Characteristics of the investigated biological materials.*

Szkielet Skeleton	Data ekshumacji Exhumation date	Materiał badawczy Investigated material
1	<b>07.06.2011</b> June 7, 2011	<b>Kości / Bones</b>
2	<b>05.06.2011</b> June 5, 2011	<b>Zęby / Teeth</b>
3	<b>04.06.2011</b> June 4, 2011	<b>Kości / Bones</b>
4	<b>I etap: 05.06.2011</b> <b>II etap: 07.06.2011</b> Stage I: June 5, 2011 Stage II: June 7, 2011	<b>Kości / Bones</b>
5	<b>05.06.2011</b> June 5, 2011	<b>Zęby / Teeth</b>
6	<b>05.06.2011</b> June 5, 2011	<b>Zęby / Teeth</b>
7	<b>I etap: 05.06.2011</b> <b>II etap: 07.06.2011</b> Stage I: June 5, 2011 Stage II: June 7, 2011	<b>Zęby i kości</b> Bones and teeth
8	<b>06.06.2011</b> June 6, 2011	<b>Zęby i kości</b> Bones and teeth
9	<b>06.06.2011</b> June 6, 2011	<b>Kości / Bones</b>
10	<b>06.06.2011</b> June 6, 2011	<b>Zęby / Teeth</b>
11	<b>06.06.2011</b> June 6, 2011	<b>Ząb / Tooth</b>
12	<b>06.06.2011</b> June 6, 2011	<b>Zęby / Teeth</b>
13	<b>13.06.2011</b> June 13, 2011	<b>Zęby / Teeth</b>

Zabezpieczony materiał, w postaci zębów oraz fragmentów kości, oczyszczono, a następnie poddano mieleniu przy użyciu młynka kriogenicznego model 6870 (Spex Forensics). Z uzyskanego proszku kostnego wyekstrahowano DNA w oparciu o zestaw PrepFiler® BTA Forensic DNA Extraction Kits (Applied Biosystems) [6] z własnymi modyfikacjami.

Do izolacji wykorzystano po 200 mg proszku kostnego poddawanego lizie w obecności PrepFiler® BTA Lysis Buffer. Izolat DNA zawieszano w końcowej objętości 50 µl PrepFiler® Elution Buffer.

Do badań porównawczych wykorzystano wymaz z jamy ustnej pobrany od domniemanego syna jednej z ofiar. Izolacja DNA z wymazu wykonana była metodą kolumnkową z zastosowaniem zestawu Sherlock AX (A&A Biotechnology) i przeprowadzona zgodnie z protokołem zestawu [7].

Stężenie DNA wyizolowanego z materiału kostnego oraz wymazu oceniane było za pomocą zestawu Quantifiler® Duo DNA Quantification Kit (Applied Biosystems) [8] oraz aparatury 7500 Real-Time PCR i oprogramowania HID (Applied Biosystems).

Materiał genetyczny poddany został amplifikacji z wykorzystaniem zestawu multipleksowego AmpFℓSTR® Identifiler® Plus PCR Amplification Kit zawierającego startery specyficzne dla 15 loci STR autosomalnego DNA oraz locus płci, zgodnie z protokołem podanym przez producenta [9]. Uzyskane produkty PCR poddano rozdzielaniu metodą elektroforezy kapilarnej w sekwenatorze 3500 HID Genetic Analyzer (Applied Biosystems). Analiza otrzymanych wyników przeprowadzona została w oparciu o wzorzec wielkości fragmentów DNA GeneScan™ 600 LIZ™ Size Standard (Applied Biosystems) przy użyciu oprogramowania GeneMapper ID-X v. 1.2. Produkty uzyskane podczas amplifikacji oceniono pod względem wielkości oraz ilości tandemowych powtórzeń. Podstawowym parametrem analizy było przyjęcie progowej wartości detekcji piku na poziomie powyżej 200 RFU (określonego jako poziom wiarygodności).

## WYNIKI

Analiza ilościowa DNA wyizolowanego z zębów i fragmentów kości, z wykorzystaniem zestawu Quantifiler® Duo DNA Quantification Kit, w więk-

szości badanych prób wykazała śladowe ilości materiału genetycznego. W przypadku dziewięciu prób uzyskano stężenie ludzkiego DNA znacznie poniżej 1 ng/µl, sugerowanego przez producenta systemu Identifiler Plus jako ilość wymagana do reakcji amplifikacji.

W pozostałych sześciu próbach nie ujawniono autosomalnego DNA. Test specyficzny dla genu SRY, w jedenastu próbach wykazał zawartość męskiego DNA. Pomiary stężeń uzyskane za pomocą metody real-time PCR zestawiono w tabeli II.

*Tabela II. Stężenie DNA wyizolowanego z badanych materiałów oznaczonego metodą real-time PCR.*

*Table II. Concentration of DNA extracted from the investigated materials determined in real-time PCR reaction.*

Nr szkieletu Skeleton No.	Stężenie DNA [ng/µl] DNA concentration [ng/µl]	
	Mężczyzna (SRY) Male (SRY)	Człowiek (RPPH1) Human (RPPH1)
1	0,01	nw n/d
2	0,05	0,02
3	nw n/d	nw n/d
4	0,04	0,02
4	nw n/d	nw n/d
5	0,02	0,02
6	0,18	0,15
7	0,1	0,09
7	0,02	0,01
8	nw n/d	nw n/d
9	0,01	nw n/d
10	nw n/d	nw n/d
11	0,15	0,04
12	0,02	0,01
13	0,05	0,02

nw – nie wykryto / n/d – not detected



Wyniki amplifikacji wykazały nierównomierny przebieg reakcji PCR. Efekt ten w znacznym stopniu związany był z długością namnażanego fragmentu DNA. Obserwowano spadek, a niekiedy całkowity zanik sygnału amplifikacji w najdłuższych układach STR. Brak detekcji amplifikacji miał miejsce przede wszystkim w próbach o bardzo małym stężeniu DNA. Zestawienie efektywności reakcji amplifikacji z ilością genotypów hetero- i homozygotycznych, oznaczonych w zakresie poszczególnych markerów STR, przedstawiono w tabeli III. W przypadku materiałów zdegradowanych obecność homozygot, obserwowanych zwłaszcza w dłuższych układach, może być wynikiem nieujawnienia drugiego allele.

Na podstawie przeprowadzonej analizy ujawniono pięć pełnych profili genetycznych w zakresie badanych markerów STR. W przypadku kolejnych siedmiu prób produkty PCR udało się uzyskać w większości analizowanych układów autosomalnego DNA (co najmniej w siedmiu). W jednej z prób, pomimo ponawianego procesu badawczego, nie wykryto produktów amplifikacji. We wszystkich badanych próbach, za wyjątkiem tej ostatniej, analiza locus amelogeniny potwierdziła płęć męską identyfikowanych osób. Wyniki uzyskane podczas amplifikacji podsumowano w tabeli IV.

Przykładowe obrazy pełnego i częściowego profilu DNA oznaczonego w badanych materiałach przedstawiono odpowiednio na ryc. 1 i 2.

Rozkład alleli uzyskany w poszczególnych układach STR, indywidualny dla każdej z dwunastu ofiar, zestawiono z profilem DNA pochodzącym od domniemanego syna jednej z osób poległych w 1939 roku. W dziesięciu próbach uzyskano wykluczenie, iż badany mężczyzna może być synem którejś z ofiar. W przypadku dwóch ofiar nie można było z całą pewnością wykluczyć pokrewieństwa pierwszego stopnia.

## DYSKUSJA

Powodzenie wykonania analizy genetycznej materiałów biologicznych uzależnione jest od stanu, w jakim zachował się dany materiał oraz od zastosowanej metody badawczej.

W przypadku szczątków ludzkich zalegających od dziesiątek lat w ziemi, będących w stanie niemalże całkowitego zeszkieleceniowania identyfikacja okazuje się bardzo złożona.

Tabela III. Wydajność amplifikacji DNA badanych markerów STR.

Table III. Efficiency of DNA amplification of the investigated STR markers.

Marker Marker	Długość amplikonu [pz] Amplicon length (bp)	Obecność produktów amplifikacji w poszczególnych układach (dla 13 prób) Presence of amplification products in particular configurations (for 13 samples)		
		[%]	Heterozygoty Heterozygotes	Homozygoty Homozygotes
D19S433	102 – 135	92	8	4
D3S1358	112 – 140	92	9	3
D8S1179	123 – 170	92	11	1
D5S818	134 – 172	85	9	4
TH01	163 – 202	92	10	2
vWA	155 – 207	92	10	2
D21S11	185 – 239	77	8	2
D13S317	217 – 245	54	5	2
TPOX	222 – 250	85	7	4
D7S820	255 – 291	46	4	2
D16S539	252 – 292	69	8	1
CSF1PO	305 – 342	46	3	3
D18S51	262 – 345	62	5	3
FGA	215 – 355	54	5	2
D2S1338	307 – 359	38	3	2

Istotą pozyskiwania DNA oraz efektywności genotypowania jest dobór optymalnej metody izolacji [10, 11, 12]. Na podstawie własnego porównania technik izolacji DNA wybrano metodę izolacji bazującą na komercyjnym zestawie PrepFiler wykorzystującym opłaszczanie DNA na kuleczkach i oddziaływanie magnetyczne. Istotną kwestią podczas izolacji było dodanie buforu lizującego BTA, który w zasadny sposób polepsza efektywność ekstrakcji.

Tabela IV. Wyniki amplifikacji w obrębie badanych markerów genomowego DNA.

Table IV. Results of amplification within investigated markers of genomic DNA.

Nr szkieletu Skeleton No.	Detekcja w locus Amelogeniny Deletion in amelogenin locus	Ilość oznaczonych markerów autosomalnych (%) Number of determined autosomal markers (%)
1	XY	11 (73%)
2	XY	15 (100%)
3	-	0 (0%)
4	XY	9 (60%)
5	XY	15 (100%)
6	XY	15 (100%)
7	XY	15 (100%)
8	XY	7 (47%)
9	XY	10 (67%)
10	XY	8 (53%)
11	XY	15 (100%)
12	XY	7 (47%)
13	XY	13 (87%)

A. Ossowski i wsp. [13] dowodzą, że czas zgonu nie odgrywa kluczowej roli w identyfikacji genetycznej. Istotny natomiast jest wpływ czynników środowiska. W wyniku niekorzystnego działania środowiska materiał genetyczny narażony jest na częściowy bądź całkowity proces degradacji. Efektem takiego zjawiska może być obniżenie zawartości DNA, spadek amplifikacji dłuższych markerów, a także występowanie podczas PCR artefaktów w postaci niespecyficzných produktów amplifikacji czy też wypadnięcia jednego z alleli [11]. Podobne cechy zaobserwowano podczas przeprowadzonych badań. Analiza stężeń określonych w metodzie real-time PCR wykazała znikome ilości wyekstrahowanego DNA ludzkiego i męskiego (po-

nżej 0,2 ng/ $\mu$ l), które poddano amplifikacji w zakresie markerów genomowych. Zestawienie otrzymanych wyników wykazało związek między ilością wyizolowanego DNA, a ilością i poziomem produktów PCR.

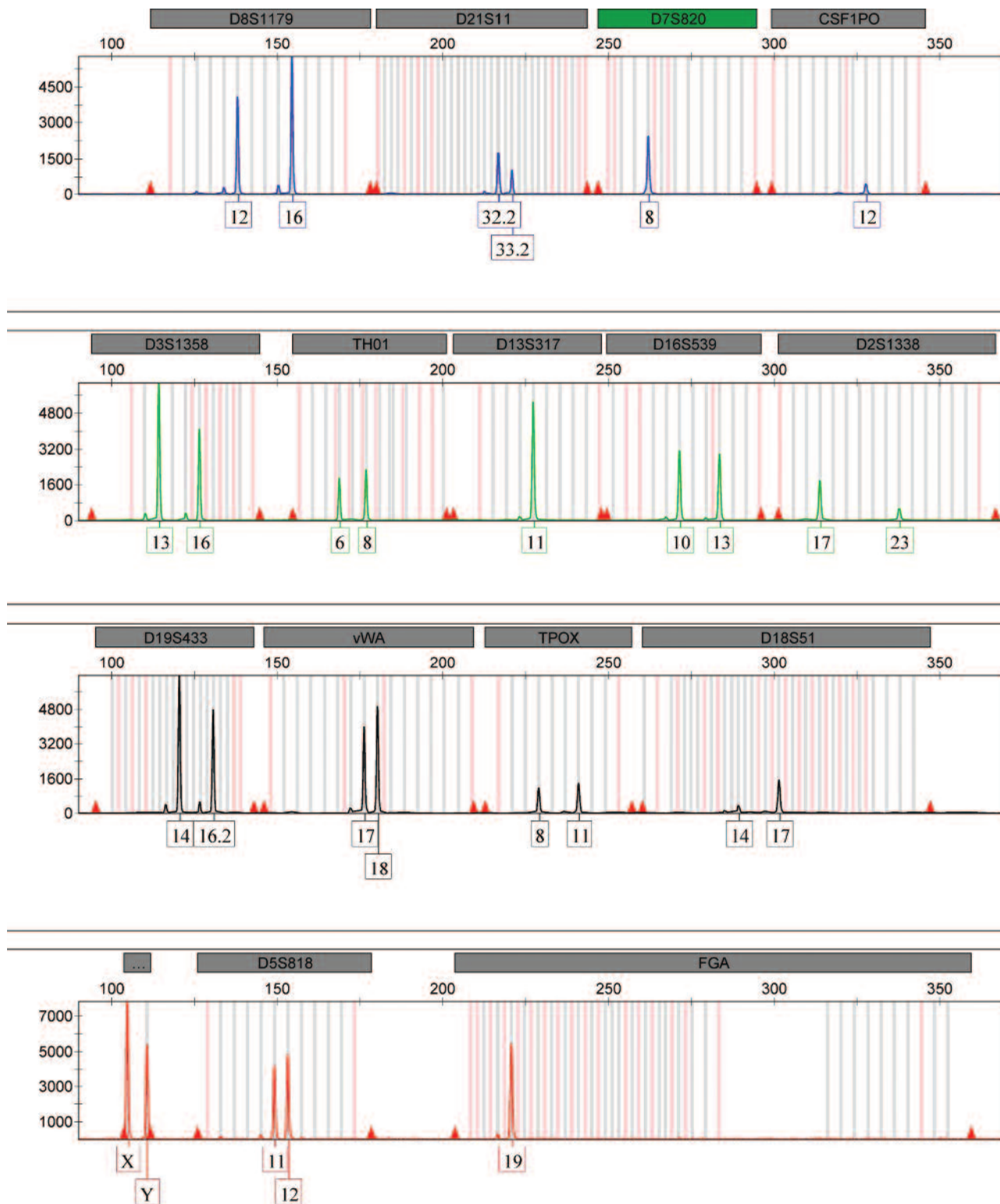
Podczas prowadzonej analizy zaobserwowano spadek stopnia amplifikacji związany ze wzrostem długości amplikonu. W przypadku układów takich jak: D2S1338, D7S820, CSF1PO produkty PCR ujawniono w mniej niż 50% badanych materiałów biologicznych. Wpływ długości oznaczanego markera na jakość analizy zdegradowanego materiału genetycznego wykazali również Fondevila i wsp. [14].

W przypadku jednej z prób, pomimo ponawiania procesu badawczego uwzględniającego nowe modyfikacje, nie ujawniono genomowego DNA pochodzącego od człowieka. Jak wynika z opinii sporządzonej przez P. A. Nowakowskiego [15] materiał ten pochodził ze szkieletu 3, znajdującego się wraz ze szkieletem 5 bezpośrednio przy krawędzi Grobu 7, przez co w największym stopniu narażone były one na niekorzystne działanie środowiska. Porównując jednak otrzymane wyniki zaobserwowano znaczne różnice amplifikacji dla obu prób. Różnice te prawdopodobnie związane są z rodzajem materiału poddanego izolacji. W przypadku szkieletu 5 materiał kostny stanowiły zęby, z których w badanych próbach uzyskiwano ilościowo więcej DNA oraz więcej produktów PCR w porównaniu do izolacji z fragmentów kości. Pełny profil DNA uzyskano w pięciu spośród dziewięciu badanych zębów, co stanowi ok 56%. W przypadku DNA wyizolowanego z fragmentów kości w pięciu na sześć badanych materiałów uzyskano niepełny profil, a w jednym nie odnotowano detekcji w żadnym z badanych markerów.

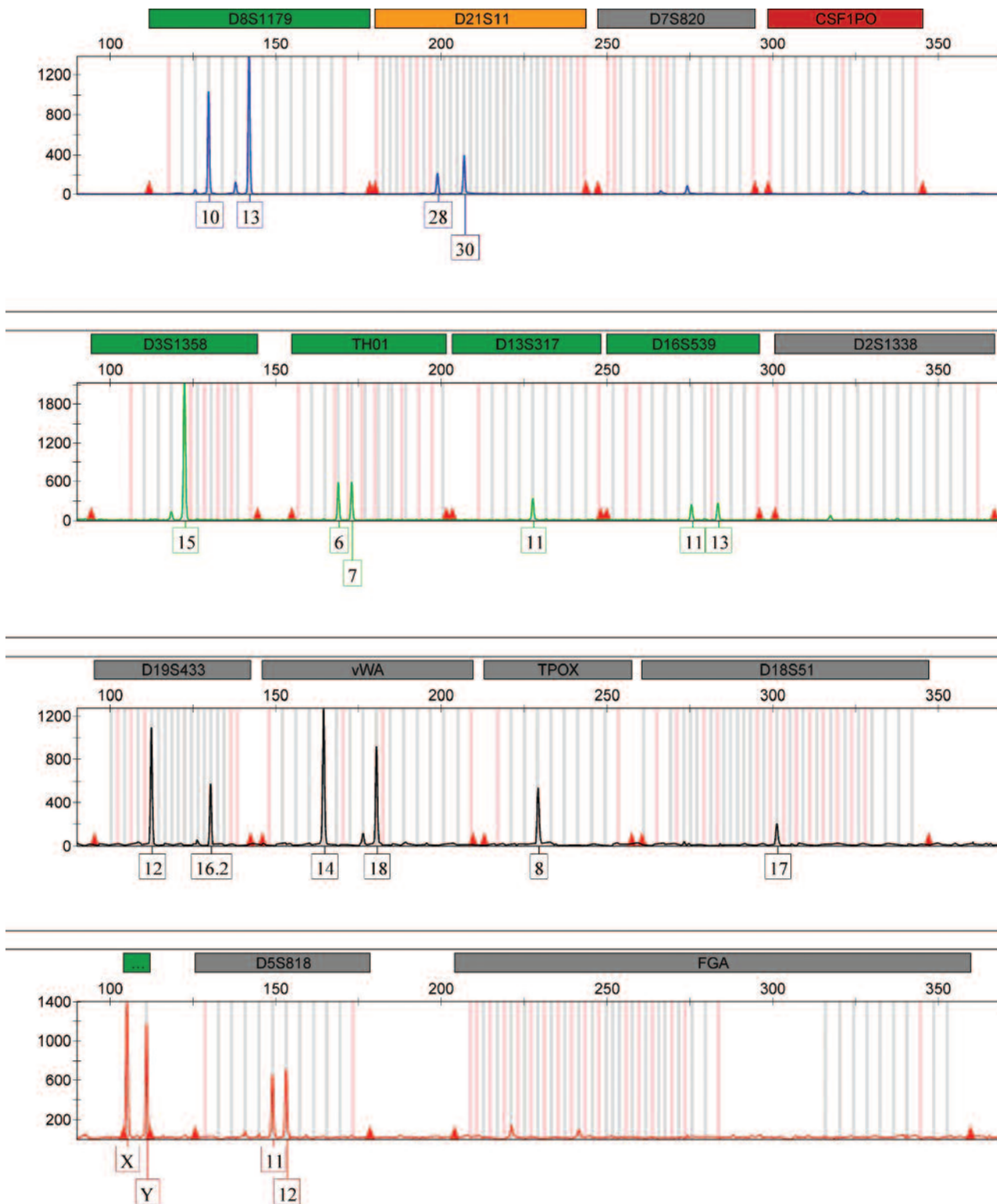
## WNIOSKI

1. Analiza genetyczna materiału kostnego pochodzącego ze szkieletów ekshumowanych z Grobu 7 doprowadziła do ujawnienia 12 profili osobniczych w zakresie 8-16 loci genomowego DNA. W jednej z prób nie ujawniono obecności genomowego DNA pochodzącego od człowieka.

2. Amplifikacja locus amelogeniny wykazała obecność chromosomu Y potwierdzającego płeć męską wśród dwunastu identyfikowanych osób.



Ryc. 1. Przykładowy obraz pełnego profilu DNA oznaczonego w badanym materiale kostnym.  
 Fig. 1. The example of a full genetic profile determined in the investigated skeletal material.



Ryc. 2. Przykładowy obraz częściowego profilu DNA oznaczonego w badanym materiale kostnym.  
Fig. 2. The example of a partially degraded genetic profile determined in the investigated skeletal material.



3. Analiza porównawcza uzyskanych profili DNA wykluczyła pokrewieństwo pierwszego stopnia pomiędzy domniemanym synem a dziesięcioma mężczyznami, których szkielety badano. Znaczny stopień degradacji w przypadku materiałów pochodzących z pozostałych dwóch szkieletów unie-

możliwił jednoznaczne opiniowanie w kwestii ojcostwa.

4. Największe stężenia DNA i zarazem najwięcej produktów PCR uzyskano podczas izolacji DNA z zębów.

## PIŚMIENNICTWO

1. Głosek M., Nowakowski P. A., Andrzejewski A., Ławrynówicz O., Michalski W., Ossowski A., Lorkiewicz W.: Nekropolia z terenu byłego poligonu wojskowego na Brusie w Łodzi. Mogiła ekshumowana w 2008 roku, red. M. Głosek, Łódź 2010: 13-14.

2. Demkowicz K., Nowakowski P. A., Pudło P.: Próba ustalenia przynależności ofiar represji hitlerowskich i komunistycznych w Łodzi na podstawie wyników badań archeologicznych na poligonie Łódź-Brus, [w:] *Obcy. Funeralia Lednickie, Spotkanie 14*, red. W. Dzieduszycki, J. Wrzesiński, Poznań 2012: 159-168.

3. Ossowski A.: Represje niemieckie wobec polskich elit miasta Łodzi (wrzesień – grudzień 1939), [w:] *Łódź w 1939 roku. Studia i szkice*, red. Tomasz Toborek i Przemysław Waingertner, Biblioteka Instytutu Pamięci Narodowej w Łodzi, tom XX, Łódź 2011: 255-275.

4. Demkowicz K., Karbowski K., Ławrynówicz O., Nowakowski P. A.: Uzbrojenie oddziałów egzekucyjnych na poligonie Łódź-Brus w świetle najnowszych badań archeologicznych – z problematyki badawczej, [w:] *Cum Arma per Aeva. Uzbrojenie indywidualne na przestrzeni dziejów*, red. P. Kucypera, P. Pudło, Toruń 2011: 382-398.

5. Nowakowski P. A., Demkowicz K.: Sprawozdanie z badań archeologicznych przeprowadzonych na terenie byłego poligonu Łódź – Brus, nr stan. AZP 66-51/56 w Łodzi, woj. łódzkie, na dz. ew. 1/17, 1/20, 1/21 obręb P-13; przy ul. Krańcowej w Łodzi w roku 2011, Łódź 2011: 9 (masyzynopsis w archiwum Urzędu Miasta Łodzi).

6. PrepFiler® and PrepFiler® BTA Forensic DNA Extraction Kits, User Guide, Applied Biosystems. 01/2012.

7. Sherlock AX, Protokół, A&A Biotechnology.

8. Quantifiler® Duo DNA Quantification Kit, User's Guide, Applied Biosystems. 03/2012.

9. AmpFESTR® Identifiler® Plus PCR Amplification Kit, User's Guide, Applied Biosystems. 03/2012;

10. Ossowski A., Piątek J., Dobosz T., Sadakierska-Chudy A., Jonkisz A., Żółdzińska M., Jacewicz R., Parafiniuk M., Berent J.: Identyfikacja genetyczna materiału kostnego z różnych okresów historycznych. *Ann. Acad. Med. Stetin.* 2007, 53 supl. 2: 139-148. XIV Naukowy Zjazd Polskiego Towarzystwa Medycyny Sądowej i Kryminologii. Szczecin, 27-29 września 2007 roku.

11. Maciejewska A., Pawłowski R.: Wpływ degradacji matrycowego DNA na amplifikację loci zestawu Profiler Plus. *Arch. Med. Sąd. Kryminol.* 2001, 51: 217-227.

12. Schmerer W. M., Hummel S., Hermann B.: Optimized DNA extraction to improve reproducibility of short tandem repeat genotyping with highly degraded DNA as target, *Electrophoresis*, 1999, vol. 20: 1712-1716.

13. Ossowski A., Piątek J., Dobosz T., Sadakierska-Chudy A., Jonkisz A., Żółdzińska M., Jacewicz R., Parafiniuk M., Berent J.: Identyfikacja genetyczna materiału kostnego z różnych okresów historycznych. *Ann. Acad. Med. Stetin.* 2007, 53 supl. 2: 139-148. XIV Naukowy Zjazd Polskiego Towarzystwa Medycyny Sądowej i Kryminologii. Szczecin, 27-29 września 2007 roku.

14. Fondevila M., Philips C., Naverán N., Cerezo M., Rodríguez A., Calvo R., Fernández L., Carracedo Á., Lareu M.: Challenging DNA: assessment of a range of genotyping approaches for highly degraded forensic samples. *Forensic Sci. Int.: Genet. Suppl. Ser.* 2008, 1: 26-28.

15. Nowakowski P. A.: Opinia w sprawie pójścia na rękę władzy państwa niemieckiego przez nieustalonych sprawców poprzez wzięcie udziału w dokonaniu zabójstwa 13 osób w Łodzi w bliżej nieustalonym okresie okupacji niemieckiej podczas II wojny światowej, tj. o przestępstwo z art. 1. pkt 1 dekretu z dnia 31 sierpnia 1944 roku o wymiarze

kary dla faszystowsko-hitlerowskich zbrodniarzy winnych zabójstw i znęcania się nad ludnością cywilną i jeńcami oraz dla zdrajców Narodu Polskiego (DZ.U. Nr 69 poz. 377 z późn. zm.). Sygn. akt S45/11/Zn, Łódź 2011: 8-10 (maszynopis w archiwum KŚZPNP IPN w Łodzi).

Adres do korespondencji:

Ewelina Dębska

e-mail: ewelina.debska.lodz@gmail.com