

UNIWERSYTET MEDYCZNY W ŁODZI
WYDZIAŁ FARMACEUTYCZNY
ODDZIAŁ MEDYCZYNY LABORATORYJNEJ

STUDIA JEDNOLITE MAGISTERSKIE
KIERUNEK: ANALITYKA MEDYCZNA

AGNIESZKA BALCERAK
NR ALBUMU 121856

ZASTOSOWANIE MEGAMULTIPLEKSÓW W BADANIACH MEDYCZNYCH I SĄDOWYCH

Praca magisterska napisana pod kierunkiem naukowym:
Prof. nadzw. dr hab. n. med. Renaty Jacewicz
Pracownia Genetyki Medycznej i Sądowej Katedry i
Zakładu Medycyny Sądowej

Łódź 2017

Serdecznie dziękuję
Prof. nadzw. dr hab. med. Renacie Jacewicz
oraz
Dr n. med. Maciejowi Jędrzejczykowi
za poświęcony czas i okazaną pomoc przy pisaniu pracy.

Spis treści:

1. Wstęp	4
1.1 Rys historyczny	4
1.2 Źródła materiałów w genetyce sądowej	5
1.3 Polimorfizm w zakresie autosomalnego DNA	6
1.4 Markery wykorzystywane w badaniach z zakresu genetyki sądowej	7
1.5 Łańcuchowa reakcja polimerazy	10
1.6 Reakcja multiplex PCR	11
2. Cel pracy	14
3. Materiał i metodyka	15
3.1 Materiał	15
3.2 Metodyka badań	15
3.3 Analiza statystyczna	16
4. Wyniki badań	19
4.1 Analiza populacyjna i porównawcza	19
4.2 Analiza parametrów i przydatności	58
4.3 Analiza dystansów i filogenezy	64
4.4 Analiza spraw ojcostwa	67
4.5 Analiza wskaźników mutacyjności	69
5. Omówienie wyników i dyskusja	71
5.1 Analiza populacyjna i porównawcza	71
5.2 Analiza parametrów i przydatności	74
5.3 Analiza dystansów i filogenezy	77
5.4 Analiza spraw ojcostwa	77
5.5 Analiza wskaźników mutacyjności	78
6. Wnioski	80
7. Streszczenie	81
8. Piśmiennictwo:	82
9. Spis tabel	88
10 Spis rycin	89

1. Wstęp

W obecnych czasach podstawą badań sądowych jest analiza próbek zebranych z miejsc przestępstwa oraz innych materiałów, w tym analiza w zakresie DNA. Skutkuje ona otrzymaniem profilu DNA osoby, od której ta próbka pochodzi. Genetyka sądowa dysponuje bardzo czułymi metodami, do badań wystarczy niewielka ilość DNA, jak np. ta pozostawiona na przedmiocie po przypadkowym dotknięciu [1]. Wszystkie komórki pochodzące od jednej osoby mają teoretycznie identyczny profil DNA z wyjątkiem osób po przeszczepach allogenicznym szpiku. Dlatego też możliwe jest porównywanie profilu DNA otrzymanego z np. plam krwi z miejsca przestępstwa z profilem DNA oznaczonym w materiale porównawczym, jakim jest wymaz z jamy ustnej czy krew [2]. Profil DNA jest dowodem w zakresie spraw karnych takich jak np. morderstwo, gwałt, kradzież bądź w sprawach cywilnych, np. o ustalenie ojcostwa. Pomaga potwierdzić lub wykluczyć obecność osoby na miejscu popełnienia przestępstwa [1].

1.1 Rys historyczny

Fundamentem pod badania materiału genetycznego stało się odkrycie układu grupowego krwi AB0 w 1900 roku. Karl Landsteiner zaobserwował, że krew pochodząca od różnych osób zmieszana ze sobą czasem ulega aglutynacji. Ze względu na obecność różnych antygenów na powierzchni erytrocytów i odpowiednich przeciwciał w osoczu wyodrębniono 4 grupy: 0, A, B, AB występujące w populacji z różną częstością. W 1915 roku po raz pierwszy użyto badań układu AB0 w postępowaniu sądowym do identyfikacji plam krwi [3].

Najwcześniej stosowaną analizą DNA była metoda RFLP (restriction fragment length polymorphism). Wykorzystywano w niej różną długość fragmentów powtórzonych VNTR (variable number of tandem repeat) zawartych między sekwencjami rozpoznawanymi przez enzym restrykcyjny. Początkowo stosowano wariant MLP czyli analizę typu multilocus, w której wykorzystywano charakterystyczną sekwencję rdzeniową zawartą w wielu minisatelitach. Sonda DNA

wyznakowana izotopem radioaktywnym hybrydyzowała do tej sekwencji zawartej w różnych fragmentach DNA występujących w mieszaninie reakcyjnej. Uzyskiwano w ten sposób profil osoby, który jest tak samo unikalny dla konkretnej osoby jak jej odcisk palca, stąd nazwa „DNA fingerprint”. Po raz pierwszy zastosowano ten typ analizy w sprawach o ustalenie pokrewieństwa, tj. w sprawach imigracyjnych. Pomimo wysokiej zmienności ujawnionej tą metodą była ona bardzo czasochłonna, charakteryzowała się niską czułością, a do analizy wymagana była stosunkowo duża ilość wysokocząsteczkowego DNA [4].

Prawdziwym przełomem stało się opracowanie techniki PCR (polymerase chain reaction) przez Kary Mullisa w 1983 roku. Reakcja łańcuchowa polimerazy jest techniką bardzo wydajną, pozwala na uzyskanie milionów kopii danej sekwencji ze śladowej ilości DNA. Podczas gdy analiza materiału metodą RFLP zajmuje z reguły kilka tygodni, w oparciu o metodę PCR można uzyskać wynik nawet w przeciągu kilku godzin. Reakcja łańcuchowa polimerazy z kilkoma ulepszeniami jest obecnie podstawowym narzędziem badań w genetyce sądowej [5,6].

1.2 Źródła materiałów w genetyce sądowej

W świetle możliwości jakie daje współczesna genetyka sądowa nie istnieje pojęcie zbrodni doskonałej. Każda obecność na miejscu przestępstwa skutkuje pozostawieniem tam śladów biologicznych. Do śladów biologicznych oprócz wytworów skóry (włosy, paznokcie) zalicza się również tkanki: krew, kości, naskórek, skórę oraz inne np. fragmenty mięśni; wydzieliny – ślinę, nasienie, wydzielinę pochwową, pot; wydaliny: kał, mocz, wymiociny. Do śladów biologicznych zalicza się również ewentualne ślady pochodzenia zwierzęcego np. sierść oraz roślinnego jak nasiona, pyłki roślinne, fragmenty roślin, które również mogą być cennymi źródłami informacji [7].

Kluczowym w odniesieniu do kolejnych etapów badania jest prawidłowe zabezpieczenie śladów. Ważne jest ujawnienie śladów ponieważ wiele z nich nie jest widocznych na pierwszy rzut oka, jak np. komórki nabłonkowe czy ślina. W takim przypadku zabezpiecza się materiał z miejsc prawdopodobnego ich występowania, związanych z użytkowaniem przedmiotu lub zabezpiecza cały przedmiot. Niezmiernie ważna jest ochrona dowodów przed czynnikami niszczącymi DNA, do których należą: wilgoć, wysoka temperatura oraz promieniowanie. Duży wpływ na degradację DNA

mają również: metale ciężkie, zasady, detergenty oraz kwasy, wśród nich również kwasy humusowe zawarte w glebie. Zebrany materiał w postaci plam należy wysuszyć (jeżeli nie będzie zamrażany) i umieścić w opakowaniu, w którym będzie możliwa cyrkulacja powietrza, najlepiej papierowej kopercie. Zapobiega to rozwojowi pleśni i innych mikroorganizmów, które mogłyby zanieczyścić i zniszczyć ludzkie DNA. W przypadku tkanek takich jak np. mięśnie, kości, płynna krew konieczne jest przechowywanie w temperaturze -20/-80 °C. Zarówno podczas oględzin miejsc zbrodni jak i dalszej obróbki materiału należy zachować ostrożność, aby nie doszło do kontaminacji obcym DNA, które może znacznie utrudnić lub nawet uniemożliwić analizę. Każdy materiał powinien zostać dokładnie opisany oraz zabezpieczony przed ingerencją osób trzecich, włączając w to zanieczyszczenie DNA przez badającego [7,8].

Pierwszym etapem analizy DNA jest jego izolacja. Podczas tego etapu z różnych materiałów pozostawionych np. na miejscu zbrodni izoluje się DNA. Podczas tego etapu istotne jest usunięcie z próbki białek oraz inhibitorów enzymów, które utrudniałyby dalszą analizę oraz uzyskanie jak największej ilości DNA o najlepszej możliwej czystości. Najwcześniej wykorzystywaną metodą izolacji DNA była metoda organiczna z zastosowaniem chloroformu i fenolu. Składa się ona z kilku etapów, izolaty DNA otrzymane tą metodą mają dobrą jakość, niestety proces ten jest czasochłonny, a użyte odczynniki organiczne są toksyczne [9].

Obecnie dostępne są również gotowe zestawy do izolacji DNA z wykorzystaniem metody adsorpcyjno-elucyjnej, które nie wymagają dużego nakładu pracy, np. Sherlock AX czy ReliaPrep™ FFPE gDNA Miniprep. Mogą być one używane do materiałów o śladowej zawartości DNA w plamach krwi, nasienia, tkanek zakonserwowanych w parafinie bądź formalinie, tkanek świeżych i mrożonych oraz włosów. Ekstrakcja odbywa się na odpowiednio do tego skonstruowanych kolumnach [10].

1.3 Polimorfizm w zakresie autosomalnego DNA

Projekt sekwencjonowania 1000 genomów rozpoczął się w 2008 roku i stawia sobie za cel badanie zależności między genotypem a fenotypem. Do 2015 roku, w trakcie realizacji projektu przebadano 2504 próbek pochodzących z 26 populacji i ujawniono

m.in. 84,7 mln polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNPs), 3,6 mln krótkich insercji/delekcji (Indels) oraz 60 tys. wariantów strukturalnych (structural variants) [11].

W 99,9% ludzki genom jest taki sam, zmienność między osobami wynosi zatem 0,1%. Genom człowieka składa się z regionów kodujących: genów i sekwencji genopodobnych, stanowiących 40%. Są one mało polimorficzne ze względu na występowanie presji selekcyjnej. Pozostałe ok. 60% genomu stanowią sekwencje międzygenowe. W przeciwieństwie do regionów kodujących wykazują one większą zmienność ponieważ nie ulegają presji selekcyjnej [12]. Mniejszą część sekwencji międzygenowych stanowią sekwencje unikatowe lub pojawiające się w genomie w jednej bądź niewielu kopiach. Większą część regionów międzygenowych stanowią regiony powtórzone wielokrotnie, występujące w wielu wariantach. Wśród sekwencji powtórzonych wyróżniamy sekwencje rozproszone oraz sekwencje powtórzone tandemowo. Sekwencje tandemowe dzieli się pod względem wielkości całej sekwencji oraz długości motywu repetytywnego. Długie powtórzenia mogące zawierać setki bądź nawet tysiące zasad w jednostce powtarzanej to satelity. Występują zwykle w heterochromatynie chromosomów, wokół centromerów i w pobliżu telomerów. Krótszymi sekwencjami są minisatelity - VNTR (variable number of tandem repeat), w których motyw podstawowy ma długość 8-100 pz (par zasad). Długość sekwencji wynosi od kilkuset do ponad 20 tys. pz. Są one rozproszone w całym genomie ale mają tendencję do gromadzenia się blisko końców chromosomów. Wykazują bardzo dużą polimorficzność. Najkrótszymi sekwencjami powtórzonymi tandemowo są STR (short tandem repeat), z długością motywu 2-6 pz, całkowitą wielkością 50 – 500 pz. Są sekwencjami rozmieszczonymi głównie w części niekodującej genomu, bardzo rzadko w obrębie genów. Sekwencje powtórzone typu STR występują w populacji w kilku - kilkudziesięciu wariantach genowych różniących się częstością występowania w populacjach [13].

1.4 Markery wykorzystywane w badaniach z zakresu genetyki sądowej

Każdy marker STR ma swoje położenie na chromosomie zwane locus. STR różnią się wielkością motywu repetytywnego, dlatego wyróżniamy powtórzenia dinukleotydomowe, gdzie motyw powtarzany składa się z 2 nukleotydów, tri-, tetra- penta-

heksanukleotydy, przy czym powtórzenia penta- i heksanukleotydy są rzadsze w ludzkim genomie.

Najbardziej przydatnymi w praktyce badawczej są powtórzenia złożone z tetranukleotydów. W wyniku reakcji polimerazy powstaje mniej produktów typu „stutter” utrudniających interpretację uzyskanych wyników niż w przypadku sekwencji trinukleotydowych. Powtórzenia złożone z tetranukleotydów są również odporniejsze na degradację w porównaniu do pentanukleotydów. STR różnią się nie tylko pod względem długości motywu i liczby powtórzeń ale też pod względem „wzoru powtórzeń”. Proste powtórzenia składają się z jednostek repetytywnych identycznych pod względem długości i sekwencji. Złożone zawierają 2 lub więcej sąsiednich prostych powtórzeń, kompleksowe mogą zawierać różną ilość powtórzeń tworzących „bloki”, różniących się długością jednostek. Regiony hiperzmienne zawierają dodatkowo allele różniące się pod względem rozmiaru i sekwencji [6].

Markery DNA wykorzystywane do celów identyfikacyjnych powinny wykazywać jak najwyższy polimorfizm (różnorodność alleli) przy możliwie jak najniższym współczynniku mutacji i stosunkowo małej wielkości cząsteczek. Jest to ważne pod kątem pracy ze zdegradowanym (pofragmentowanym) DNA. Dlatego też markery mikrosatelitarne (STR) posiadające mniejszą cząsteczkę mają w tym względzie przewagę nad minisatelitami [14].

Nomenklatura markerów i zasady ich oznaczania zostały ustalone zgodnie z standardami wyznaczonymi przez Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Człowieka - ISFG (International Society for Forensic Genetics). Ich ujednoczenie pozwala na porównanie wyników uzyskanych między różnymi laboratoriami oraz zapewnia odtwarzalność. W nazwie sekwencji powtórzonych znajduje się motyw repetytywny oraz liczba powtórzeń. Wcześniejsze różnice w nazewnictwie wynikały z faktu iż różne nomenclatury zostały wykorzystane do ustalenia sekwencji powtarzanej. Obecnie wg rekomendacji ISFG do ustalenia motywu repetytywnego używa się głównej sekwencji, którą można znaleźć w bazie danych GenBank. Każdą sekwencję opisuje się w kierunku 5' - 3' [15].

Markery STR zostały użyte do stworzenia kryminalnych baz danych DNA, w których znajdują się profile m.in. osób skazanych, nieznanymi zwłok, zaginionych osób

lub ich krewnych oraz niezidentyfikowanych śladów. Bazy danych przeszukuje się w celu ewentualnego trafienia, które ma miejsce gdy materiał zebrany z miejsca zdarzenia pasuje do któregoś z profili obecnych w bazie. Przykładowo Kryminalna Baza Danych USA (US core loci), tzw. system CODIS zawiera 13 markerów STR: CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, vWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51 i D21S11. Rozwój baz danych pozwolił na rozwiązanie wielu spraw kryminalnych. W genetyce sądowej istotne są również populacyjne bazy danych. Zawierają one częstości występowania określonych alleli w populacji. Na ich podstawie można obliczyć prawdopodobieństwo przypadkowego trafienia [15,16].

Innym rodzajem markerów wykorzystywanych w laboratoriach genetyki sądowej są polimorfizmy pojedynczego nukleotydu - SNP (single nucleotide polymorphism). Są one w większości bialleliczne, w związku z tym dostarczają mniej informacji niż STR. Są równomiernie rozmieszczone w genomie, zarówno w regionach niekodujących jak również w genach (intronach i eksonach). Mogą być stosowane w multipleksach, przy czym pod względem siły dyskryminacji ok. 13 STR odpowiada od 50 do 100 SNP. Zaletą ich amplikonów jest niski współczynnik mutacji oraz niewielki rozmiar, dzięki temu dobrze sprawdzają się w analizach materiału zdegradowanego pochodzącego np. z różnego rodzaju katastrof czy wykopalisk. Są to markery stosowane przy ustalaniu pochodzenia osoby i jej przynależności biogeograficznej [17,18].

Polimorfizmy insercyjno-delecyjne (Indel) są rezultatem insercji lub delecji jednego lub większej liczby nukleotydów w ludzkim genomie. Ich wielkość waha się w granicach od 1 do 10 000 pz, są bialleliczne. Zostały podzielone na 5 klas: insercje lub delecje pojedynczych par zasad, monomeryczna ekspansja pary zasad, ekspansja kilku par zasad, insercje transpozonów oraz regiony typu Indel składające się z losowych sekwencji DNA. Polimorfizmy insercyjno - delecyjne mogą znajdować się również w eksonach lub regionach promotorowych genów wpływając na ich funkcję. Analiza tych polimorfizmów może być prowadzona przy pomocy PCR z detekcją fluorescencyjną i elektroforezą kapilarną tak jak STR czy też SNP. Ich zaletami są: krótkie amplikony osiągające wielkość od 50 do 160 pz, niski wskaźnik mutacji, oraz brak produktów typu „stutter” podczas reakcji łańcuchowej polimerazy. Można ich zatem użyć jako markery uzupełniające przy analizie najbardziej skomplikowanych spraw [19,20].

Tym niemniej złotym standardem w badaniach genetyczno – sądowych są jak dotąd markery typu STR.

1.5 Łańcuchowa reakcja polimerazy

Analiza mikrosatelitów odbywa się głównie w systemie multipleks w oparciu o metodę PCR tj. reakcję łańcuchową polimerazy. Ilość matrycowego DNA potrzebnego do PCR zależy od czułości reakcji. W celu otrzymania optymalnych wyników reakcji większość komercyjnie dostępnych zestawów wymaga ilości DNA rzędu 0,5 –2,5 ng [21]. Możliwe jest też uzyskanie profilu DNA w oparciu o pojedyncze komórki w śladach kontaktowych, mamy wtedy do czynienia z tzw. DNA niskiej liczby kopii (LCN low copy number). Tym niemniej w tym przypadku mogą wystąpić efektystochastyczne, takie jak wypadanie allelu (allele dropout), preferencyjna amplifikacja jednego allelu w heterozygotach, które zostaną zaklasyfikowane błędnie jako homozygoty. Zdarza się również detekcja przypadkowych alleli (alleledropin) oraz nierównomierna amplifikacja alleli w poszczególnych układach. W związku z tym wymagana jest duża ostrożność w interpretowaniu wyników badań śladowej ilości DNA [22,23].

W wyniku reakcji otrzymujemy mieszaninę różnych sekwencji w zakresie markerów STR, które są następnie rozdzielane od siebie w oparciu o elektroforezę kapilarną. Metoda polega na wykorzystaniu ruchliwości cząsteczek posiadających ładunek w wytworzonym polu elektrycznym generowanym przez elektrody katodę (elektroda ujemna) i anodę (elektroda dodatnia) [24]. Cząsteczki poruszają się w polimerze wypełniającym kapilarę, stanowiącą ultracienką rurkę o średnicy mniejszej niż 1 mm. Rozdział cząstek zależy od prędkości z jaką się poruszają, prędkość zależy natomiast od ładunku i wielkości cząstki oraz jej kształtu. Elektroforeza kapilarna ma wiele zalet: można ją w pełni zautomatyzować, co oczywiście przyspiesza czas analizy i zmniejsza prawdopodobieństwo wystąpienia błędów. Wymaga niewielkich ilości materiału, dzięki temu pozostała część materiału może być użyta do wykonania ewentualnej powtórki. Dzięki zastosowaniu kapilar, w których generowane podczas procesu ciepło jest lepiej rozpraszane, można użyć większego napięcia, co przyspiesza rozdział. Odpowiednio skonstruowana aparatura umożliwia połączenie ją z systemem detekcji fluorescencyjnej

oraz komputerem analizującym przesyłane dane pomiarowe. Badane próbki wymieszane są ze standardem wielkości, który stanowią fragmenty DNA o znanej długości wyznakowane innym niż badane próbki barwnikiem fluorescencyjnym (fluorochromem). Oddzielnie analizowany jest wzorzec alleli (drabinka). W okolicach końca kapilary znajduje się laser, który wzbudza poszczególne znaczniki fluorescencyjne powodując emisję światła (fluorescencji). Długość fali jest charakterystyczna dla danego barwnika. Dalej znajduje się detektor, który mierzy natężenie fluorescencji. Czas jaki zajmuje poszczególnym sekwencjom przejście przez kapilarę również jest mierzony. Po przejściu produktów przez system detekcji otrzymuje się informacje na temat wielkości poszczególnych cząstek a natężenie fluorescencji jest miarą stężenia w jakiej występuje dana sekwencja. Dane są przedstawione w postaci elektroforogramu [25,26].

1.6 Reakcja multiplex PCR

Reakcja multiplex PCR pozwala zaoszczędzić czas i odczynniki, ale stanowi jednocześnie wyzwanie. Zwiększając liczbę starterów zwiększamy również możliwość wystąpienia interakcji między nimi. Startery użyte w jednej reakcji powinny być jak najlepiej dobrane pod względem temperatury annealingu. Należy unikać projektowania starterów z nakładającymi się sekwencjami targetowymi, ponieważ przyczynia się to do powstawania zwiększonego poziomu dimerów [27].

Pierwszym zestawem analizującym markery STR opartym o technikę multiplex PCR był tzw. zestaw CTT triplex, zaprojektowany przez firmę Promega w 1994 roku. Składał się z trzech markerów: CSF1PO, TPOX i TH01. Wizualizacja produktów reakcji polegała na wysrebrzaniu otrzymanego drogą elektrofrezji (w żelu) wzoru prążków. Mimo stosunkowo wysokiego prawdopodobieństwa przypadkowej zgodności około 1 na 500, przekładającego się na niezbyt wysoką wartość dowodową badania był szeroko rozpowszechniony i długo użytkowany.

Kolejnym krokiem w rozwoju multiplexów PCR stało się połączenie łańcuchowej reakcji polimerazy z detekcją fluorescencyjną. Multiplexem opartym na detekcji fluorescencyjnej był quadruplex wyprodukowany przez Forensic Science Service. Zestaw ten zaliczany do multiplexów I generacji zawierał startery

komplementarne do regionów flankujących 4 loci, tj. TH01, FES/FPS, VWA i F13A1. Prawdopodobieństwo przypadkowej zgodności profilu przy takiej kombinacji markerów obniżone zostało do poziomu 1 na 10 000.

Opracowanie zestawu SGM było kolejnym etapem w rozwoju multipleksów. Był on zaliczany do multipleksów II generacji, umożliwiających amplifikację 6 markerów STR: TH01, VWA, FGA, D8S1179, D18S51 i D21S11 oraz markera płci amelogeniny. Profil DNA ujawniony za pomocą tego multipleksu pojawia się w populacji średnio 1 na ok. 50 mln osób [6].

Ostatnie 20 lat badań zaowocowało opracowaniem multipleksów III generacji, które z uwagi na wysoką informatywność, odporność na degradację, możliwość amplifikacji typu „direct” wykorzystywane są coraz częściej w różnych aspektach genetyki sądowej m. in. w badaniach identyfikacyjnych, spornego ojcostwa, oraz w badaniach rodowodowych.

Zaliczamy do nich zestaw PowerPlex® Fusion 6C firmy Promega. Jest to 27-locusowy multipleks służący do badań ludzkiego DNA w systemie 6-kolorowej detekcji fluorescencyjnej. Tabela 1 przedstawia charakterystykę 27 loci zestawu, ich chromosomową lokalizację, sekwencję oraz sposób znakowania [26].

Zestaw wykazuje bardzo dużą swoistość, którą udowodniono wykonując szereg prób z materiałem genetycznym pochodzących od różnych mikro- i makroorganizmów m.in. kota, psa, *Staphylococcus epidermidis*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Escherichia coli*. W przypadku większości zwierząt domowych nie zaobserwowano produktu, co wskazuje na brak reakcji krzyżowych. Podczas analizy materiałów pochodzących od świni, myszy i kury pojawiły się niewielkie piki typu „off ladder” oraz piki znajdujące się pomiędzy panelami. Zaobserwowano piki również w materiałach pochodzących od gatunków wykazujących genetyczne podobieństwo do człowieka m.in. szympansa ale otrzymane sygnały zostały sukcesywnie oddzielone od sygnałów pochodzących od ludzkich markerów STR [28].

Locus STR	Znakowanie	Lokalizacja chromosomowa	Sekwencja powtórzona 5'→ 3'
AMG	FL-6C	Xp22.1–22.3 and Y	-
D3S1358	FL-6C	3p21.31 (45.557Mb)	TCTA Complex
D1S1656	FL-6C	1q42 (228.972Mb)	TAGA Complex
D2S441	FL-6C	2p14 (68.214Mb)	TCTA
D10S1248	FL-6C	10q26.3 (130.567Mb)	GGAA
D13S317	FL-6C	13q31.1 (81.62Mb)	TATC
Penta E	FL-6C	15q26.2 (95.175Mb)	AAAGA
D16S539	JOE-6C	16q24.1 (84.944Mb)	GATA
D18S51	JOE-6C	18q21.33 (59.1Mb)	AGAA
D2S1338	JOE-6C	2q35 (218.705Mb)	TGCC/TTCC
CSF1PO	JOE-6C	5q33.1 (149.436Mb)	AGAT
Penta D	JOE-6C	21q22.3 (43.88Mb)	AAAGA
TH01	TMR-6C	11p15.5 (2.149Mb)	AATG
vWA	TMR-6C	12p13.31 (5.963Mb)	TCTA Complex
D21S11	TMR-6C	21q21.1 (19.476Mb)	TCTA Complex
D7S820	TMR-6C	7q21.11 (83.433Mb)	GATA
D5S818	TMR-6C	5q23.2 (123.139Mb)	AGAT
TPOX	TMR-6C	2p25.3 (1.472Mb)	AATG
D8S1179	CXR-6C	8q24.13 (125.976Mb)	TCTA Complex
D12S391	CXR-6C	12p12 (12.341Mb)	AGAT/AGAC Complex
D19S433	CXR-6C	19q12 (35.109Mb)	AAGG Complex
SE33	CXR-6C	6q14 (89.043Mb)	AAAG Complex
D22S1045	CXR-6C	22q12.3 (35.779Mb)	ATT
DYS391	TOM-6C	Y	TCTA
FGA	TOM-6C	4q28 (155.866Mb)	TTTC Complex
DYS576	TOM-6C	Y	AAAG
DYS570	TOM-6C	Y	TTTC

Tabela 1: Charakterystyka markerów STR wchodzących w skład multipleksu PowerPlex Fusion 6C.

Przebadano szereg próbek o zawartości DNA równej 250 pg, 125 pg, 62,5 pg oraz 31,25 pg. Przy zawartości DNA rzędu 250 pg otrzymano 100% oczekiwanych alleli, natomiast przy zawartości 62,5 pg otrzymano 82 % alleli. Otrzymane wyniki wskazują na dużą czułość PowerPlex Fusion.

Zestaw przebadano pod kątem odporności na powszechne inhibitory enzymów takie jak kwasy hummusowe, hematyna, kwas taninowy oraz EDTA. Otrzymano satysfakcjonujące wyniki wskazujące na bardzo dużą odporność na inhibicję [28].

Wyżej opisany zestaw stał się przedmiotem niniejszej pracy w zakresie oceny wybranych parametrów jego przydatności w badaniach medycznych i sądowych.

2. Cel pracy

Cel pracy stanowi analiza populacyjna i ocena przydatności jednego z multipleksowych zestawów: PowerPlex Fusion 6C zawierającego 26 loci STR: CSF1PO, FGA, TH01, vWA, D1S1656, D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, Penta D, Penta E, D22S1045, TPOX, SE33, DYS570, DYS576, DYS391 w badaniach genetyczno-sądowych. Wyżej wymienione cele zostały zrealizowane poprzez:

1. Analizę rozkładów alleli w zakresie 23 markerów autosomalnych systemu PowerPlex Fusion 6C i porównanie uzyskanych rozkładów z rozkładami w innych populacjach Europy i świata.
2. Kompleksową analizę międzypopulacyjną opartą na określeniu stopnia pokrewieństwa genetycznego pomiędzy badaną populacją Polski, a innymi populacjami z całego świata.
3. Ocenę przydatności zestawu PowerPlex Fusion 6C do analiz genetyczno-sądowych w oparciu o parametry statystyczne obliczone na podstawie uzyskanych rozkładów oraz analizę współczynnika wsobności.
4. Weryfikacja praktycznej przydatności multipleksu PowerPlex Fusion 6C na podstawie analizy spraw dochodzenia ojcostwa przeprowadzanych w Pracowni Genetyki Medycznej i Sądowej ZMS UM Łódź w latach 2015 – 2017, z uwzględnieniem ekspertyz potwierdzających i wykluczających ojcostwo.

3. Materiał i metodyka

3.1 Materiał

Materiał badawczy stanowiły wymazy z wewnętrznej strony policzka. Wymazy pobrano od 300 niespokrewnionych, dorosłych w tym 140 kobiet 160 mężczyzn urodzonych w regionie łódzkim. Zanalizowano łączną liczbę 122 spraw spornego ojcostwa w tym 105 spraw z potwierdzeniem ojcostwa oraz 17 spraw z wykluczeniem ojcostwa. Wszystkie badane osoby uczestniczyły w sprawach o ustalenie ojcostwa, o zaprzeczenie ojcostwa, o ustalenie bezskuteczności uznania ojcostwa, badaniach chimeryzmu u osób po przeszczepach szpiku oraz sprawach kryminalnych przeprowadzanych w latach 2015 – 2017 w Pracowni Genetyki Medycznej i Sądowej Zakładu Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego w Łodzi. Na wykorzystanie próbek w postaci wymazów do przedmiotowych analiz uzyskano zgodę badanych, bądź w przypadku osób niepełnoletnich zgodę ich opiekunów prawnych. Na wykorzystanie wyżej wymienionych materiałów do analizy i zestawień biostatystycznych uzyskano zgodę Komisji Bioetycznej przy UM w Łodzi nr RNN/294/16KE z dnia 06.12.2016r.

3.2 Metodyka badań

Materiał biologiczny w postaci komórek nabłonka z jamy ustnej pobierano na jałowe wymazówki przez pocieranie wewnętrznej strony policzka. Otrzymane wymazy zabezpieczono przez zamrożenie w temp. - 20°C do momentu izolacji. Genomowy DNA wyizolowano przy użyciu metody kolumnkowej z zastosowaniem membran jonowymiennych wiążących DNA –Spin 10X i buforów z zestawu AX Sherlock stosując się do protokołu producenta (A&A Biotechnology, Polska) [10].

Przeprowadzono analizę jakościową i ilościową wyizolowanego DNA za pomocą zestawu Power Quant (Promega, Madison, WI, USA) w aparacie Real-Time PCR System 7500 w oparciu o oprogramowanie HID Real-Time Analysis v.1.1 (Thermo Fisher Scientific, USA) [29].

Amplifikacja matrycowego DNA w oparciu o reakcję łańcuchową polimerazy (PCR) w systemie multipleks została przeprowadzona przy użyciu zestawu PowerPlex Fusion 6C (Promega, Madison, WI, USA) [26] w termocyklerze GeneAmp PCR System 9700 (Thermo Fisher Scientific Inc., USA). Mieszanina amplifikacyjna o objętości 12,5 µl zawierała 0,3-0,6 ng matrycowego DNA oraz primery specyficzne dla dwudziestu trzech loci autosomalnych: CSF1PO, FGA, TH01, vWA, D1S1656, D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, Penta D, Penta E, D22S1045, TPOX, SE33, loci znajdujących się na chromosomie Y: DYS570, DYS576, DYS391 oraz locus płci amelogeniny (AMG).

Następnie produkty reakcji PCR ujawniono przy zastosowaniu elektroforezy kapilarnej (CE) i detekcji fluorescencyjnej przeprowadzonej w sekwenatorze 3500 Genetic Analyzer (Thermo Fisher Scientific, USA). Wykrywanie produktów multipleks PCR przeprowadzono w oparciu o znakowanie sześcioma fluorochromami, w tym jeden barwnik fluorescencyjny zastosowano do wzorca wielkości fragmentów - DNA WEN Internal Lane Standard 500 dostarczonego przez producenta (Promega, Madison, WI, USA). Przeprowadzono ocenę ilościową tandemowych powtórzeń w badanych loci STR w odniesieniu do zawartego w zestawie wzorca alleli DNA – Allelic Ladder (Promega, Madison, WI, USA) z użyciem oprogramowania GeneMapper ID-X v.1.2 (Thermo Fisher Scientific, USA). Genotypowanie przeprowadzono w obecności kontroli ujemnej oraz kontroli dodatniej według zaleceń Komisji Międzynarodowego Towarzystwa Genetyki Sądowej (ISFG) [30,31].

3.3 Analiza statystyczna

W otrzymanym rozkładzie genotypów oceniono zgodność rozkładów z równowagą Hardy'ego i Weinberga (HWE). Analiza HWE służy do oceny, czy badany rozkład genotypów w obrębie 23 markerów nie odbiega w sposób istotny od oczekiwanego, otrzymanego na podstawie częstości alleli.

Jeżeli oba rozkłady nie wykazują istotnych różnic, to populacja znajduje się w zgodzie z prawem równowagi Hardy'ego-Weiberga. Stan dynamicznej równowagi charakteryzuje populacje w których częstość genotypów jest stała, nie zmienia się w kolejnych pokoleniach i jest związana z częstością alleli [22]. Jeśli założymy występowanie dwóch alleli D i d o częstościach występowania odpowiednio f_D i f_d tworzących trzy możliwe genotypy: DD, dd, Dd, to w populacji będącej w stanie równowagi HWE występować będą następujące zależności:

$$f_D + f_d = 1$$
$$(f_D + f_d)^2 = f_D^2 + 2 f_D f_d + f_d^2 = 1$$

$$DD = f_D^2 \text{ (układ homozygotyczny alleli w lokus)}$$

$$dd = f_d^2 \text{ (układ homozygotyczny alleli w lokus)}$$

$$Dd = 2f_D f_d \text{ (układ heterozygotyczny alleli w lokus)}$$

Wyżej wymienioną analizę statystyczną przeprowadzono za pomocą oprogramowania GDA [32] przy użyciu 2300 permutacji w oparciu o algorytm opisany przez Guo i Thompson [33] z zastosowaniem testu dokładnego (ang. Exact) Fishera [34]. Wynik testu Exact porównania rozkładu badanego i oczekiwanego genotypów generuje poziom prawdopodobieństwa $P \geq 0,05$, co wskazuje na brak statystycznie istotnych różnic między obydwoimi rozkładami w badanej populacji, natomiast poziom prawdopodobieństwa $P < 0,05$ na odstępstwa od stanu HWE.

Podczas analizy statystycznej zastosowano poprawkę Bonferroniego, która zmienia poziom istotności lub wartość prawdopodobieństwa (P), opisującego statystyczną istotność różnic między rozkładami. Przy wielokrotnym badaniu poziom prawdopodobieństwa ukazujący brak odstępstw od równowagi to 0,05 dzielone przez ilość badanych lub porównywanych markerów w populacji. W przypadku niniejszej pracy badany zestaw zawierał 23 loci, po skorygowaniu poziomem $P > 0,002$ ($0,05/23$) spełnione było kryterium HWE [35].

Wskaźnik wsobności (inbredu) - ang. coancestry (inbreeding) coefficient oznaczany symbolem Φ (theta) ukazuje na określoną ilość wspólnych przodków w populacji przy pomocy zestawienia proporcji heterozygotyczności obserwowanej i oczekiwanej [36]. Przybiera on w wartość w granicach od -1 do 1. Wartość $\Phi = 0$ oznacza, że populacja znajduje się w stanie HWE [37].

Analiza parametrów przydatności markerów

Dla analizowanych rozkładów genotypów i uzyskanych na ich podstawie rozkładów alleli badanych markerów systemu PowerPlex Fusion 6C obliczono z wykorzystaniem oprogramowań: PowerMarker v. 3.25 [38], GDA (Genetic Data Analysis) v.1.0 [32,39], oraz arkusza kalkulacyjnego Power Stats v.1.2 [40] następujące parametry przydatności:

- Liczba genotypów – Genotype No. (ang. Genotype Number)
- Liczba alleli – Allele No. (ang. Allele Number)
- Częstość głównego allela – MAF (ang. Major Allele Frequency)
- Heterozygotyczność HET (ang. Heterozygosity) odpowiadająca heterozygotyczności obserwowanej – HETobs (ang. Heterozygosity observed)
- Zmienność genowa – GD (ang. Gene Diversity) odpowiadająca Heterozygotyczności oczekiwanej – HETexp (ang. Heterozygosity expected)
- Prawdopodobieństwo zgodności – MP (ang. Matching Probability) opisuje prawdopodobieństwo przypadkowego powtórzenia się profilu DNA w populacji i jest wyrażane jako pojawienie się określonego profilu DNA przypadające na określoną liczbę osób w populacji
- Siła dyskryminacji – PD (ang. Power of Discrimination) opisuje prawdopodobieństwo, że dwie wybrane losowo osoby z populacji nie będą miały jednakowego profilu DNA
- Siła wykluczenia – PE (ang. Power of Exclusion)
- Typowy indeks ojcostwa –TPI (ang. Typical Paternity Index)
- Wskaźnik informacji o polimorfizmie - PIC (ang. Polymorphism Information Content) Łączna ocena przydatności multipleksu
- Łączna wartość prawdopodobieństwa zgodności
- Łączna wartość siły dyskryminacji oraz siły wykluczenia

Analiza dystansów genetycznych (ang. analysis of genetic distances)

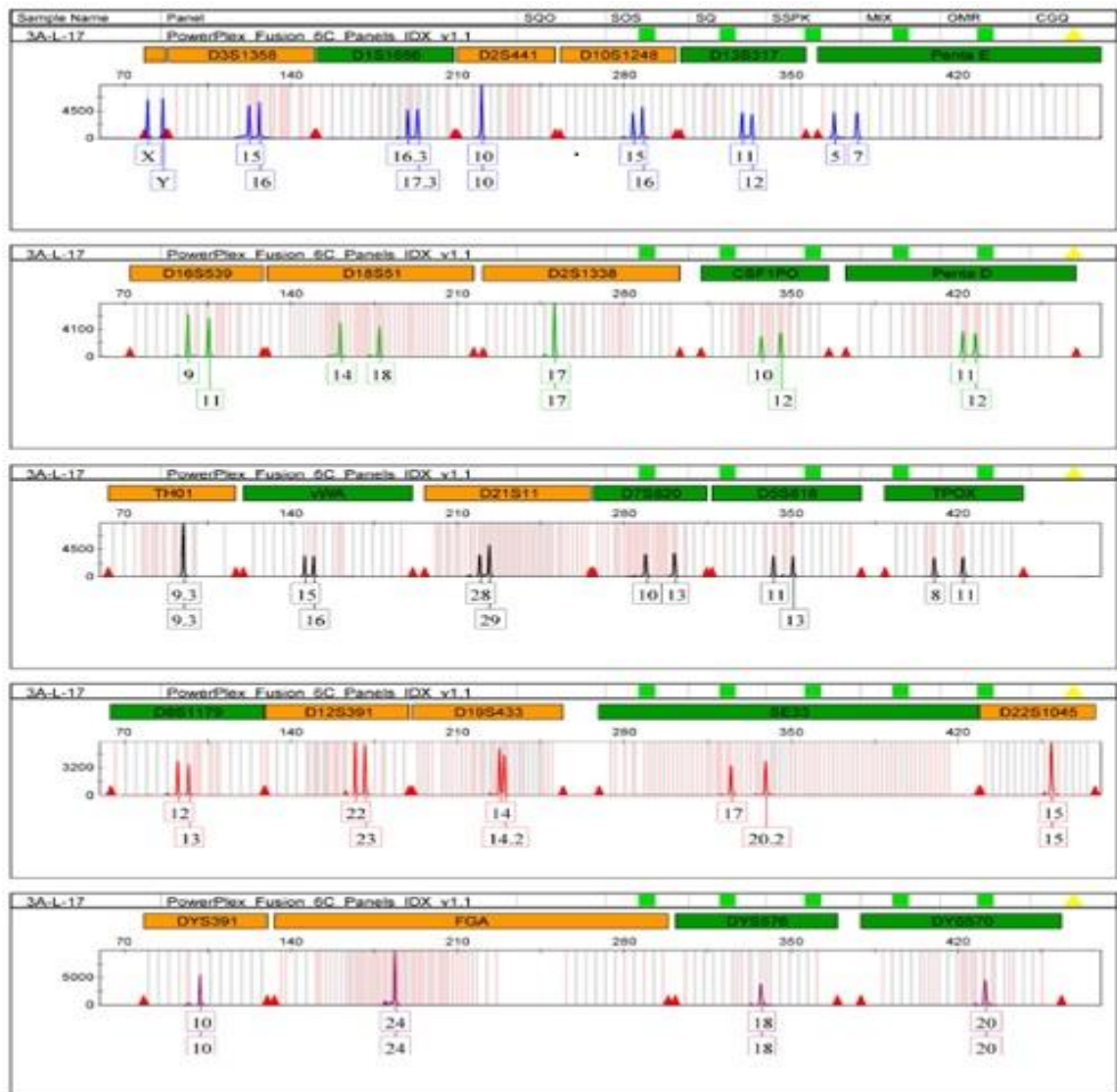
Na podstawie uzyskanych wyników rozkładów cech DNA zaprojektowano macierz odległości genetycznych zgodnie z algorytmem podanym przez Reynolds i wsp. [41] w programie Power Marker, v.3.25 [38], a następnie zwizualizowano w oparciu o uzyskaną macierz dystansów w programie GDA, v.1.0 [32], przy użyciu programu TreeView [42]. W dalszym postępowaniu skonstruowano radialne drzewo dystansów genetycznych z zastosowaniem metody przyłączania sąsiada (najbliższego sąsiada) – NJ (ang. Neighbor-Joining) oraz filogram z zastosowaniem metody średnich połączeń UPGMA (ang. Unweighted Pair-Group Method using arithmetic Averages).

Wykonano również skalowanie wielowymiarowe MDS (ang. multidimensional scaling) w programie STATISTICA v.12.5 [43]. Skalowanie przeprowadzone zostało na wykresach dwuwymiarowych. Procedura polegała na przemieszczaniu obiektów w przestrzeni o ustalonym wymiarze, a następnie sprawdzeniu na ile ustalona konfiguracja odtwarza faktyczne odległości między obiektami.

4. Wyniki badań

4.1 Analiza populacyjna i porównawcza

Na podstawie ujawnionych rozkładów genotypów dla 300 niespokrewnionych osób urodzonych na terenie Polski przeprowadzono analizę populacyjną rozkładu alleli w obrębie 23 układów STR autosomalnego DNA w zakresie multipleksu PowerPlex Fusion 6C (Promega). W kolejnym etapie analizy zestawiono otrzymany rozkład alleli z innymi populacjami Europy i świata. Na rycinie 1 przedstawiono przykładowy profil DNA jednej z badanych osób. Wszystkie profile zostały otrzymane w odniesieniu do standardu wielkości przedstawionego na rycinie 2 (str 20). Tabela 2 zawiera zestawienie uzyskanej bazy danych populacyjnych w populacji Polski.



Rycina 1. Przykładowy profil osoby ujawniony za pomocą zestawu PowerPlex Fusion 6C

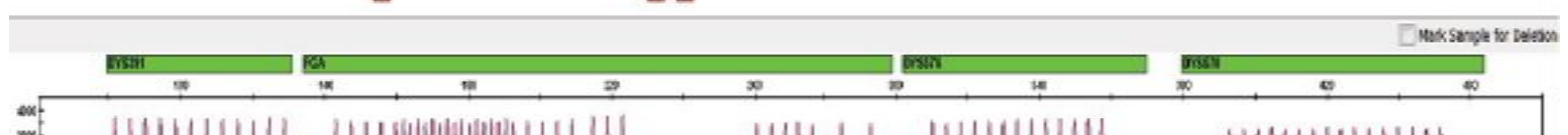
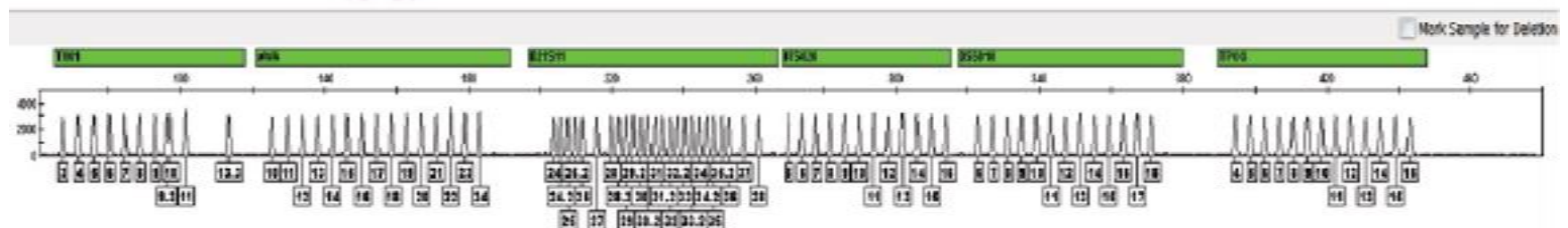
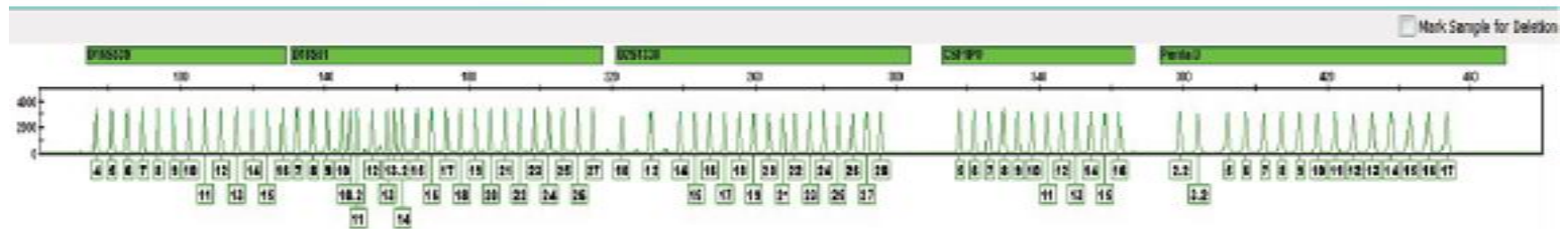
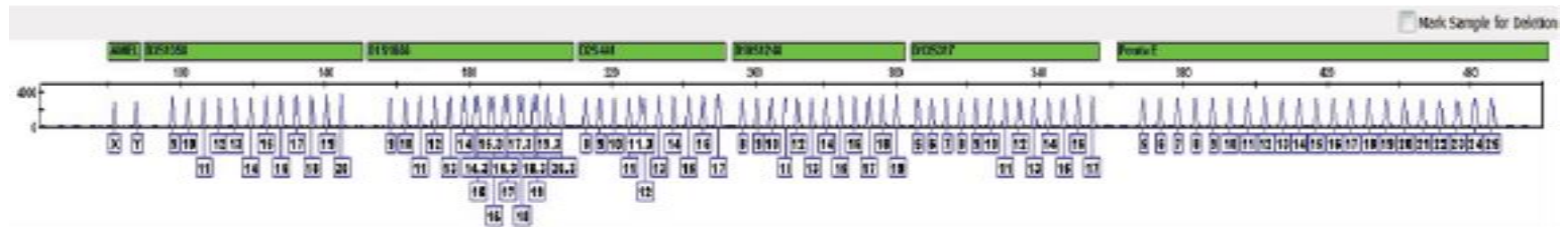


Tabela 2. Częstości alleli w obrębie 23 markerów zawartych w systemie PowerPlex Fusion 6C w próbie populacyjnej 300 niespokrewnionych osób z populacji polskiej

Allele	D3S1358	D1S1656	D2S441	D10S1248	D13S317	PENTA E	D16S539	D18S51	D2S1338	CSF1PO	PENTA D	TH01	vWA	D21S11	D7S820	D5S818	TPOX	D8S1179	D12S391	D19S433	SE33	D22S1045	FGA	Allele	
5						0,0817																		5	
6												0,2183					0,0017								6
7						0,1383						0,1133			0,0067										7
8					0,1233	0,0050	0,0150			0,0017	0,0133	0,1067			0,1267		0,5433	0,0117							8
9					0,0833	0,0200	0,0550			0,0317	0,2450	0,2050			0,1367	0,0367	0,0867	0,0183							9
9.3												0,3467													9.3
10		0,0017	0,2150		0,0333	0,1350	0,0267	0,0117		0,2883	0,1250	0,0100			0,3183	0,0950	0,0750	0,0800							10
11		0,0983	0,3250	0,0050	0,3783	0,0900	0,3350	0,0100		0,2617	0,1817				0,2083	0,3383	0,2700	0,0567		0,0033	0,0017	0,1617			11
11																					0,0017				11,1
11.3					0,0700																				11.3
12		0,1200	0,0283	0,0167	0,2433	0,1350	0,3200	0,0800		0,3367	0,1767				0,1667	0,3750	0,0233	0,1700		0,0917	0,0033	0,0200			12
12.2																					0,0017				12.2
12.3															0,0017										12.3
13	0,0050	0,0567	0,0233	0,2267	0,0833	0,1033	0,2033	0,1067		0,0750	0,1783		0,0017		0,0317	0,1400		0,2983		0,2067	0,0083	0,0017			13
13.2																					0,0367	0,0017			13.2
13																									13,4
14	0,1500	0,0717	0,2883	0,3133	0,0533	0,0883	0,0417	0,1383		0,0017	0,0567		0,0950		0,0033	0,0150		0,2350	0,0017	0,3600	0,0550	0,0433			14
14.2																						0,0267			14.2
14.3		0,0017																							14.3
14																						0,0017			14,4
15	0,2200	0,1417	0,0400	0,2517	0,0017	0,0833	0,0033	0,1850	0,0033	0,0033	0,0150		0,1183					0,1000	0,0300	0,1617	0,0367	0,3233			15
15.2																						0,0333			15.2
15.3		0,0733																							15.3
16	0,2450	0,1233	0,0100	0,1433		0,0350		0,1667	0,0333		0,0067		0,1917					0,0267	0,0267	0,0433	0,0450	0,3433			16
16.2																					0,0183				16.2
16.3		0,0433																							16.3
17	0,1950	0,0517		0,0400		0,0383		0,1267	0,1950				0,2700					0,0033	0,1150		0,0750	0,0883	0,0017		17
17.2																							0,0117		17.2
17.3		0,1667																		0,0183					17.3
18	0,1733			0,0033		0,0233		0,0917	0,1000				0,2183						0,1933		0,0733	0,0183	0,0167		18
18.2																					0,0033				18.2
18.3		0,0400																			0,0167				18.3
19	0,0117					0,0133		0,0433	0,1150				0,0917							0,1283		0,0600		0,0767	19
19.2																						0,0017			19.2

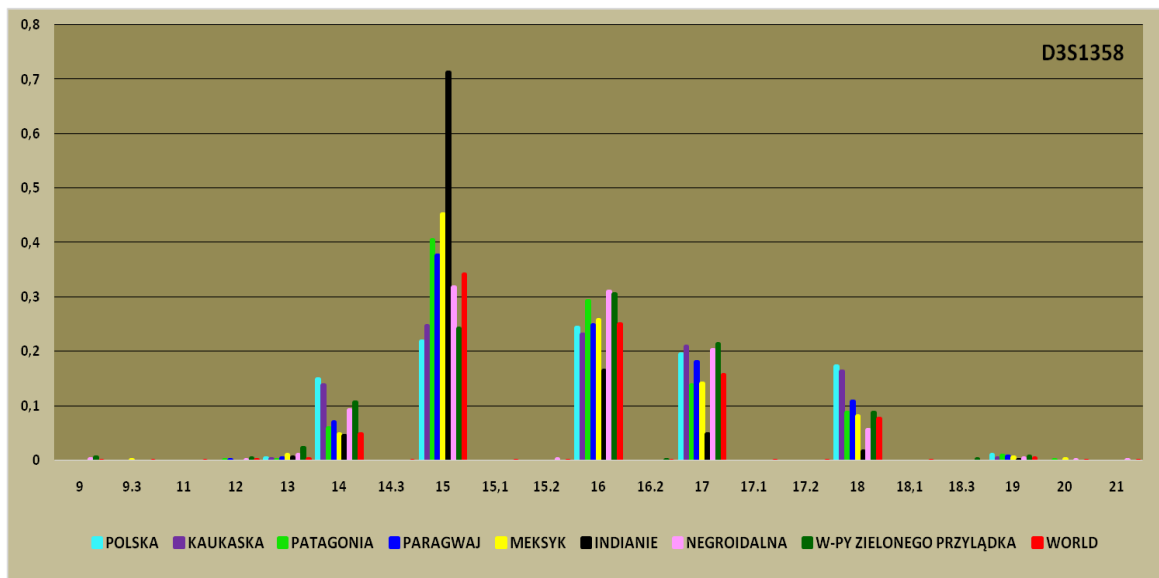
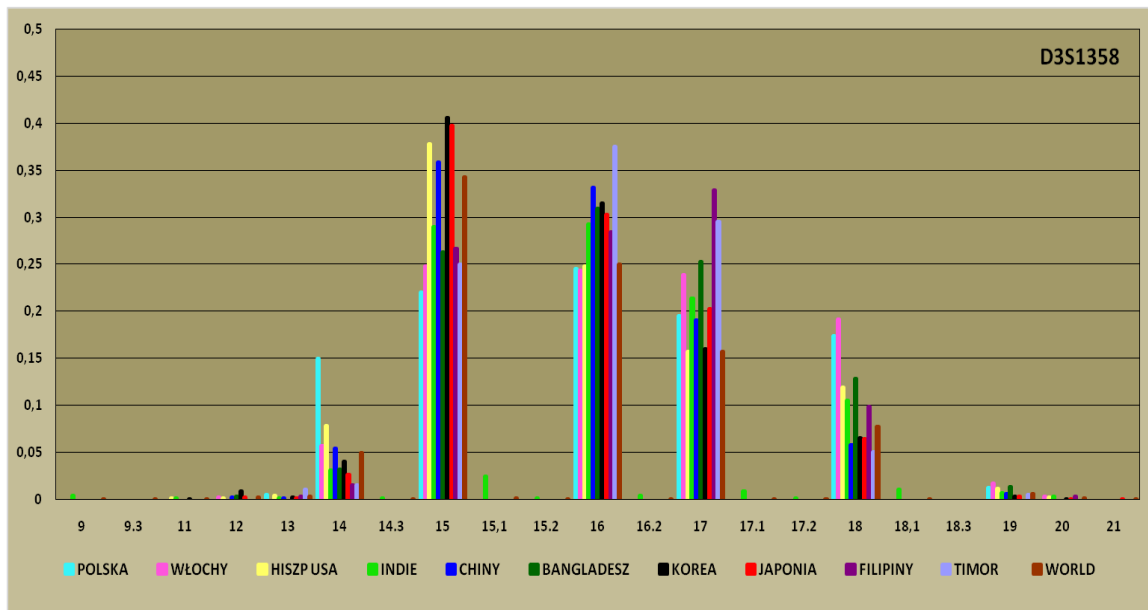
Allele	D3S1358	D1S1656	D2S441	D10S1248	D13S317	PENTA E	D16S539	D18S51	D2S1338	CSF1PO	PENTAD	TH01	vWA	D21S11	D7S820	D5S818	TPOX	D8S1179	D12S391	D19S433	SE33	D22S1045	FGA	Allele	
19.3		0,0100																	0,0017						19.3
20						0,0033		0,0250	0,1433				0,0117						0,1017		0,0417		0,1483		20
20.2																					0,0117				20.2
20.3																			0,0017						20.3
21						0,0017		0,0067	0,0450				0,0017						0,1017		0,0150		0,1983		21
21.2																					0,0150		0,0017		21.2
22								0,0083	0,0217										0,1167		0,0067		0,1883		22
22.2																					0,0250		0,0117		22.2
23						0,0033			0,0967										0,0967				0,1133		23
23.2																					0,0567		0,0200		23.2
24									0,1250										0,0350				0,1433		24
24.2																					0,0450		0,0050		24.2
25									0,1067										0,0100				0,0500		25
25.2																					0,0317		0,0017		25.2
26									0,0150				0,0050						0,0050				0,0167		26
26.2																					0,0650				26.2
27													0,0283										0,0050		27
27.2																					0,0967				27.2
28													0,1867										0,0017		28
28.2																					0,0750				28.2
29													0,1850												29
29.2																					0,0533				29.2
30													0,2467												30
30.2													0,0550								0,0433				30.2
31													0,0583												31
31.2													0,0850								0,0283				31.2
32													0,0100												32
32.2													0,0983								0,0083				32.2
33																					0,0033				33
33.2													0,0350								0,0050				33.2
34																					0,0033				34
34.2													0,0050								0,0033				34.2
35																					0,0017				35
35.2													0,0017								0,0017				35.2
37																					0,0017				37

Tabela 2 cd. Częstości alleli w obrębie 23 markerów zawartych w systemie PowerPlex Fusion 6C w próbie populacyjnej 300 niespokrewnionych osób z populacji polskiej.

Przedstawione dane dla populacji polskiej, którą uznaje się za jedną z najmniej zróżnicowanych populacji w Europie, porównano z innymi populacjami Europy oraz świata, tj. kolejno: Włoch, hiszpańskojęzycznych mieszkańców USA, Indii, Chin, Bangladeszu, Korei, Japonii, Filipin, Timoru, rasy kaukaskiej (USA), Patagonii, Paragwaju, Meksyku, Indian (Ameryka Pł.), rasy negroidalnej Ameryki Pł, Wysp Zielonego Przylądka. [44-56] kolejno w tabelach 3 - 26 , a następnie na rycinach 3 - 38. W celu uwidocznienia rozkładu cech dla każdego z badanych markerów przedstawiono częstości alleli dla próby globalnej (world) na podstawie 17 badanych populacji.

D3S1358	POLSKA	WŁOCHY	HISZP. USA	KAUKASKA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIA	NEGROIDALNA	ZIEL. PRZYL.	WORLD
Allele	ALLELE FREQUENCIES																	
9	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0040	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0050	0,0001
9.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0008	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
11	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
12	0,0000	0,0020	0,0010	0,0000	0,0000	0,0018	0,0030	0,0080	0,0020	0,0000	0,0000	0,0013	0,0018	0,0000	0,0000	0,0009	0,0040	0,0016
13	0,0050	0,0000	0,0042	0,0025	0,0010	0,0009	0,0000	0,0015	0,0010	0,0030	0,0100	0,0019	0,0046	0,0100	0,0059	0,0101	0,0230	0,0028
14	0,1500	0,0570	0,0783	0,1386	0,0310	0,0536	0,0320	0,0400	0,0263	0,0150	0,0150	0,0604	0,0705	0,0485	0,0462	0,0921	0,1070	0,0493
14.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
15	0,2200	0,2480	0,3781	0,2475	0,2900	0,3582	0,2630	0,4060	0,3971	0,2665	0,2500	0,4058	0,3764	0,4532	0,7134	0,3177	0,2430	0,3427
15.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0240	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0008
15.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000
16	0,2450	0,2430	0,2478	0,2327	0,2930	0,3315	0,3090	0,3150	0,3031	0,2844	0,3750	0,2929	0,2500	0,2575	0,1656	0,3103	0,3060	0,2503
16.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0040	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0001
17	0,1950	0,2390	0,1567	0,2104	0,2140	0,1906	0,2530	0,1600	0,2025	0,3293	0,2950	0,1383	0,1813	0,1421	0,0492	0,2035	0,2140	0,1574
17.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0080	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003
17.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
18	0,1733	0,1910	0,1186	0,1634	0,1050	0,0576	0,1280	0,0655	0,0646	0,0988	0,0500	0,0883	0,1081	0,0811	0,0179	0,0562	0,0880	0,0775
18.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0100	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003
18.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0020	0,0000
19	0,0117	0,0170	0,0116	0,0050	0,0070	0,0052	0,0130	0,0030	0,0027	0,0000	0,0050	0,0091	0,0073	0,0050	0,0014	0,0046	0,0070	0,0054
20	0,0000	0,0030	0,0021	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0005	0,0003	0,0030	0,0000	0,0019	0,0000	0,0017	0,0000	0,0009	0,0000	0,0008
21	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000

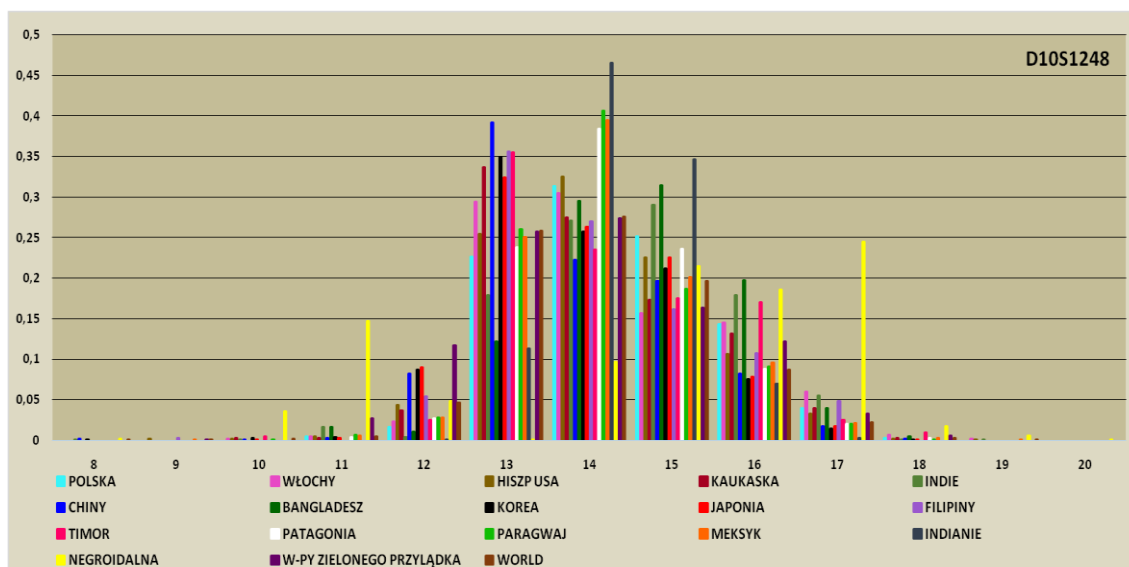
Tabela 3. Częstości alleli układu D3S1358 w populacji polskiej w porównaniu z innym populacjami Europy i świata



Rycina 3,4. Proporcje rozkładu alleli układu D3S1358 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata.

Tabela 4 Częstości alleli układu D10S1248 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata

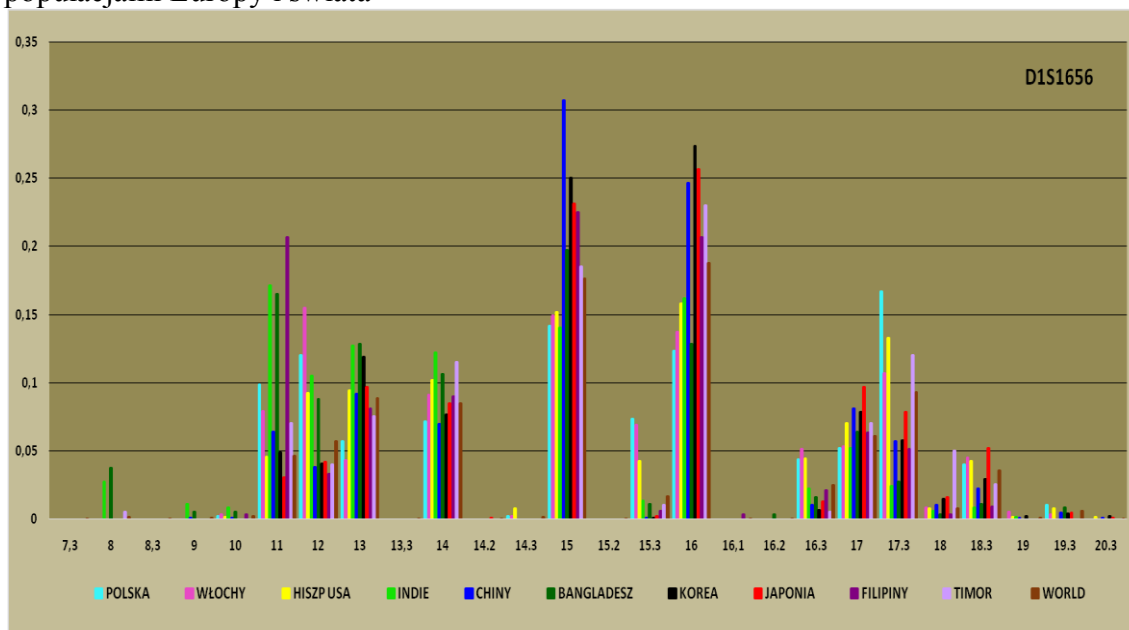
D10S1248	POLSKA	WŁOCHY	HISZPUSA	KAUKASKA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGRODALNA	ZIEL. PRZYŁDKA	WORLD
Allele	ALLELE FREQUENCIES																	
8	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0015	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0000	0,0003
9	0,0000	0,0000	0,0021	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0008	0,0000	0,0000	0,0010	0,0003
10	0,0000	0,0020	0,0021	0,0025	0,0010	0,0012	0,0000	0,0025	0,0007	0,0000	0,0050	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0359	0,0000	0,0009
11	0,0050	0,0050	0,0052	0,0025	0,0160	0,0033	0,0160	0,0030	0,0027	0,0000	0,0000	0,0039	0,0064	0,0059	0,0000	0,1473	0,0270	0,0039
12	0,0167	0,0230	0,0434	0,0371	0,0040	0,0818	0,0110	0,0865	0,0896	0,0539	0,0250	0,0273	0,0284	0,0276	0,0014	0,0479	0,1170	0,0456
13	0,2267	0,2940	0,2542	0,3366	0,1790	0,3915	0,1220	0,3490	0,3235	0,3563	0,3550	0,2383	0,2601	0,2508	0,1134	0,0009	0,2570	0,2581
14	0,3133	0,3050	0,3252	0,2748	0,2710	0,2227	0,2950	0,2570	0,2628	0,2695	0,2350	0,3838	0,4057	0,3946	0,4656	0,0967	0,2740	0,2751
15	0,2517	0,1570	0,2256	0,1733	0,2900	0,1967	0,3140	0,2115	0,2252	0,1617	0,1750	0,2364	0,1868	0,2007	0,3462	0,2145	0,1630	0,1957
16	0,1433	0,1450	0,1059	0,1312	0,1790	0,0818	0,1970	0,0755	0,0779	0,1078	0,1700	0,0877	0,0907	0,0953	0,0701	0,1860	0,1220	0,0869
17	0,0400	0,0600	0,0328	0,0396	0,0550	0,0173	0,0400	0,0140	0,0167	0,0479	0,0250	0,0201	0,0201	0,0209	0,0029	0,2449	0,0330	0,0211
18	0,0033	0,0070	0,0021	0,0025	0,0010	0,0021	0,0050	0,0005	0,0010	0,0000	0,0100	0,0026	0,0009	0,0025	0,0000	0,0175	0,0060	0,0017
19	0,0000	0,0020	0,0010	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0008	0,0000	0,0055	0,0000	0,0002
20	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000



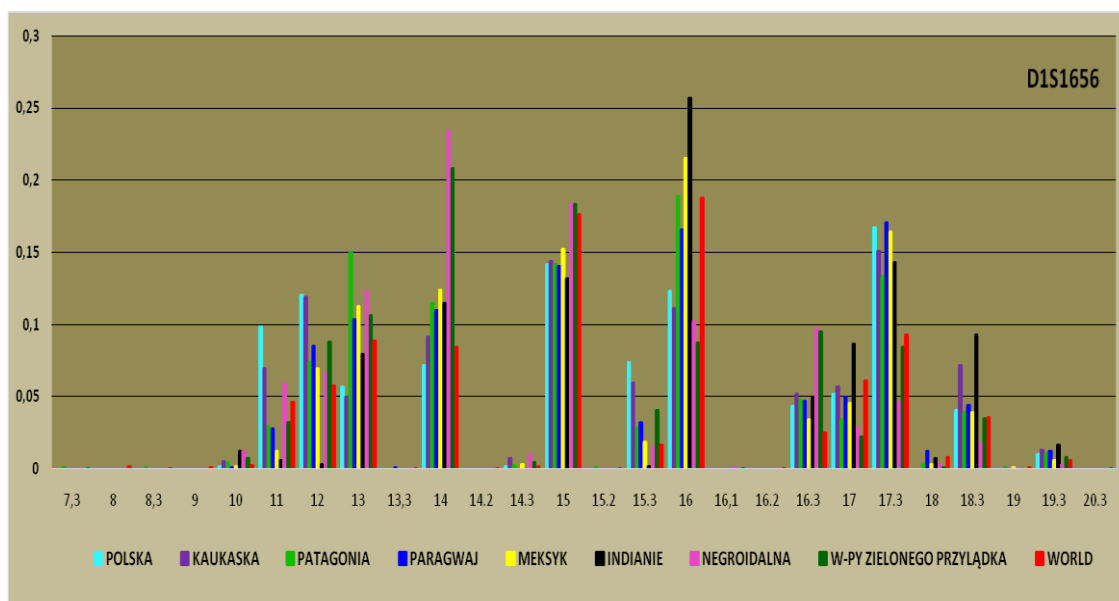
Rycina 5. Proporcje rozkładu alleli układu D10S1248 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

D1S1656	POLSKA	WŁOCHY	HISZP USA	KAUKASK A	INDIE	CHINY	BANGLA DESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPIN Y	TIMOR	PATAG ONIA	PARAG WAJ	MEKSY K	INDIANI E	NEGROIDA LNA	ZIEL PRZYL	WORLD
Allele	ALLELE FREQUENCIES																	
7.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
8	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0270	0,0000	0,0370	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0015
8.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
9	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0110	0,0003	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005
10	0,0017	0,0030	0,0010	0,0050	0,0080	0,0003	0,0050	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0039	0,0009	0,0015	0,0119	0,0120	0,0070	0,0018
11	0,0983	0,0790	0,0455	0,0693	0,1710	0,0636	0,1650	0,0485	0,0303	0,2066	0,0700	0,0286	0,0275	0,0120	0,0059	0,0589	0,0320	0,0460
12	0,1200	0,1550	0,0921	0,1188	0,1050	0,0376	0,0880	0,0405	0,0416	0,0329	0,0400	0,0734	0,0852	0,0693	0,0029	0,0663	0,0880	0,0570
13	0,0567	0,0430	0,0942	0,0495	0,1270	0,0915	0,1280	0,1190	0,0963	0,0808	0,0750	0,1500	0,1035	0,1124	0,0791	0,1234	0,1060	0,0887
13.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
14	0,0717	0,0910	0,1016	0,0916	0,1220	0,0691	0,1060	0,0765	0,0846	0,0898	0,1150	0,1149	0,1099	0,1240	0,1149	0,2339	0,2080	0,0845
14.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
14.3	0,0017	0,0020	0,0074	0,0074	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0019	0,0000	0,0030	0,0000	0,0101	0,0040	0,0014
15	0,1417	0,1490	0,1514	0,1436	0,1400	0,3073	0,1970	0,2500	0,2308	0,2246	0,1850	0,1416	0,1401	0,1521	0,1313	0,1832	0,1830	0,1763
15.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
15.3	0,0733	0,0690	0,0423	0,0594	0,0130	0,0003	0,0110	0,0005	0,0013	0,0060	0,0100	0,0279	0,0321	0,0181	0,0014	0,0147	0,0400	0,0163
16	0,1233	0,1370	0,1578	0,1114	0,1620	0,2461	0,1280	0,2735	0,2565	0,2066	0,2300	0,1890	0,1658	0,2154	0,2567	0,1022	0,0870	0,1876
16.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
16.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
16.3	0,0433	0,0510	0,0444	0,0520	0,0220	0,0097	0,0160	0,0060	0,0120	0,0210	0,0050	0,0474	0,0467	0,0341	0,0492	0,0967	0,0950	0,0247
17	0,0517	0,0530	0,0699	0,0569	0,0520	0,0809	0,0640	0,0780	0,0963	0,0629	0,0700	0,0338	0,0495	0,0452	0,0865	0,0285	0,0220	0,0605
17.3	0,1667	0,1070	0,1324	0,1510	0,0240	0,0567	0,0270	0,0575	0,0783	0,0509	0,1200	0,1331	0,1703	0,1642	0,1432	0,0460	0,0840	0,0929
18	0,0000	0,0080	0,0074	0,0000	0,0060	0,0097	0,0030	0,0145	0,0157	0,0030	0,0500	0,0026	0,0119	0,0030	0,0074	0,0028	0,0010	0,0079
18.3	0,0400	0,0450	0,0423	0,0718	0,0080	0,0221	0,0110	0,0290	0,0516	0,0090	0,0250	0,0390	0,0440	0,0387	0,0925	0,0175	0,0350	0,0353
19	0,0000	0,0050	0,0010	0,0000	0,0010	0,0006	0,0000	0,0015	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006
19.3	0,0100	0,0030	0,0074	0,0124	0,0000	0,0039	0,0080	0,0035	0,0040	0,0000	0,0000	0,0104	0,0119	0,0060	0,0164	0,0028	0,0080	0,0057
20.3	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0015	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003

Tabela 5. Częstości alleli układu D1S1656 w populacji polskiej w zestawieniu z innymi populacjami Europy i świata



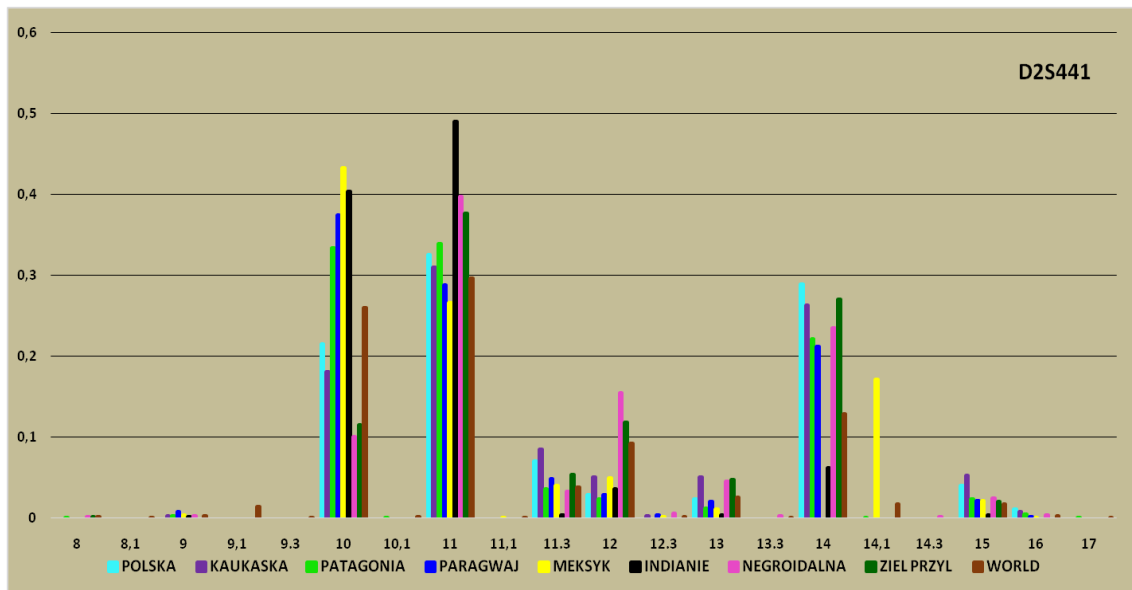
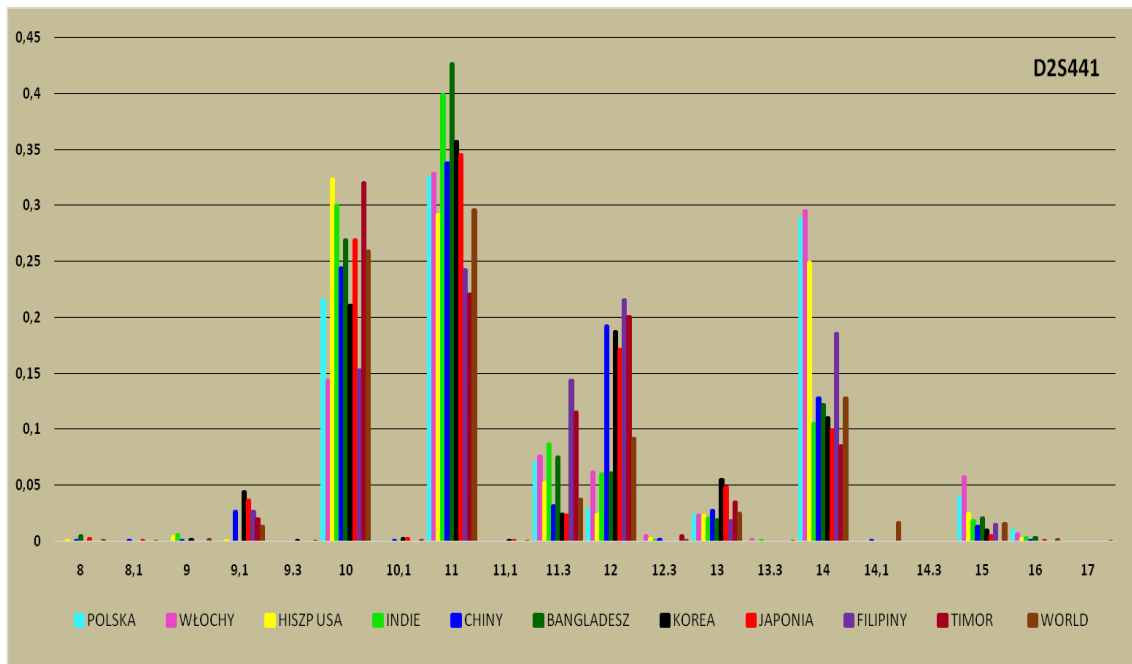
Rycina 6. Proporcje rozkładu alleli układu D1S1656 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata.



Rycina 7. Proporcje rozkładu alleli układu D1S1656 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata.

D2S441	POLSKA	WŁOCHY	HISZP USA	KAUKASKA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	ZIEL PRZYŁ.	WORLD	
Allele	ALLELE FREQUENCIES																		
8	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0003	0,0050	0,0000	0,0023	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0010	0,0006
8,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
9	0,0000	0,0000	0,0042	0,0025	0,0060	0,0003	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0026	0,0073	0,0042	0,0014	0,0018	0,0000	0,0000	0,0019
9,1	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0261	0,0000	0,0440	0,0363	0,0269	0,0200	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0133
9,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
10	0,2150	0,1440	0,3230	0,1807	0,3000	0,2436	0,2690	0,2100	0,2682	0,1527	0,3200	0,3338	0,3736	0,4323	0,4029	0,1004	0,1150	0,2591	0,0006
10,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0020	0,0023	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006
11	0,3250	0,3280	0,2913	0,3094	0,3980	0,3373	0,4260	0,3565	0,3444	0,2425	0,2200	0,3390	0,2875	0,2659	0,4895	0,3969	0,3760	0,2954	0,0002
11,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0008	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
11,3	0,0700	0,0760	0,0529	0,0842	0,0870	0,0312	0,0750	0,0240	0,0227	0,1437	0,1150	0,0364	0,0476	0,0401	0,0029	0,0322	0,0530	0,0379	0,0251
12	0,0283	0,0620	0,0243	0,0495	0,0600	0,1915	0,0610	0,1870	0,1706	0,2156	0,2000	0,0240	0,0284	0,0502	0,0358	0,1538	0,1180	0,0921	0,0010
12,3	0,0000	0,0050	0,0021	0,0025	0,0010	0,0015	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0027	0,0017	0,0000	0,0046	0,0000	0,0010	
13	0,0233	0,0230	0,0233	0,0495	0,0210	0,0267	0,0190	0,0550	0,0483	0,0180	0,0350	0,0123	0,0192	0,0109	0,0029	0,0451	0,0470	0,0251	
13,3	0,0000	0,0020	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000	0,0001	
14	0,2883	0,2950	0,2489	0,2624	0,1050	0,1270	0,1220	0,1100	0,0993	0,1856	0,0850	0,2214	0,2115	0,0000	0,0611	0,2348	0,2700	0,1279	
14,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,1714	0,0000	0,0000	0,0000	0,0168	
14,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	
15	0,0400	0,0580	0,0254	0,0520	0,0180	0,0127	0,0210	0,0095	0,0047	0,0150	0,0000	0,0234	0,0211	0,0217	0,0029	0,0239	0,0200	0,0163	
16	0,0100	0,0070	0,0021	0,0074	0,0030	0,0006	0,0030	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0045	0,0009	0,0008	0,0000	0,0028	0,0000	0,0016	
17	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	

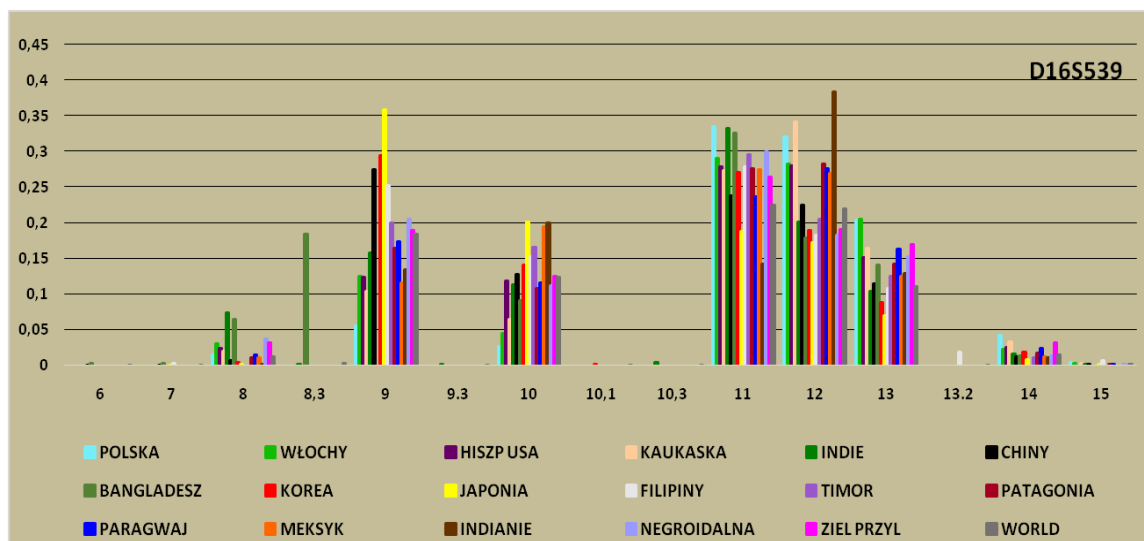
Tabela 6. Częstości alleli układu D2S441 w populacji polskiej w zestawieniu z innymi populacjami Europy i świata



Rycina 8.9. Proporcje rozkładu alleli układu D2S441 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata.

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISPANIE	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELENEGO PRZYŁADKA	WORLD
D16S539	ALLELE FREQUENCIES																	
6	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
7	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0030	0,0000	0,0003	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
8	0,0150	0,0300	0,0233	0,0730	0,0070	0,0640	0,0025	0,0017	0,0000	0,0000	0,0198	0,0110	0,0137	0,0109	0,0014	0,0369	0,0320	0,0115
8,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,1840	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0031
9	0,0550	0,1240	0,1239	0,1570	0,2739	0,0000	0,2935	0,3588	0,2515	0,2000	0,1040	0,1636	0,1731	0,1154	0,1343	0,2048	0,1890	0,1835
9.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
10	0,0267	0,0450	0,1186	0,1120	0,1270	0,0900	0,1395	0,2005	0,1527	0,1650	0,0644	0,1071	0,1154	0,1948	0,2000	0,1116	0,1240	0,1236
10,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
10,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
11	0,3350	0,2900	0,2786	0,3320	0,2379	0,3250	0,2705	0,1872	0,2784	0,2950	0,2723	0,2753	0,2353	0,2742	0,1417	0,2989	0,2640	0,2238
12	0,3200	0,2820	0,2796	0,2000	0,2248	0,1780	0,1880	0,1722	0,1826	0,2050	0,3416	0,2825	0,2747	0,2684	0,3835	0,1817	0,1900	0,2186
13	0,2033	0,2050	0,1504	0,1040	0,1148	0,1410	0,0875	0,0696	0,1078	0,1250	0,1634	0,1416	0,1630	0,1246	0,1283	0,1522	0,1690	0,1096
13.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0180	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003
14	0,0417	0,0220	0,0254	0,0150	0,0127	0,0130	0,0180	0,0087	0,0000	0,0100	0,0322	0,0175	0,0238	0,0117	0,0104	0,0129	0,0320	0,0147
15	0,0033	0,0020	0,0000	0,0010	0,0012	0,0000	0,0000	0,0010	0,0060	0,0000	0,0025	0,0013	0,0009	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0008

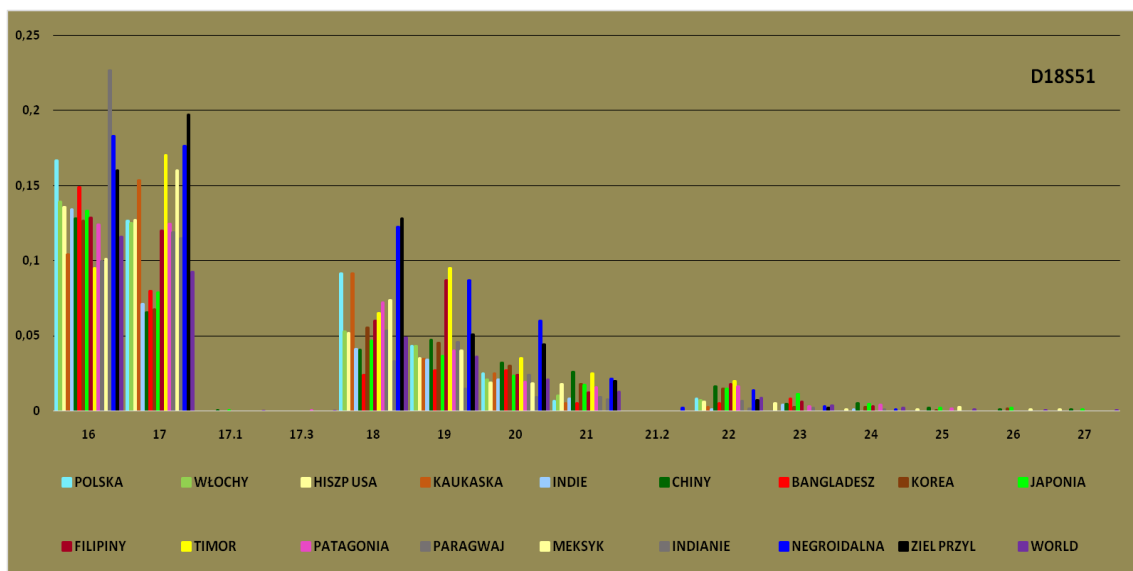
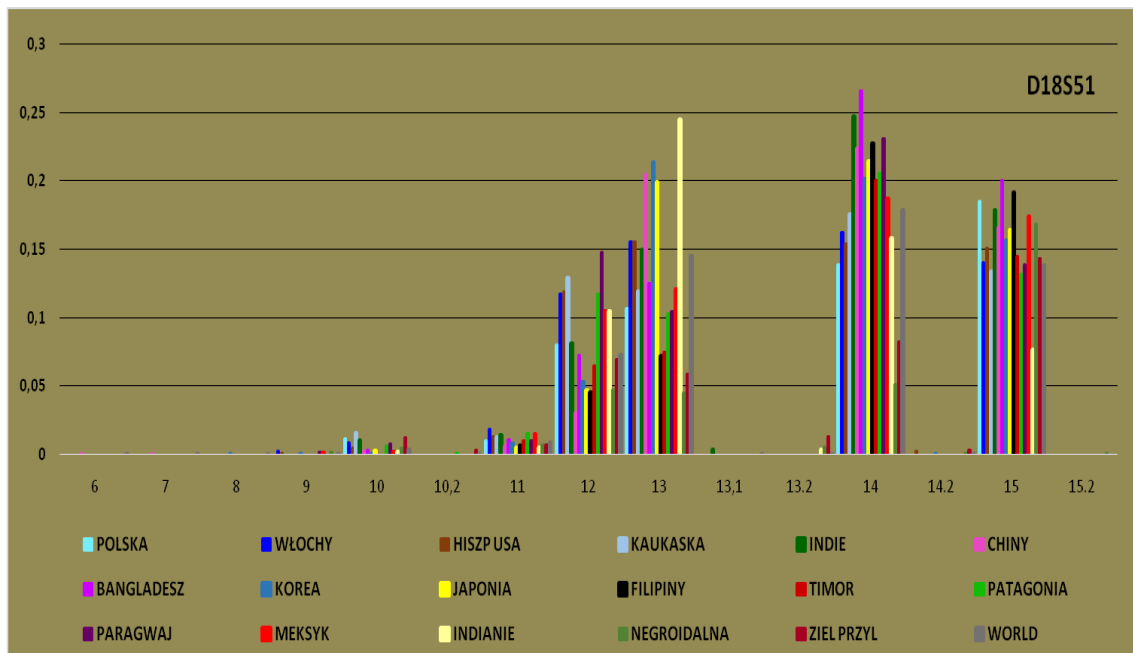
Tabela 7. Częstości alleli układu D16S539 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



Rycina 10. Proporcje rozkładu alleli układu D16S539 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIE	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
D18S51	ALLELE FREQUENCIES																	
6	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
7	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
8	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
9	0,0000	0,0020	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0009	0,0000	0,0018	0,0000	0,0004
10	0,0117	0,0080	0,0042	0,0100	0,0018	0,0030	0,0005	0,0020	0,0000	0,0000	0,0149	0,0058	0,0073	0,0017	0,0014	0,0046	0,0120	0,0034
10,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000
11	0,0100	0,0180	0,0127	0,0140	0,0055	0,0110	0,0085	0,0047	0,0060	0,0100	0,0124	0,0149	0,0101	0,0148	0,0044	0,0065	0,0070	0,0086
12	0,0800	0,1170	0,1186	0,0810	0,0303	0,0720	0,0530	0,0466	0,0449	0,0650	0,1287	0,1169	0,1474	0,1043	0,1044	0,0470	0,0690	0,0723
13	0,1067	0,1550	0,1557	0,1500	0,2045	0,1250	0,2140	0,1992	0,0719	0,0750	0,1188	0,1026	0,1044	0,1209	0,2447	0,0452	0,0590	0,1454
13,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
13,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0029	0,0055	0,0130	0,0001
14	0,1383	0,1620	0,1536	0,2470	0,2239	0,2660	0,2020	0,2142	0,2275	0,2000	0,1757	0,2058	0,2308	0,1870	0,1582	0,0507	0,0820	0,1783
14,2	0,0000	0,0000	0,0021	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0030	0,0002
15	0,1850	0,1400	0,1504	0,1790	0,1658	0,2000	0,1565	0,1642	0,1916	0,1450	0,1337	0,1318	0,1383	0,1739	0,0761	0,1679	0,1430	0,1378
15,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
16	0,1667	0,1390	0,1355	0,1340	0,1282	0,1490	0,1265	0,1329	0,1287	0,0950	0,1040	0,1240	0,0998	0,1009	0,2268	0,1827	0,1600	0,1157
17	0,1267	0,1250	0,1271	0,0710	0,0652	0,0800	0,0675	0,0786	0,1198	0,1700	0,1535	0,1247	0,1190	0,1600	0,1149	0,1762	0,1970	0,0927
17,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
17,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
18	0,0917	0,0530	0,0519	0,0410	0,0406	0,0240	0,0555	0,0466	0,0599	0,0650	0,0916	0,0721	0,0531	0,0739	0,0328	0,1227	0,1280	0,0488
19	0,0433	0,0430	0,0349	0,0340	0,0473	0,0270	0,0450	0,0366	0,0868	0,0950	0,0347	0,0403	0,0458	0,0400	0,0149	0,0867	0,0510	0,0362
20	0,0250	0,0210	0,0190	0,0210	0,0318	0,0270	0,0300	0,0230	0,0240	0,0350	0,0248	0,0195	0,0238	0,0183	0,0089	0,0600	0,0440	0,0210
21	0,0067	0,0100	0,0180	0,0080	0,0255	0,0050	0,0180	0,0170	0,0120	0,0250	0,0050	0,0156	0,0092	0,0000	0,0074	0,0212	0,0200	0,0125
21,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000
22	0,0083	0,0070	0,0063	0,0010	0,0161	0,0050	0,0145	0,0147	0,0180	0,0200	0,0025	0,0162	0,0064	0,0000	0,0014	0,0138	0,0070	0,0088
23	0,0000	0,0000	0,0052	0,0040	0,0045	0,0080	0,0025	0,0110	0,0060	0,0000	0,0000	0,0032	0,0018	0,0000	0,0000	0,0028	0,0020	0,0035
24	0,0000	0,0000	0,0010	0,0010	0,0048	0,0000	0,0025	0,0043	0,0030	0,0000	0,0000	0,0039	0,0009	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0020
25	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0018	0,0000	0,0005	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0013	0,0000	0,0026	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010
26	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0015	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005
27	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0007	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003

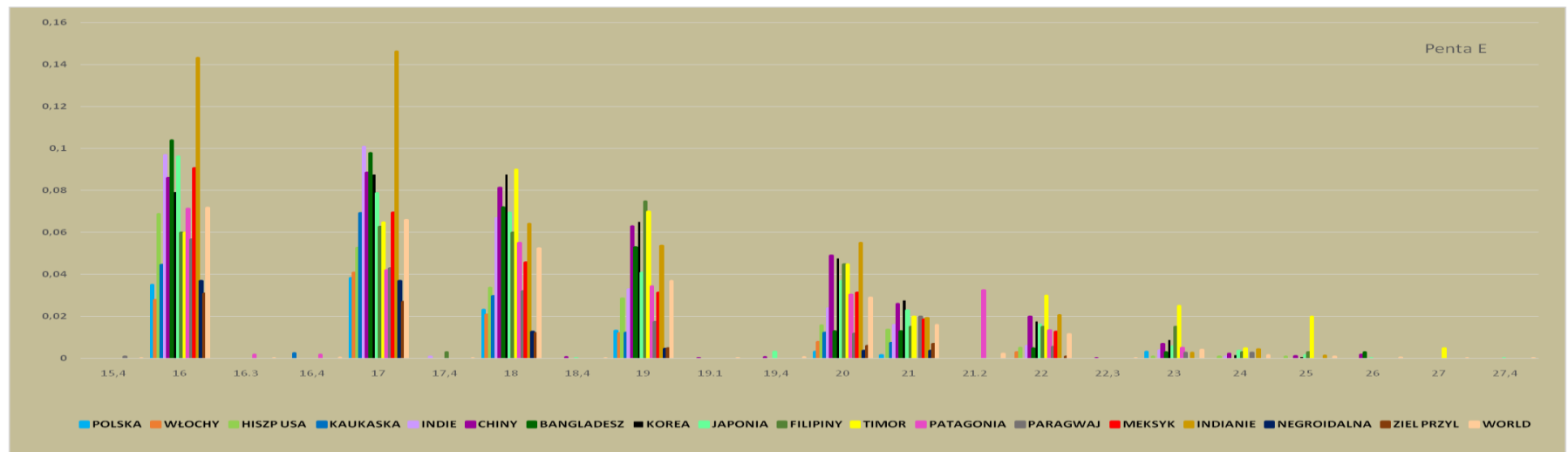
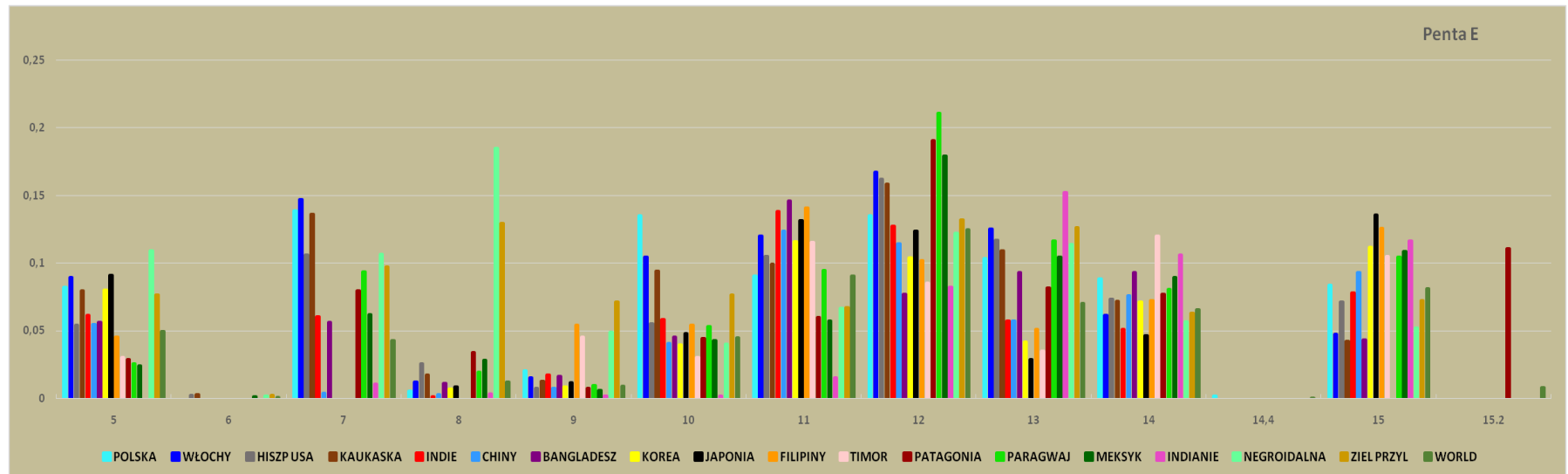
Tabela 8. Częstości alleli układu D18S51 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



Rycina 11,12. Proporcje rozkładu alleli układu D18S51 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata.

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KALKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDJANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
Penta E	ALLELE FREQUENCIES																	
5	0,0817	0,0890	0,0540	0,0610	0,0545	0,0560	0,0800	0,0909	0,0449	0,0300	0,0792	0,0286	0,0256	0,0237	0,0000	0,1091	0,0760	0,0491
6	0,0000	0,0000	0,0021	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0000	0,0000	0,0008	0,0000	0,0018	0,0020	0,0003
7	0,1383	0,1470	0,1059	0,0600	0,0036	0,0560	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,1361	0,0792	0,0934	0,0619	0,0104	0,1063	0,0970	0,0425
8	0,0050	0,0120	0,0254	0,0010	0,0024	0,0110	0,0070	0,0083	0,0000	0,0000	0,0173	0,0338	0,0192	0,0280	0,0029	0,1848	0,1290	0,0119
9	0,0200	0,0150	0,0074	0,0170	0,0073	0,0160	0,0085	0,0113	0,0539	0,0450	0,0124	0,0071	0,0092	0,0059	0,0014	0,0490	0,0710	0,0091
10	0,1350	0,1040	0,0550	0,0580	0,0406	0,0450	0,0395	0,0476	0,0539	0,0300	0,0941	0,0442	0,0531	0,0424	0,0014	0,0397	0,0760	0,0445
11	0,0900	0,1200	0,1048	0,1380	0,1236	0,1460	0,1155	0,1312	0,1407	0,1150	0,0990	0,0597	0,0943	0,0568	0,0149	0,0665	0,0670	0,0903
12	0,1350	0,1670	0,1620	0,1270	0,1139	0,0770	0,1035	0,1233	0,1018	0,0850	0,1584	0,1903	0,2106	0,1788	0,0820	0,1220	0,1320	0,1247
13	0,1033	0,1250	0,1165	0,0570	0,0573	0,0930	0,0415	0,0283	0,0509	0,0350	0,1089	0,0812	0,1163	0,1042	0,1522	0,1137	0,1260	0,0699
14	0,0883	0,0610	0,0730	0,0510	0,0755	0,0930	0,0710	0,0460	0,0719	0,1200	0,0718	0,0766	0,0806	0,0890	0,1059	0,0564	0,0630	0,0653
14,4	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
15	0,0833	0,0470	0,0709	0,0780	0,0927	0,0430	0,1115	0,1356	0,1257	0,1050	0,0421	0,0000	0,1044	0,1085	0,1164	0,0518	0,0720	0,0810
15,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,1104	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0076
15,4	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
16	0,0350	0,0280	0,0688	0,0970	0,0861	0,1040	0,0790	0,0963	0,0599	0,0600	0,0446	0,0714	0,0568	0,0907	0,1432	0,0370	0,0310	0,0717
16,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0019	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
16,4	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0019	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
17	0,0383	0,0410	0,0529	0,1010	0,0885	0,0980	0,0875	0,0789	0,0629	0,0650	0,0693	0,0422	0,0430	0,0695	0,1462	0,0370	0,0270	0,0658
17,4	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
18	0,0233	0,0210	0,0338	0,0670	0,0815	0,0720	0,0875	0,0696	0,0599	0,0900	0,0297	0,0552	0,0321	0,0458	0,0641	0,0129	0,0120	0,0525
18,4	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
19	0,0133	0,0120	0,0286	0,0330	0,0630	0,0530	0,0650	0,0410	0,0749	0,0700	0,0124	0,0344	0,0174	0,0314	0,0537	0,0046	0,0050	0,0368
19,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
19,4	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0033	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005
20	0,0033	0,0080	0,0158	0,0240	0,0491	0,0130	0,0475	0,0370	0,0449	0,0450	0,0124	0,0305	0,0119	0,0314	0,0552	0,0037	0,0060	0,0290
21	0,0017	0,0000	0,0137	0,0160	0,0261	0,0130	0,0275	0,0230	0,0150	0,0200	0,0074	0,0000	0,0201	0,0186	0,0194	0,0037	0,0070	0,0159
21,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0325	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0022
22	0,0000	0,0030	0,0052	0,0060	0,0200	0,0050	0,0175	0,0163	0,0150	0,0300	0,0000	0,0136	0,0055	0,0127	0,0208	0,0000	0,0010	0,0114
22,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
23	0,0033	0,0000	0,0010	0,0040	0,0070	0,0030	0,0085	0,0057	0,0150	0,0250	0,0000	0,0052	0,0027	0,0000	0,0029	0,0000	0,0000	0,0040
24	0,0000	0,0000	0,0010	0,0010	0,0024	0,0000	0,0015	0,0037	0,0030	0,0050	0,0000	0,0000	0,0027	0,0000	0,0044	0,0000	0,0000	0,0016
25	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0012	0,0000	0,0005	0,0017	0,0030	0,0200	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0014	0,0000	0,0000	0,0008
26	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0030	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0004
27	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
27,4	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000

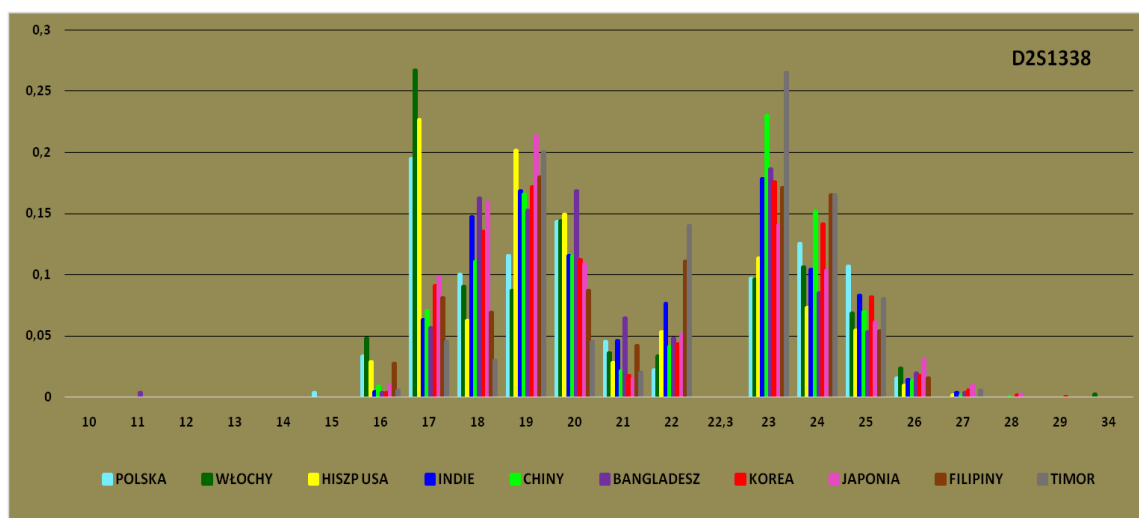
Tabela 9. Częstości alleli układu Penta E w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



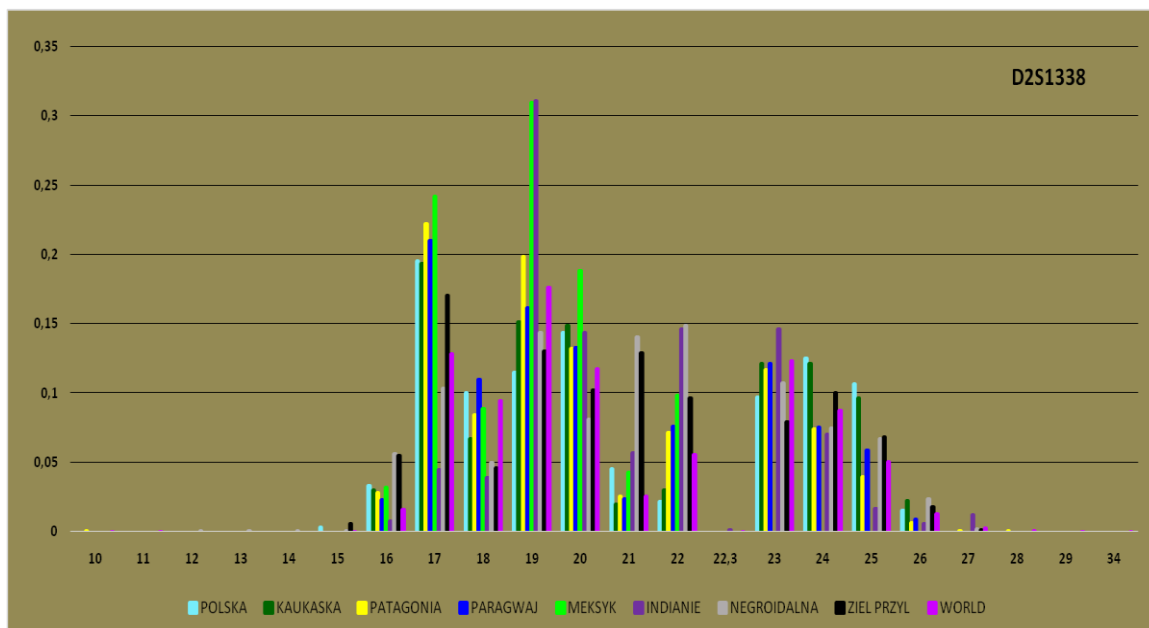
Rycina 13,14. Proporcje rozkładu alleli układu Penta E w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISPANIA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
D2S1338	ALLELE FREQUENCIES																	
10	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
11	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
12	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
13	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
14	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
15	0,0033	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0060	0,0001
16	0,0333	0,0480	0,0286	0,0040	0,0088	0,0030	0,0035	0,0093	0,0269	0,0050	0,0297	0,0279	0,0229	0,0321	0,0074	0,0562	0,0550	0,0159
17	0,1950	0,2670	0,2266	0,0630	0,0703	0,0560	0,0910	0,0979	0,0808	0,0450	0,1931	0,2221	0,2097	0,2416	0,0447	0,1031	0,1700	0,1283
18	0,1000	0,0900	0,0625	0,1470	0,1109	0,1620	0,1355	0,1589	0,0689	0,0300	0,0668	0,0844	0,1099	0,0887	0,0388	0,0497	0,0460	0,0942
19	0,1150	0,0870	0,2012	0,1680	0,1655	0,1520	0,1720	0,2135	0,1796	0,2000	0,1510	0,1981	0,1612	0,3089	0,3104	0,1436	0,1300	0,1761
20	0,1433	0,1440	0,1493	0,1150	0,1152	0,1680	0,1125	0,1083	0,0868	0,0450	0,1485	0,1318	0,1328	0,1881	0,1432	0,0810	0,1020	0,1174
21	0,0450	0,0360	0,0275	0,0460	0,0215	0,0640	0,0180	0,0150	0,0419	0,0200	0,0198	0,0253	0,0238	0,0428	0,0567	0,1400	0,1290	0,0253
22	0,0217	0,0330	0,0529	0,0760	0,0412	0,0480	0,0435	0,0510	0,1108	0,1400	0,0297	0,0714	0,0760	0,0979	0,1462	0,1483	0,0960	0,0556
22,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0014	0,0000	0,0000	0,0001
23	0,0967	0,0960	0,1133	0,1780	0,2297	0,1860	0,1755	0,1402	0,1707	0,2650	0,1213	0,1169	0,1209	0,0000	0,1462	0,1068	0,0790	0,1233
24	0,1250	0,1060	0,0730	0,1040	0,1518	0,0850	0,1410	0,1036	0,1647	0,1650	0,1213	0,0740	0,0751	0,0000	0,0701	0,0746	0,1000	0,0872
25	0,1067	0,0680	0,0540	0,0830	0,0700	0,0530	0,0820	0,0606	0,0539	0,0800	0,0965	0,0396	0,0586	0,0000	0,0164	0,0672	0,0680	0,0506
26	0,0150	0,0230	0,0095	0,0140	0,0133	0,0190	0,0180	0,0303	0,0150	0,0000	0,0223	0,0065	0,0092	0,0000	0,0059	0,0239	0,0180	0,0125
27	0,0000	0,0000	0,0010	0,0030	0,0015	0,0030	0,0055	0,0093	0,0000	0,0050	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0119	0,0018	0,0010	0,0028
28	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0015	0,0020	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005
29	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
34	0,0000	0,0020	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001

Tabela 10. Częstości alleli układu D2S1338 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata.



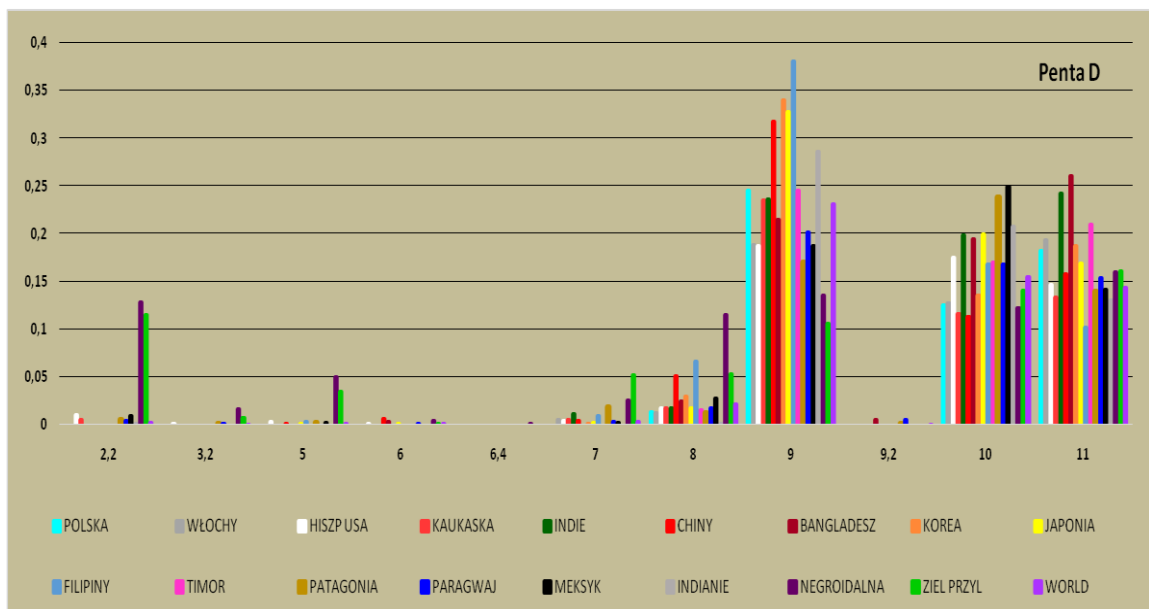
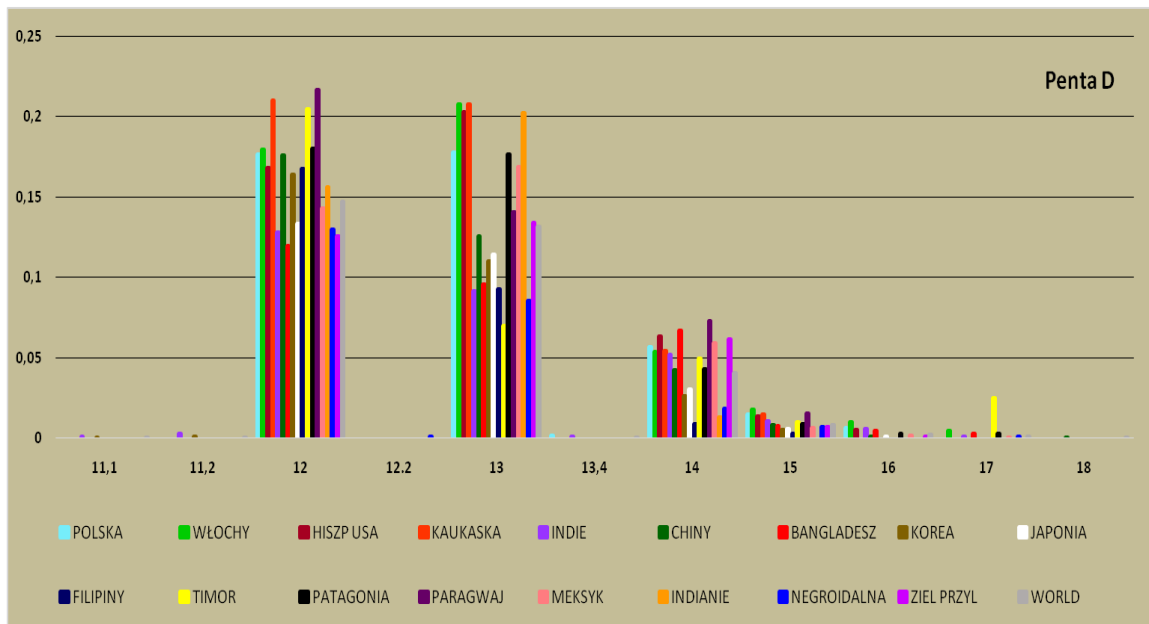
Rycina 15. proporcje rozkładu alleli układu D2S1338 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata



Rycina 16 proporcje rozkładu alleli układu D2S1338 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIE	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	ZIEL PRZYŁ	W-PY ZIEŁONEGO PRZYŁADKA	WORLD
PentaD	ALLELE FREQUENCIES																		
2,2	0,0000	0,0000	0,0105	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0045	0,0037	0,0092	0,0014	0,1282	0,1150	0,0026	
3,2	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0009	0,0000	0,0000	0,0157	0,0070	0,0002	
5	0,0000	0,0000	0,0031	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0003	0,0030	0,0000	0,0000	0,0019	0,0000	0,0025	0,0000	0,0498	0,0350	0,0008	
6	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0052	0,0030	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0037	0,0010	0,0010	
6,4	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	
7	0,0000	0,0050	0,0042	0,0110	0,0036	0,0000	0,0010	0,0017	0,0090	0,0000	0,0050	0,0175	0,0027	0,0025	0,0000	0,0258	0,0520	0,0036	
8	0,0133	0,0120	0,0169	0,0170	0,0503	0,0240	0,0300	0,0163	0,0659	0,0150	0,0173	0,0123	0,0174	0,0276	0,0014	0,1153	0,0530	0,0218	
9	0,2450	0,1880	0,1874	0,2360	0,3170	0,2150	0,3400	0,3281	0,3802	0,2450	0,2351	0,1695	0,2015	0,1873	0,2865	0,1356	0,1060	0,2313	
9,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0046	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0004	
10	0,1250	0,1270	0,1747	0,1980	0,1124	0,1940	0,1350	0,1992	0,1677	0,1700	0,1163	0,2377	0,1676	0,2492	0,2074	0,1218	0,1400	0,1548	
11	0,1817	0,1930	0,1461	0,2420	0,1576	0,2610	0,1870	0,1682	0,1018	0,2100	0,1337	0,1396	0,1538	0,1413	0,1298	0,1596	0,1610	0,1439	
11,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001	
11,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002	
12	0,1767	0,1800	0,1684	0,1280	0,1764	0,1200	0,1640	0,1339	0,1677	0,2050	0,2104	0,1805	0,2170	0,1430	0,1567	0,1301	0,1260	0,1471	
12,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	
13	0,1783	0,2080	0,2033	0,0920	0,1258	0,0960	0,1100	0,1146	0,0928	0,0700	0,2079	0,1766	0,1410	0,1689	0,2029	0,0858	0,1340	0,1317	
13,4	0,0017	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001	
14	0,0567	0,0540	0,0635	0,0520	0,0421	0,0670	0,0265	0,0303	0,0090	0,0500	0,0545	0,0429	0,0733	0,0594	0,0134	0,0185	0,0620	0,0401	
15	0,0150	0,0180	0,0137	0,0110	0,0082	0,0080	0,0050	0,0060	0,0030	0,0100	0,0149	0,0091	0,0156	0,0067	0,0000	0,0074	0,0070	0,0079	
16	0,0067	0,0100	0,0052	0,0060	0,0009	0,0050	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0032	0,0000	0,0017	0,0000	0,0000	0,0010	0,0018	
17	0,0000	0,0050	0,0000	0,0010	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0250	0,0000	0,0032	0,0000	0,0008	0,0000	0,0009	0,0000	0,0007	
18	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	

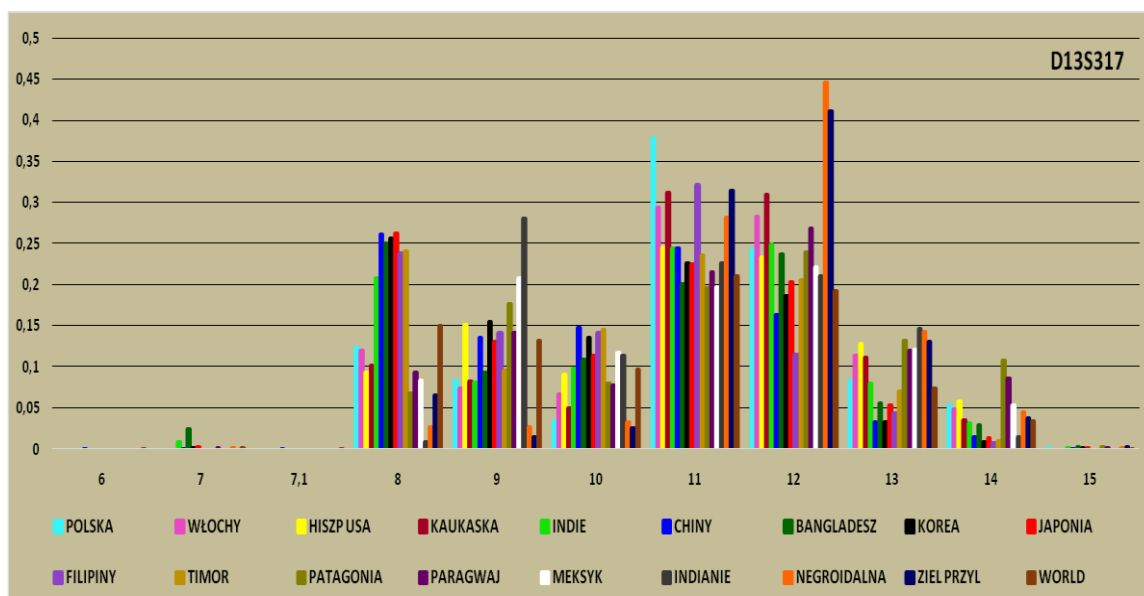
Tabela 11. Częstości alleli układu Penta D w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata.



Rycina 17,18. Proporcje rozkładu alleli układu Penta D w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata.

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
D13S317	ALLELE FREQUENCIES																	
6	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
7	0,0000	0,0000	0,0000	0,0080	0,0009	0,0240	0,0010	0,0020	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0012
7,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
8	0,1233	0,1200	0,0932	0,2080	0,2609	0,2500	0,2565	0,2618	0,2365	0,2400	0,1015	0,0682	0,0925	0,0828	0,0089	0,0258	0,0650	0,1501
9	0,0833	0,0740	0,1514	0,0810	0,1352	0,0930	0,1540	0,1306	0,1407	0,0950	0,0817	0,1766	0,1410	0,2074	0,2805	0,0267	0,0150	0,1318
10	0,0333	0,0670	0,0911	0,0980	0,1470	0,1090	0,1350	0,1126	0,1407	0,1450	0,0495	0,0792	0,0769	0,1171	0,1134	0,0322	0,0250	0,0961
11	0,3783	0,2940	0,2447	0,2440	0,2439	0,2000	0,2260	0,2249	0,3204	0,2350	0,3119	0,1955	0,2152	0,1973	0,2253	0,2808	0,3140	0,2103
12	0,2433	0,2830	0,2330	0,2490	0,1636	0,2370	0,1860	0,2025	0,1138	0,2050	0,3094	0,2390	0,2683	0,2216	0,2104	0,4457	0,4110	0,1922
13	0,0833	0,1140	0,1281	0,0790	0,0333	0,0560	0,0325	0,0526	0,0419	0,0700	0,1114	0,1312	0,1190	0,1204	0,1462	0,1427	0,1300	0,0742
14	0,0533	0,0480	0,0582	0,0310	0,0142	0,0290	0,0080	0,0123	0,0060	0,0100	0,0347	0,1078	0,0852	0,0535	0,0149	0,0442	0,0370	0,0334
15	0,0017	0,0000	0,0000	0,0010	0,0003	0,0030	0,0010	0,0007	0,0000	0,0000	0,0000	0,0026	0,0009	0,0000	0,0000	0,0009	0,0030	0,0006

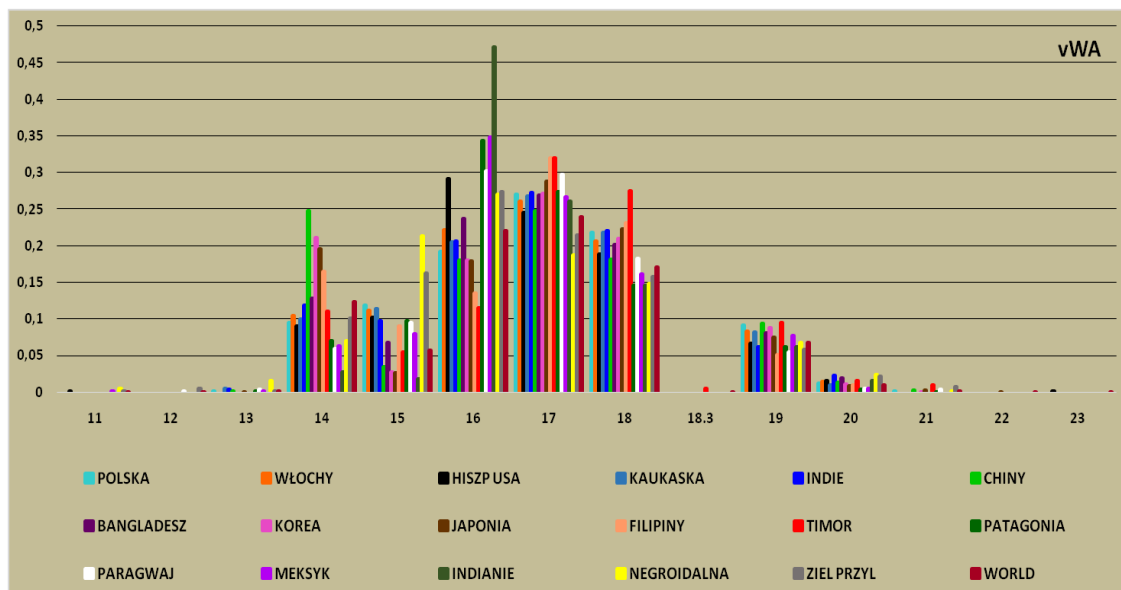
Tabela 12. Częstości alleli układu D13S317 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



Rycina 19. Proporcje rozkładu alleli układu D13S317 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIE	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD	
vWA	ALLELE FREQUENCIES																		
11	0,0000	0,0000	0,0011	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0008	0,0000	0,0046	0,0010	0,0002	
12	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0000	0,0040	0,0001	
13	0,0017	0,0000	0,0000	0,0030	0,0015	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0050	0,0019	0,0027	0,0008	0,0000	0,0157	0,0010	0,0010	
14	0,0950	0,1040	0,0900	0,1190	0,2482	0,1280	0,2110	0,1952	0,1647	0,1100	0,0990	0,0701	0,0595	0,0627	0,0268	0,0700	0,1010	0,1235	
15	0,1183	0,1110	0,1016	0,0970	0,0339	0,0670	0,0275	0,0260	0,0898	0,0550	0,1139	0,0974	0,0943	0,0794	0,0179	0,2127	0,1620	0,0568	
16	0,1917	0,2210	0,2913	0,2060	0,1797	0,2370	0,1805	0,1792	0,1347	0,1150	0,2054	0,3435	0,3022	0,3487	0,4716	0,2698	0,2740	0,2204	
17	0,2700	0,2610	0,2447	0,2720	0,2473	0,2690	0,2715	0,2885	0,3204	0,3200	0,2673	0,2734	0,2967	0,2667	0,2611	0,1869	0,2140	0,2395	
18	0,2183	0,2060	0,1885	0,2200	0,1812	0,2020	0,2100	0,2235	0,2305	0,2750	0,2178	0,1461	0,1822	0,1605	0,1462	0,1483	0,1570	0,1704	
18.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	
19	0,0917	0,0830	0,0667	0,0620	0,0936	0,0800	0,0875	0,0750	0,0509	0,0950	0,0817	0,0623	0,0540	0,0761	0,0611	0,0672	0,0580	0,0677	
20	0,0117	0,0140	0,0148	0,0220	0,0127	0,0190	0,0115	0,0090	0,0090	0,0150	0,0099	0,0045	0,0046	0,0042	0,0149	0,0239	0,0210	0,0094	
21	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0000	0,0005	0,0030	0,0000	0,0100	0,0000	0,0006	0,0027	0,0000	0,0000	0,0009	0,0070	0,0011	
22	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	
23	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001	

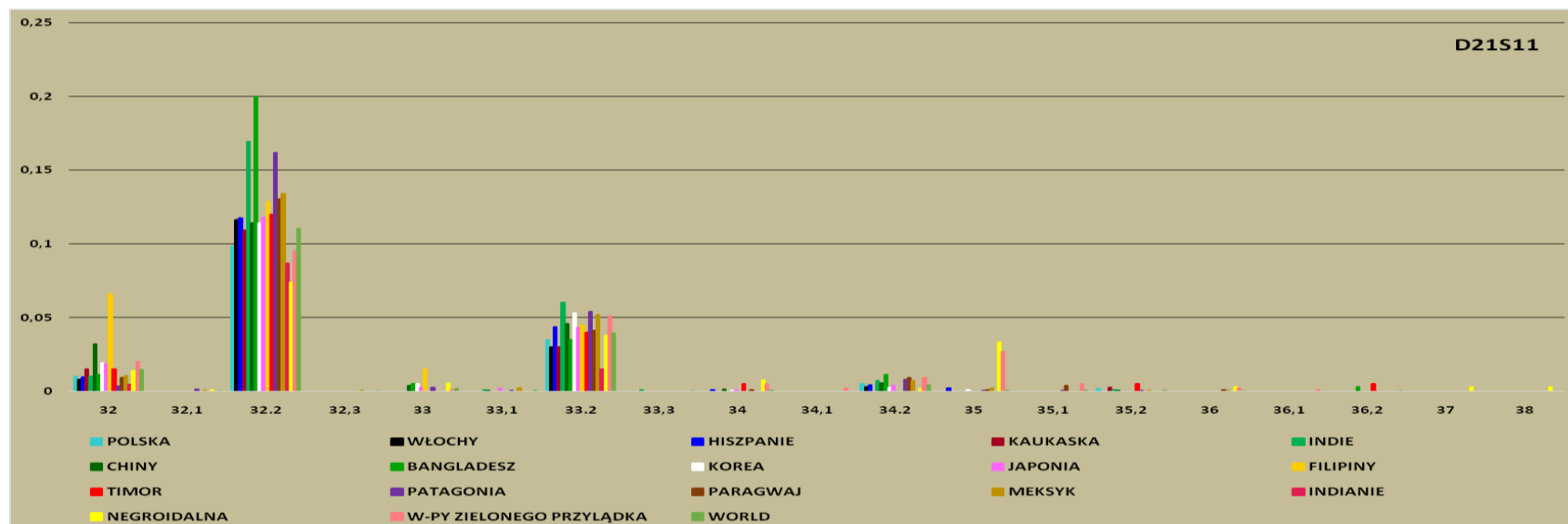
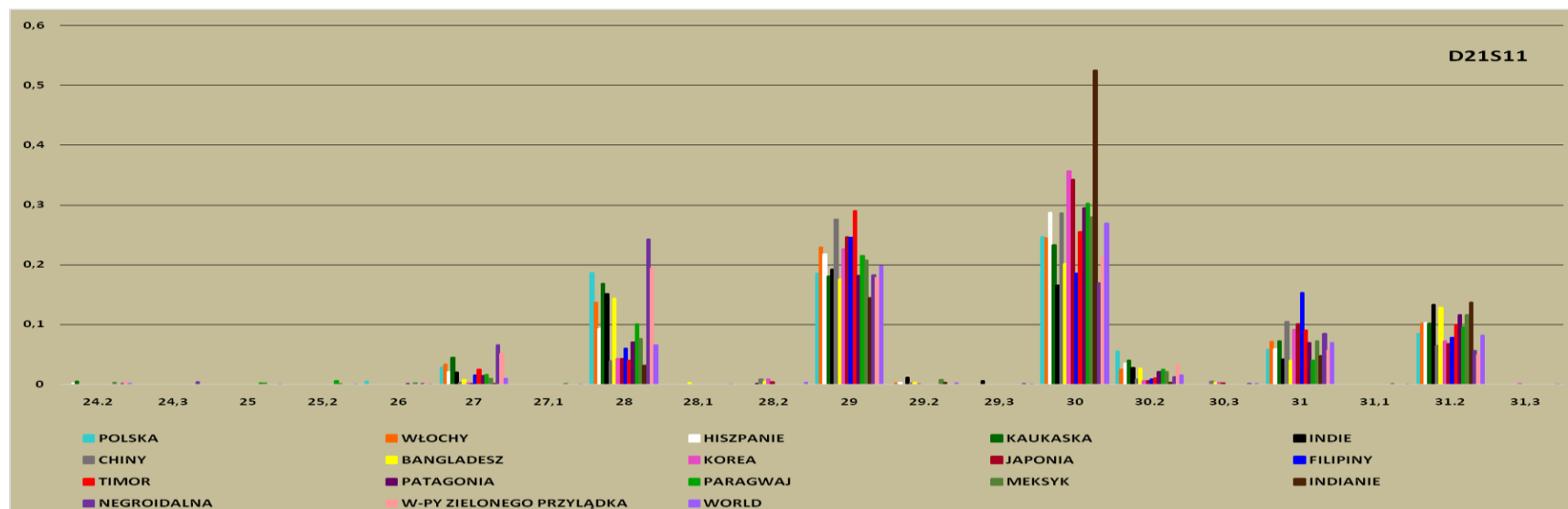
Tabela 13. Częstości alleli układu vWA w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata.



Rycina 20. Proporcje rozkładu alleli układu vWA w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata.

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIE	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
D21S11	ALLELE FREQUENCIES																	
24.2	0,0000	0,0000	0,0021	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0020	0,0000	0,0009	0,0040	0,0006
24.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0037	0,0000	0,0000
25	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
25.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0055	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0004
26	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0007	0,0000	0,0010	0,0000	0,0009	0,0010	0,0003
27	0,0283	0,0330	0,0211	0,0200	0,0024	0,0080	0,0010	0,0010	0,0150	0,0250	0,0446	0,0143	0,0165	0,0090	0,0014	0,0654	0,0510	0,0098
27.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
28	0,1867	0,1370	0,0932	0,1510	0,0394	0,1440	0,0420	0,0426	0,0599	0,0400	0,1683	0,0701	0,1007	0,0753	0,0313	0,2422	0,1940	0,0661
28.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
28.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0088	0,0050	0,0085	0,0040	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0027
29	0,1850	0,2290	0,2182	0,1920	0,2761	0,1760	0,2260	0,2465	0,2455	0,2900	0,1807	0,1812	0,2152	0,2068	0,1447	0,1823	0,1790	0,1977
29.2	0,0000	0,0020	0,0031	0,0110	0,0021	0,0030	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0070	0,0029	0,0000	0,0000	0,0019
29.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0060	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0002
30	0,2467	0,2440	0,2870	0,1650	0,2858	0,2020	0,3560	0,3421	0,1856	0,2550	0,2327	0,2942	0,3022	0,2791	0,5253	0,1694	0,2140	0,2688
30.2	0,0550	0,0250	0,0349	0,0280	0,0085	0,0270	0,0055	0,0053	0,0090	0,0100	0,0396	0,0208	0,0247	0,0201	0,0029	0,0120	0,0330	0,0156
30.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0045	0,0030	0,0025	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0012
31	0,0583	0,0710	0,0593	0,0420	0,1045	0,0400	0,0910	0,1009	0,1527	0,0900	0,0718	0,0695	0,0403	0,0723	0,0477	0,0847	0,0570	0,0697
31.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
31.2	0,0850	0,1020	0,1027	0,1330	0,0645	0,1280	0,0715	0,0673	0,0778	0,1000	0,1015	0,1162	0,0962	0,1155	0,1373	0,0562	0,0490	0,0820
31.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
32	0,0100	0,0080	0,0095	0,0100	0,0321	0,0110	0,0190	0,0187	0,0659	0,0150	0,0149	0,0032	0,0092	0,0105	0,0044	0,0138	0,0200	0,0144
32.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0013	0,0000	0,0005	0,0000	0,0009	0,0000	0,0001
32.2	0,0983	0,1160	0,1175	0,1690	0,1139	0,2000	0,1140	0,1179	0,1287	0,1200	0,1089	0,1617	0,1300	0,1340	0,0865	0,0737	0,0950	0,1102
32.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
33	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0039	0,0050	0,0050	0,0023	0,0150	0,0000	0,0000	0,0026	0,0000	0,0000	0,0000	0,0055	0,0010	0,0018
33.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0006	0,0000	0,0000	0,0020	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0020	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006
33.2	0,0350	0,0300	0,0434	0,0600	0,0458	0,0350	0,0530	0,0430	0,0449	0,0400	0,0297	0,0539	0,0412	0,0517	0,0149	0,0378	0,0510	0,0392
33.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
34	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0012	0,0000	0,0005	0,0010	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0074	0,0050	0,0005
34.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0020	0,0000
34.2	0,0050	0,0030	0,0042	0,0070	0,0052	0,0110	0,0025	0,0037	0,0000	0,0000	0,0000	0,0078	0,0092	0,0070	0,0000	0,0018	0,0090	0,0042
35	0,0000	0,0000	0,0021	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0009	0,0020	0,0000	0,0331	0,0270	0,0006
35.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0037	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0003
35.2	0,0017	0,0000	0,0000	0,0010	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0025	0,0006	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0004
36	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0005	0,0000	0,0028	0,0020	0,0001
36.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000
36.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
37	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0028	0,0000	0,0000
38	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0028	0,0000	0,0000

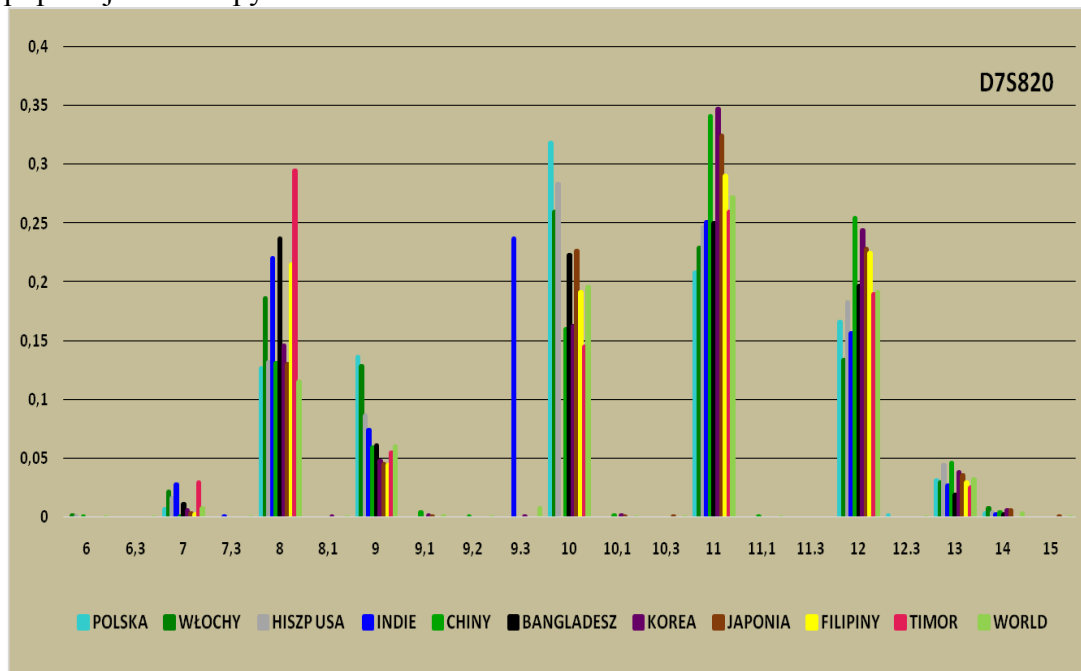
Tabela 15. Częstości alleli układu D21S11 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



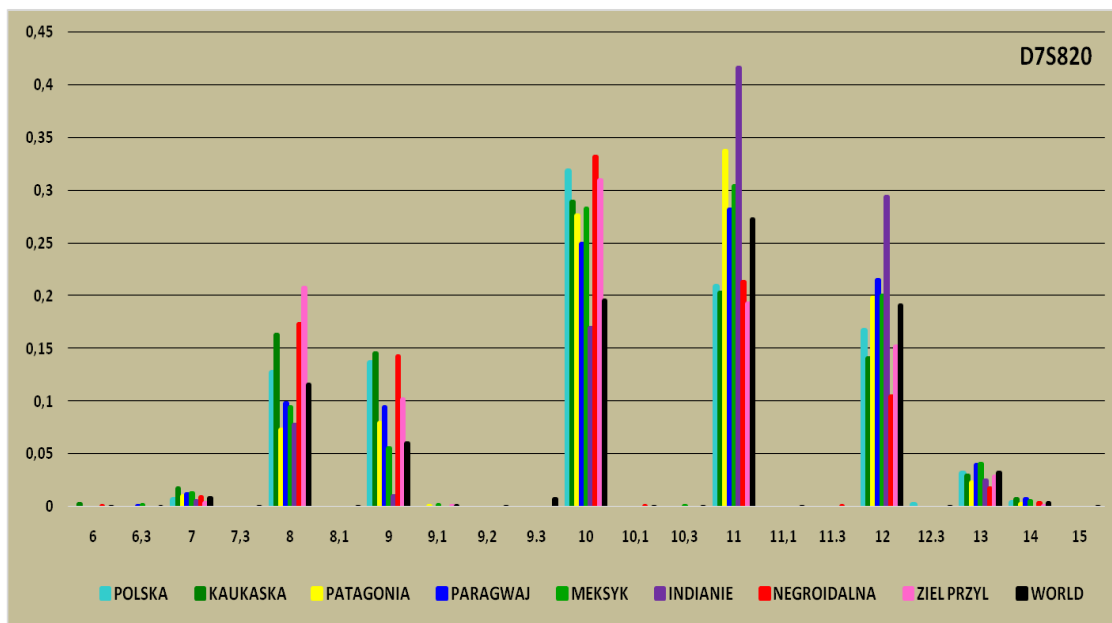
Rycina 21,22. Proporcje rozkładu alleli układu D21S11 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
D7S820	ALLELE FREQUENCIES																	
6	0,0000	0,0020	0,0010	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0003
6,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
7	0,0067	0,0220	0,0169	0,0280	0,0006	0,0110	0,0055	0,0027	0,0030	0,0300	0,0173	0,0097	0,0119	0,0125	0,0059	0,0092	0,0040	0,0080
7,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
8	0,1267	0,1860	0,1324	0,2210	0,1306	0,2370	0,1455	0,1302	0,2156	0,2950	0,1634	0,0727	0,0980	0,0945	0,0776	0,1731	0,2080	0,1158
8,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
9	0,1367	0,1290	0,0868	0,0740	0,0594	0,0610	0,0480	0,0450	0,0449	0,0550	0,1460	0,0792	0,0943	0,0552	0,0104	0,1427	0,1020	0,0604
9,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0039	0,0000	0,0010	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0017	0,0000	0,0000	0,0010	0,0009
9,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
9,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,2370	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0076
10	0,3183	0,2600	0,2838	0,0000	0,1594	0,2230	0,1630	0,2262	0,1916	0,1450	0,2896	0,2766	0,2500	0,2826	0,1701	0,3324	0,3100	0,1957
10,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0010	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0003
10,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0007	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0008	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
11	0,2083	0,2290	0,2468	0,2510	0,3409	0,2500	0,3475	0,3245	0,2904	0,2600	0,2030	0,3377	0,2821	0,3043	0,4164	0,2136	0,1930	0,2725
11,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
11,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
12	0,1667	0,1340	0,1832	0,1570	0,2542	0,1970	0,2440	0,2285	0,2246	0,1900	0,1411	0,1981	0,2152	0,2007	0,2940	0,1050	0,1520	0,1915
12,3	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
13	0,0317	0,0300	0,0444	0,0270	0,0455	0,0190	0,0380	0,0356	0,0299	0,0250	0,0297	0,0227	0,0403	0,0410	0,0253	0,0175	0,0290	0,0324
14	0,0033	0,0080	0,0042	0,0030	0,0036	0,0030	0,0055	0,0057	0,0000	0,0000	0,0074	0,0026	0,0073	0,0050	0,0000	0,0037	0,0010	0,0040
15	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000

Tabela 16 Częstości alleli układu D7S820 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



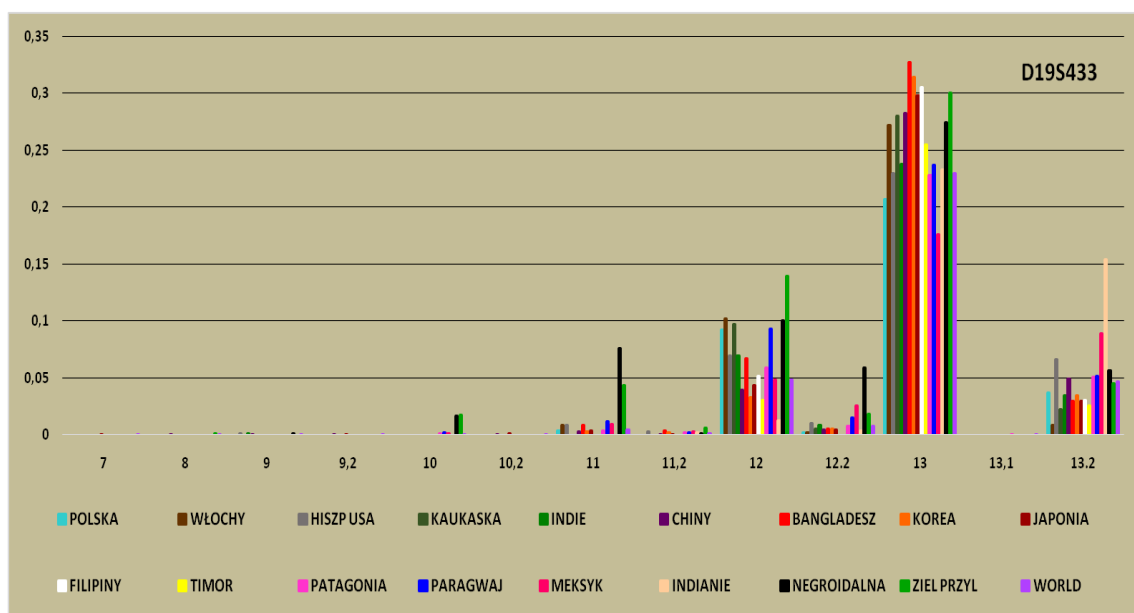
Rycina 23. Proporcje rozkładu alleli układu D7S820 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

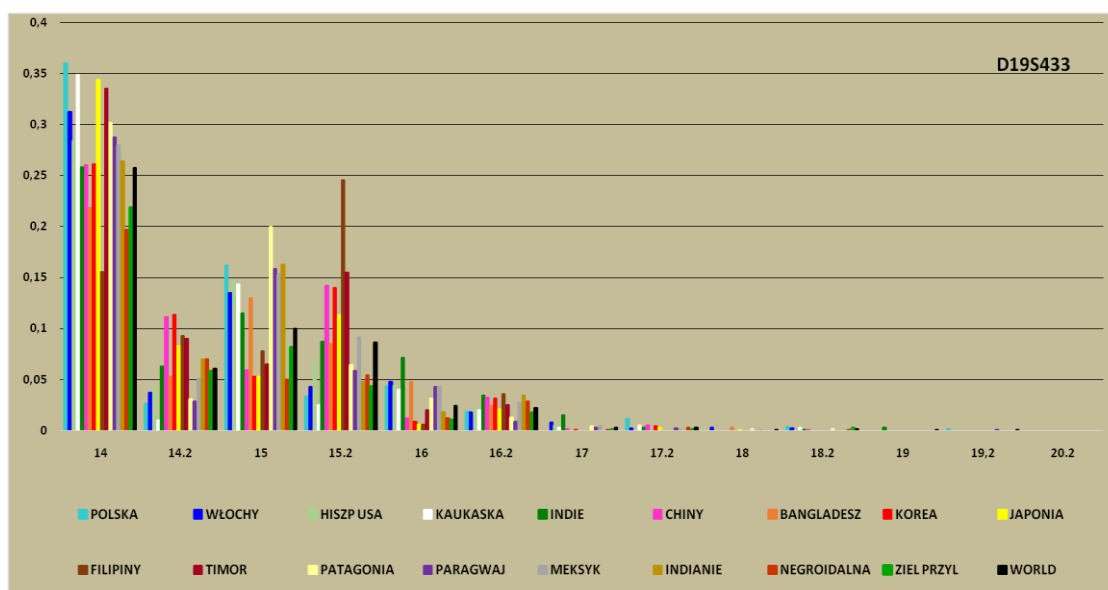


Rycina 24 Proporcje rozkładu alleli układu D7S820 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁADKA	WORLD
D19S433	ALLELE FREQUENCIES																	
7	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
8	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000
9	0,0000	0,0000	0,0010	0,0010	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0002
9,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
10	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0013	0,0018	0,0008	0,0000	0,0166	0,0170	0,0003
10,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
11	0,0033	0,0080	0,0084	0,0000	0,0030	0,0080	0,0025	0,0033	0,0000	0,0000	0,0000	0,0039	0,0110	0,0092	0,0000	0,0755	0,0430	0,0041
11,2	0,0000	0,0000	0,0021	0,0000	0,0003	0,0030	0,0020	0,0007	0,0000	0,0000	0,0000	0,0019	0,0018	0,0025	0,0014	0,0009	0,0060	0,0011
12	0,0917	0,1020	0,0688	0,0690	0,0394	0,0670	0,0325	0,0433	0,0509	0,0300	0,0965	0,0591	0,0925	0,0477	0,0119	0,1004	0,1390	0,0482
12,2	0,0017	0,0020	0,0095	0,0080	0,0042	0,0050	0,0045	0,0043	0,0000	0,0000	0,0050	0,0078	0,0147	0,0251	0,0029	0,0589	0,0180	0,0070
13	0,2067	0,2720	0,2298	0,2380	0,2821	0,3270	0,3140	0,2978	0,3054	0,2550	0,2797	0,2279	0,2372	0,1759	0,2328	0,2744	0,3000	0,2297
13,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
13,2	0,0367	0,0080	0,0656	0,0340	0,0488	0,0290	0,0340	0,0293	0,0299	0,0250	0,0223	0,0506	0,0513	0,0888	0,1537	0,0562	0,0450	0,0461
14	0,3600	0,3120	0,2838	0,2580	0,2603	0,2180	0,2610	0,3438	0,1557	0,3350	0,3490	0,3013	0,2875	0,2797	0,2641	0,1971	0,2180	0,2571
14,2	0,0267	0,0370	0,0423	0,0630	0,1109	0,0530	0,1130	0,0823	0,0928	0,0900	0,0099	0,0305	0,0284	0,0503	0,0701	0,0700	0,0580	0,0602
15	0,1617	0,1350	0,1461	0,1150	0,0591	0,1300	0,0525	0,0526	0,0778	0,0650	0,1436	0,1994	0,1584	0,1533	0,1626	0,0497	0,0810	0,0991
15,2	0,0333	0,0430	0,0688	0,0870	0,1415	0,0850	0,1395	0,1129	0,2455	0,1550	0,0248	0,0643	0,0586	0,0913	0,0477	0,0543	0,0430	0,0856
16	0,0433	0,0480	0,0444	0,0710	0,0115	0,0480	0,0085	0,0050	0,0060	0,0200	0,0396	0,0312	0,0430	0,0427	0,0179	0,0120	0,0100	0,0238
16,2	0,0183	0,0180	0,0211	0,0340	0,0318	0,0240	0,0315	0,0200	0,0359	0,0250	0,0198	0,0130	0,0082	0,0268	0,0343	0,0285	0,0170	0,0215
17	0,0000	0,0080	0,0052	0,0150	0,0009	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0045	0,0027	0,0042	0,0000	0,0009	0,0010	0,0023
17,2	0,0117	0,0020	0,0010	0,0030	0,0045	0,0000	0,0040	0,0027	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0018	0,0008	0,0000	0,0028	0,0010	0,0023
18	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0013	0,0000	0,0008	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003
18,2	0,0033	0,0020	0,0010	0,0010	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0013	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0020	0,0005
19	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
19,2	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
20,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000

Tabela 17. Częstości alleli układu D19S433 w populacji polskiej w porównaniu z innym populacjami Europy i świata

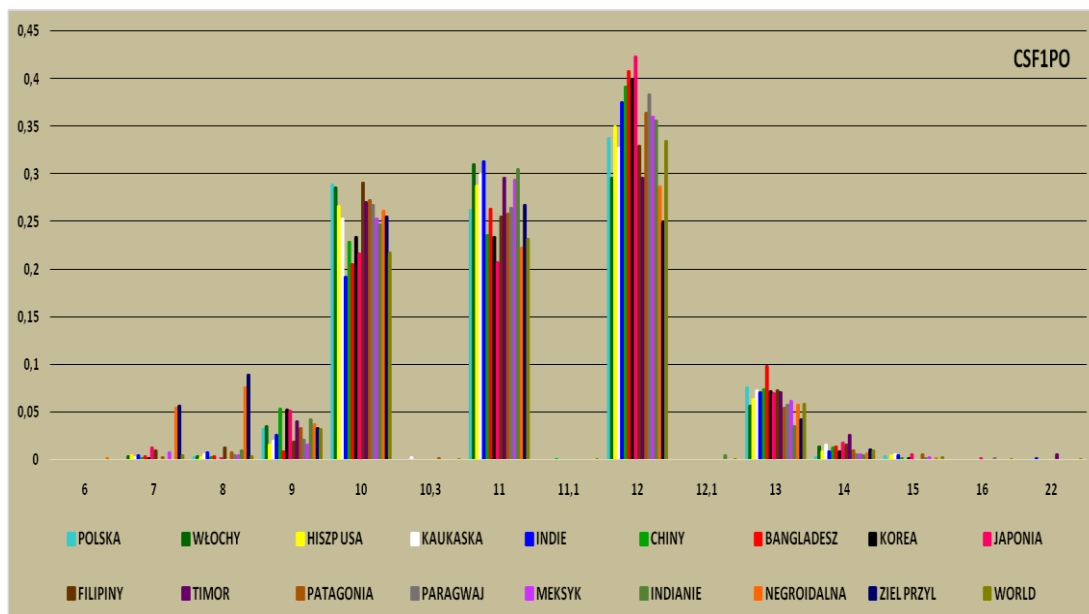




Rycina 25,26. Proporcje rozkładu alleli układu D19S433 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISPANIE	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁADKA	WORLD	
CSF1PO	ALLELE FREQUENCIES																		
6	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
7	0,0000	0,0030	0,0042	0,0040	0,0012	0,0030	0,0015	0,0123	0,0090	0,0000	0,0025	0,0013	0,0000	0,0075	0,0000	0,0543	0,0560	0,0036	
8	0,0017	0,0030	0,0021	0,0070	0,0024	0,0030	0,0000	0,0010	0,0120	0,0000	0,0050	0,0065	0,0037	0,0042	0,0089	0,0755	0,0890	0,0029	
9	0,0317	0,0350	0,0148	0,0250	0,0530	0,0080	0,0515	0,0503	0,0180	0,0400	0,0198	0,0325	0,0201	0,0151	0,0417	0,0368	0,0330	0,0313	
10	0,2883	0,2850	0,2658	0,1910	0,2282	0,2050	0,2335	0,2159	0,2904	0,2700	0,2525	0,2721	0,2665	0,2525	0,2462	0,2606	0,2550	0,2174	
10,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001	
11	0,2617	0,3100	0,2870	0,3130	0,2358	0,2630	0,2335	0,2065	0,2545	0,2950	0,2995	0,2571	0,2637	0,2935	0,3044	0,2219	0,2670	0,2306	
11,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	
12	0,3367	0,2950	0,3495	0,3750	0,3912	0,4070	0,3995	0,4221	0,3293	0,2950	0,3267	0,3636	0,3828	0,3595	0,3552	0,2864	0,2480	0,3340	
12,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0044	0,0000	0,0000	0,0002	
13	0,0750	0,0560	0,0635	0,0700	0,0739	0,0980	0,0710	0,0693	0,0719	0,0700	0,0718	0,0532	0,0568	0,0610	0,0343	0,0571	0,0420	0,0582	
14	0,0017	0,0130	0,0084	0,0080	0,0124	0,0130	0,0080	0,0173	0,0150	0,0250	0,0149	0,0084	0,0046	0,0050	0,0044	0,0055	0,0100	0,0090	
15	0,0033	0,0000	0,0042	0,0040	0,0015	0,0000	0,0015	0,0047	0,0000	0,0000	0,0050	0,0045	0,0009	0,0017	0,0000	0,0009	0,0000	0,0023	
16	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0007	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001	
22	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001	

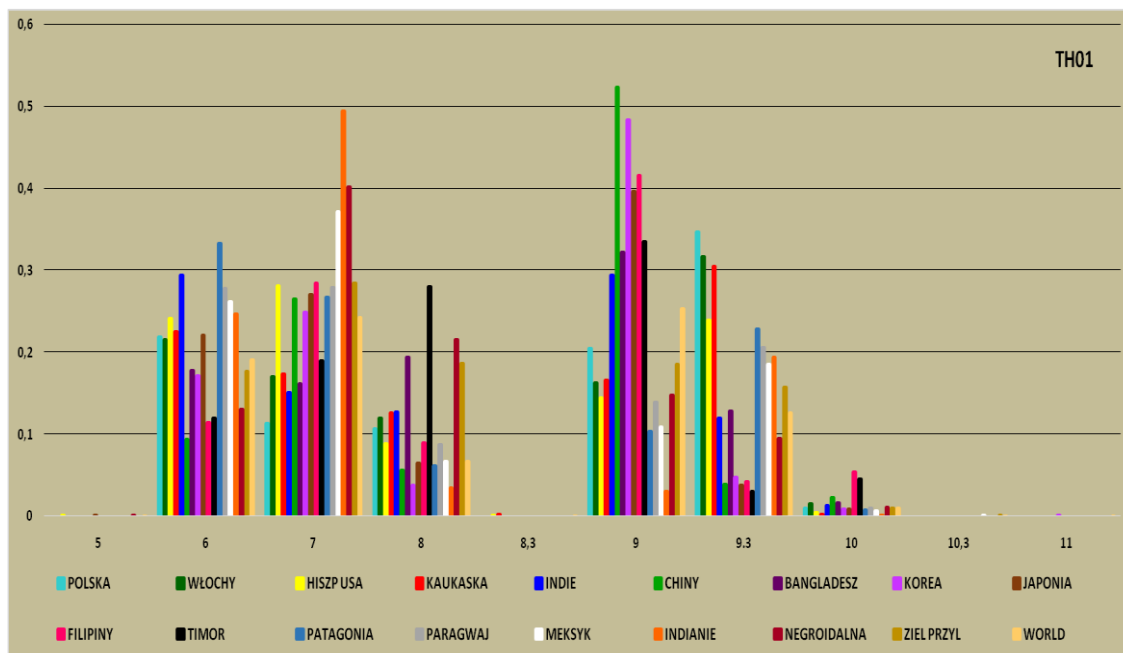
Tabela 18. Częstości alleli układu CSF1PO w populacji polskiej w zestawieniu z innymi populacjami Europy i świata.



Rycina 27 proporcje rozkładu alleli układu CSF1PO w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISPANIA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYLĄDKA	WORLD
TH01	ALLELE FREQUENCIES																	
5	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0013	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0003
6	0,2183	0,2150	0,2415	0,2940	0,0936	0,1780	0,1715	0,2209	0,1138	0,1200	0,2252	0,3331	0,2784	0,2613	0,2462	0,1298	0,1770	0,1904
7	0,1133	0,1700	0,2807	0,1510	0,2655	0,1620	0,2490	0,2702	0,2844	0,1900	0,1733	0,2669	0,2793	0,3710	0,4940	0,4015	0,2840	0,2423
8	0,1067	0,1200	0,0879	0,1270	0,0564	0,1940	0,0380	0,0646	0,0898	0,2800	0,1262	0,0610	0,0870	0,0670	0,0343	0,2155	0,1860	0,0672
8,3	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
9	0,2050	0,1630	0,1440	0,2940	0,5236	0,3220	0,4835	0,3964	0,4162	0,3350	0,1658	0,1032	0,1392	0,1089	0,0298	0,1473	0,1850	0,2535
9.3	0,3467	0,3170	0,2394	0,1200	0,0385	0,1280	0,0475	0,0376	0,0419	0,0300	0,3045	0,2286	0,2060	0,1851	0,1940	0,0948	0,1570	0,1259
10	0,0100	0,0150	0,0042	0,0130	0,0224	0,0160	0,0090	0,0090	0,0539	0,0450	0,0025	0,0071	0,0101	0,0059	0,0014	0,0101	0,0100	0,0101
10,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0008	0,0000	0,0000	0,0010	0,0001
11	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0015	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001

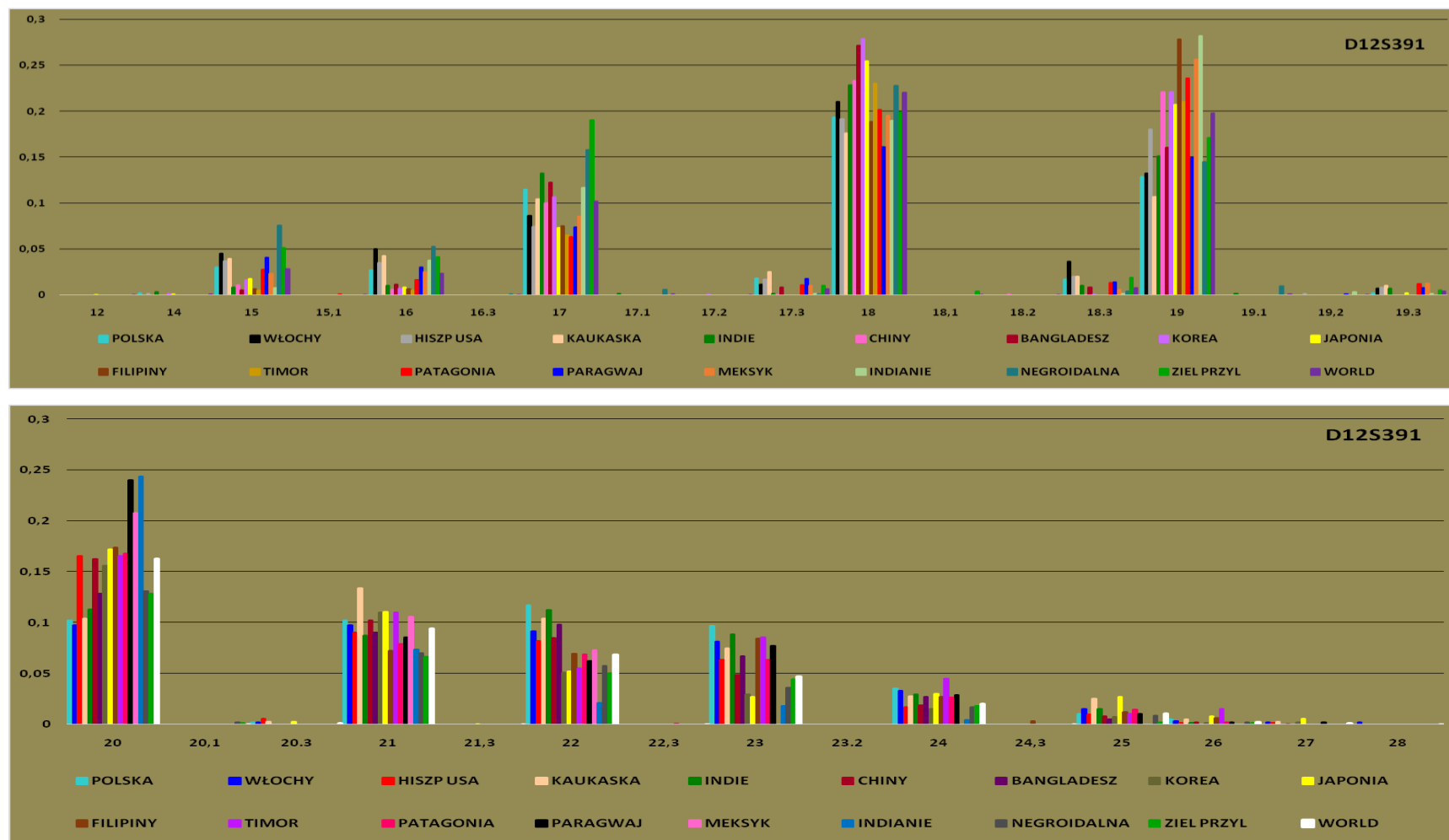
Tabela 19. Częstości alleli układu TH01 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata.



Rycina 28. Proporcje rozkładu alleli układu TH01 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISPANIA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
D12S391	ALLELE FREQUENCIES																	
12	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
14	0,0017	0,0000	0,0010	0,0030	0,0000	0,0000	0,0010	0,0007	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0004
15	0,0300	0,0450	0,0370	0,0080	0,0109	0,0050	0,0160	0,0177	0,0060	0,0050	0,0396	0,0273	0,0403	0,0233	0,0074	0,0755	0,0510	0,0278
15,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
16	0,0267	0,0500	0,0349	0,0100	0,0058	0,0110	0,0065	0,0087	0,0060	0,0050	0,0421	0,0162	0,0302	0,0252	0,0373	0,0525	0,0410	0,0231
16.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0001
17	0,1150	0,0860	0,0741	0,1320	0,1000	0,1220	0,1065	0,0733	0,0749	0,0650	0,1040	0,0630	0,0733	0,0854	0,1164	0,1575	0,1900	0,1015
17.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0055	0,0000	0,0006
17.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
17.3	0,0183	0,0110	0,0169	0,0010	0,0003	0,0080	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0248	0,0104	0,0174	0,0097	0,0014	0,0009	0,0100	0,0061
18	0,1933	0,2100	0,1917	0,2280	0,2333	0,2710	0,2790	0,2543	0,1886	0,2300	0,1757	0,2013	0,1612	0,1951	0,1895	0,2274	0,1990	0,2199
18,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0040	0,0002
18.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
18.3	0,0167	0,0360	0,0201	0,0100	0,0003	0,0080	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0198	0,0130	0,0137	0,0058	0,0014	0,0037	0,0190	0,0076
19	0,1283	0,1320	0,1800	0,1510	0,2209	0,1600	0,2210	0,2070	0,2784	0,2100	0,1064	0,2357	0,1493	0,2563	0,2820	0,1446	0,1710	0,1977
19.1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0092	0,0000	0,0009
19,2	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0029	0,0000	0,0000	0,0003
19.3	0,0017	0,0070	0,0084	0,0070	0,0000	0,0000	0,0000	0,0023	0,0000	0,0000	0,0099	0,0117	0,0073	0,0126	0,0014	0,0000	0,0050	0,0041
20	0,1017	0,0970	0,1652	0,1130	0,1624	0,1280	0,1555	0,1717	0,1737	0,1650	0,1040	0,1675	0,2399	0,2078	0,2432	0,1308	0,1280	0,1629
20,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0010	0,0002
20.3	0,0017	0,0020	0,0052	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0027	0,0000	0,0000	0,0025	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010
21	0,1017	0,0970	0,0900	0,0870	0,1024	0,0900	0,1095	0,1107	0,0719	0,1100	0,1337	0,0786	0,0852	0,1058	0,0731	0,0700	0,0660	0,0942
21,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
22	0,1167	0,0910	0,0815	0,1120	0,0852	0,0980	0,0505	0,0520	0,0689	0,0550	0,1040	0,0688	0,0623	0,0728	0,0208	0,0571	0,0500	0,0684
22,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
23	0,0967	0,0810	0,0635	0,0880	0,0485	0,0670	0,0290	0,0273	0,0838	0,0850	0,0743	0,0630	0,0769	0,0000	0,0179	0,0359	0,0440	0,0469
23.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
24	0,0350	0,0330	0,0169	0,0290	0,0185	0,0270	0,0150	0,0300	0,0269	0,0450	0,0272	0,0260	0,0284	0,0000	0,0044	0,0166	0,0180	0,0204
24,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
25	0,0100	0,0150	0,0095	0,0150	0,0082	0,0050	0,0070	0,0270	0,0120	0,0100	0,0248	0,0143	0,0101	0,0000	0,0000	0,0083	0,0020	0,0111
26	0,0050	0,0030	0,0010	0,0010	0,0021	0,0000	0,0010	0,0083	0,0060	0,0150	0,0050	0,0019	0,0018	0,0000	0,0000	0,0018	0,0010	0,0027
27	0,0000	0,0020	0,0010	0,0000	0,0003	0,0000	0,0015	0,0057	0,0000	0,0000	0,0025	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0013
28	0,0000	0,0020	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001

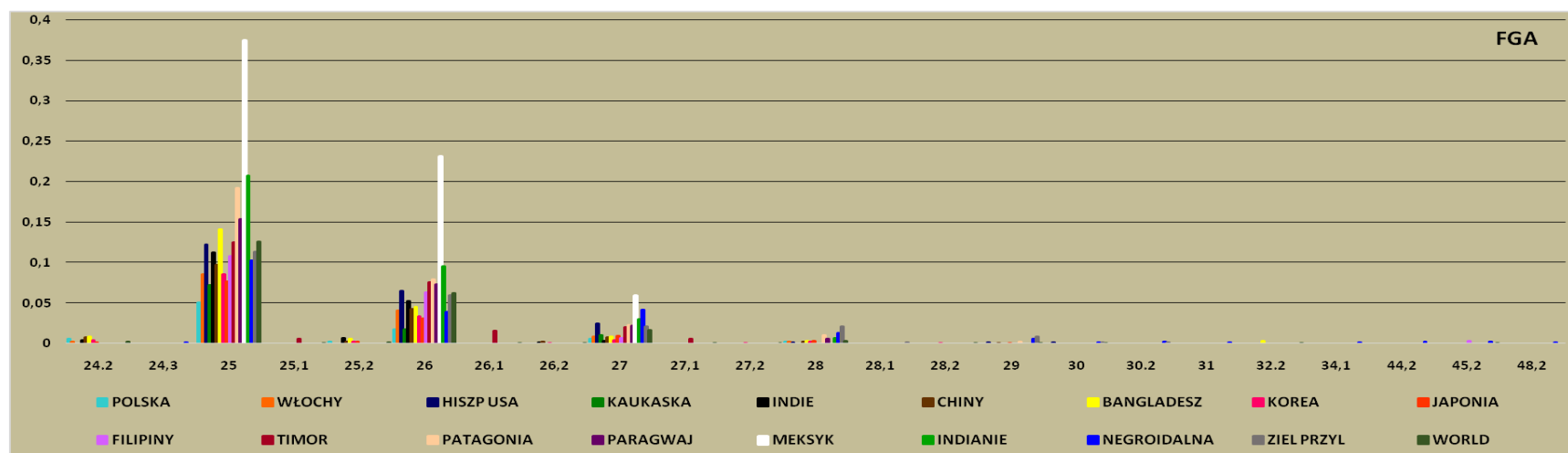
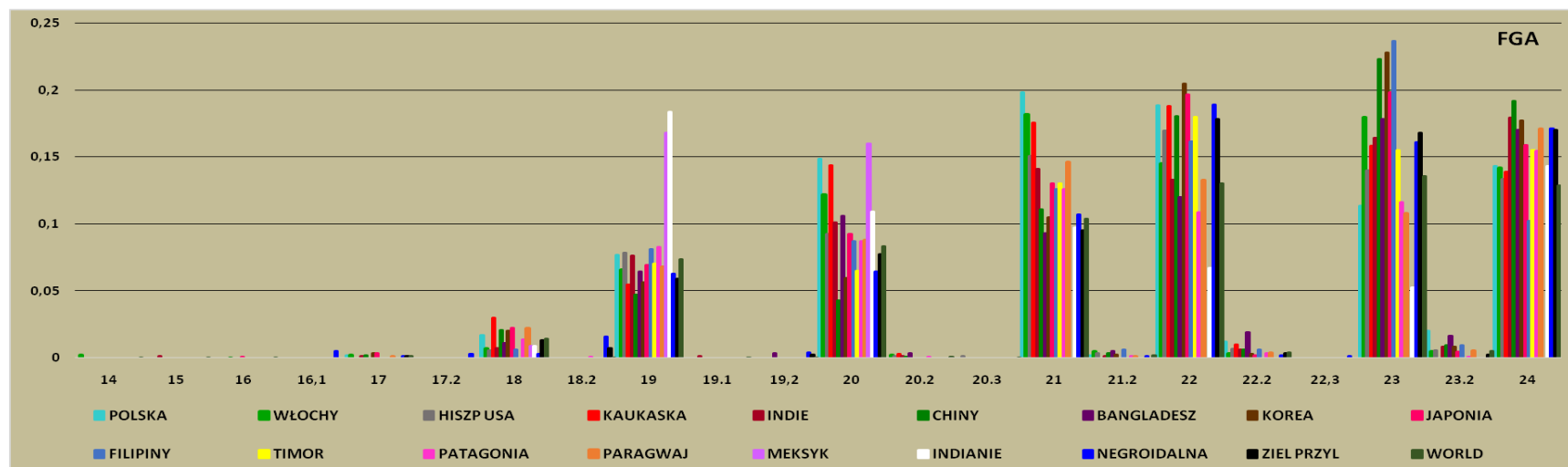
Tabela 20 Częstości alleli układu D12S391 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



Rycina 29,30. Proporcje rozkładu alleli układu D12S391 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
FGA	ALLELE FREQUENCIES																	
14	0,0000	0,0020	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
15	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
16	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0007	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
16,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0046	0,0000	0,0000
17	0,0017	0,0020	0,0000	0,0010	0,0018	0,0000	0,0030	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000	0,0009	0,0010	0,0011
17,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0028	0,0000	0,0000
18	0,0167	0,0070	0,0052	0,0070	0,0209	0,0110	0,0200	0,0220	0,0060	0,0000	0,0297	0,0136	0,0220	0,0084	0,0089	0,0028	0,0130	0,0140
18,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0157	0,0070	0,0000
19	0,0767	0,0660	0,0783	0,0760	0,0473	0,0640	0,0560	0,0693	0,0808	0,0700	0,0545	0,0825	0,0678	0,1681	0,1835	0,0626	0,0590	0,0734
19,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
19,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0037	0,0020	0,0001
20	0,1483	0,1220	0,0921	0,1010	0,0427	0,1060	0,0595	0,0926	0,0868	0,0650	0,1436	0,0870	0,0879	0,1597	0,1089	0,0645	0,0770	0,0829
20,2	0,0000	0,0020	0,0010	0,0010	0,0006	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0006	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0004
20,3	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
21	0,1983	0,1820	0,1504	0,1410	0,1106	0,0930	0,1045	0,1299	0,1257	0,1300	0,1757	0,1260	0,1465	0,0000	0,0970	0,1068	0,0950	0,1034
21,2	0,0017	0,0050	0,0031	0,0010	0,0036	0,0050	0,0020	0,0000	0,0060	0,0000	0,0000	0,0013	0,0009	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0015
22	0,1883	0,1450	0,1694	0,1330	0,1806	0,1200	0,2045	0,1965	0,1617	0,1800	0,1881	0,1084	0,1328	0,0000	0,0671	0,1888	0,1780	0,1303
22,2	0,0117	0,0030	0,0063	0,0060	0,0061	0,0190	0,0025	0,0017	0,0060	0,0000	0,0099	0,0032	0,0037	0,0000	0,0000	0,0018	0,0030	0,0037
22,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
23	0,1133	0,1800	0,1398	0,1640	0,2230	0,1780	0,2280	0,1982	0,2365	0,1550	0,1584	0,1162	0,1081	0,0000	0,0522	0,1611	0,1680	0,1355
23,2	0,0200	0,0050	0,0052	0,0080	0,0097	0,0160	0,0080	0,0043	0,0090	0,0000	0,0000	0,0006	0,0055	0,0000	0,0000	0,0000	0,0020	0,0049
24	0,1433	0,1420	0,1334	0,1790	0,1918	0,1700	0,1770	0,1586	0,1018	0,1550	0,1386	0,1545	0,1712	0,0000	0,1432	0,1713	0,1700	0,1283
24,2	0,0050	0,0020	0,0000	0,0040	0,0073	0,0080	0,0045	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0021
24,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
25	0,0500	0,0850	0,1218	0,1120	0,0967	0,1410	0,0855	0,0766	0,1078	0,1250	0,0718	0,1916	0,1538	0,3739	0,2074	0,1022	0,1130	0,1255
25,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
25,2	0,0017	0,0000	0,0000	0,0060	0,0018	0,0050	0,0025	0,0020	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0011
26	0,0167	0,0400	0,0646	0,0520	0,0424	0,0450	0,0340	0,0310	0,0629	0,0750	0,0173	0,0792	0,0723	0,2311	0,0955	0,0387	0,0590	0,0617
26,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0150	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
26,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0021	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0004
27	0,0050	0,0080	0,0243	0,0030	0,0079	0,0080	0,0045	0,0097	0,0060	0,0200	0,0099	0,0227	0,0211	0,0588	0,0298	0,0414	0,0210	0,0160
27,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
27,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
28	0,0017	0,0020	0,0010	0,0000	0,0024	0,0030	0,0025	0,0027	0,0000	0,0000	0,0000	0,0097	0,0055	0,0000	0,0059	0,0129	0,0210	0,0024
28,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000
28,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
29	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0019	0,0000	0,0000	0,0000	0,0055	0,0080	0,0003
30	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0010	0,0001
30,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0010	0,0000
31	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
32,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
34,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000
44,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000
45,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0030	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000
48,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000

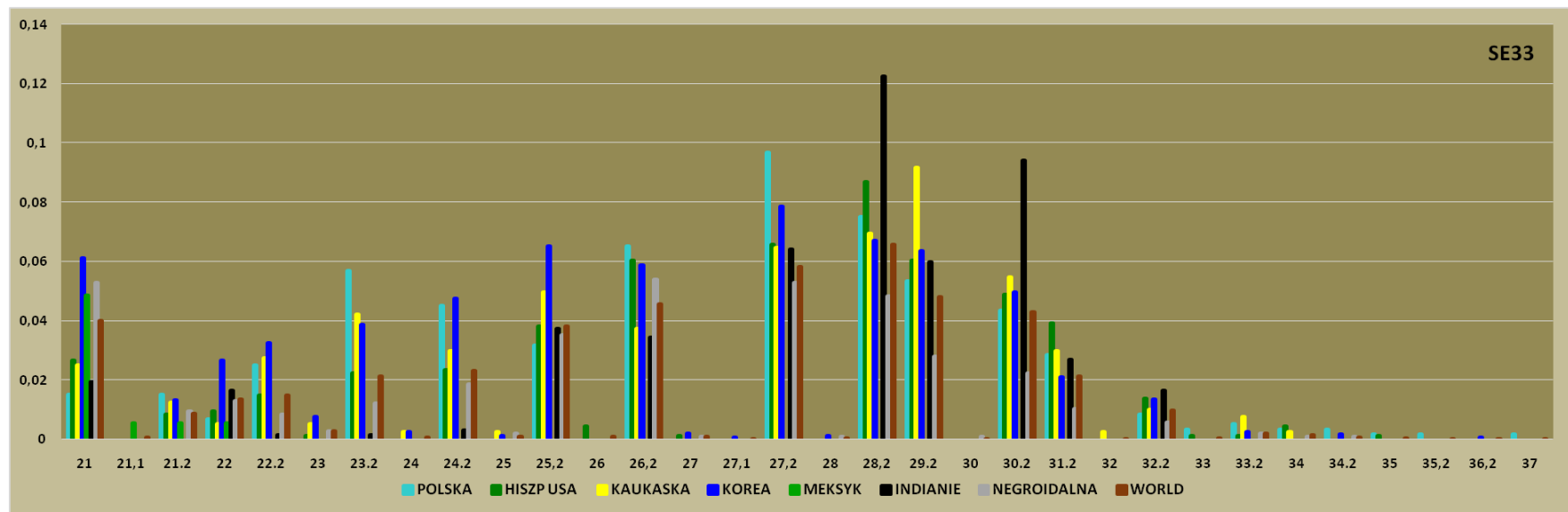
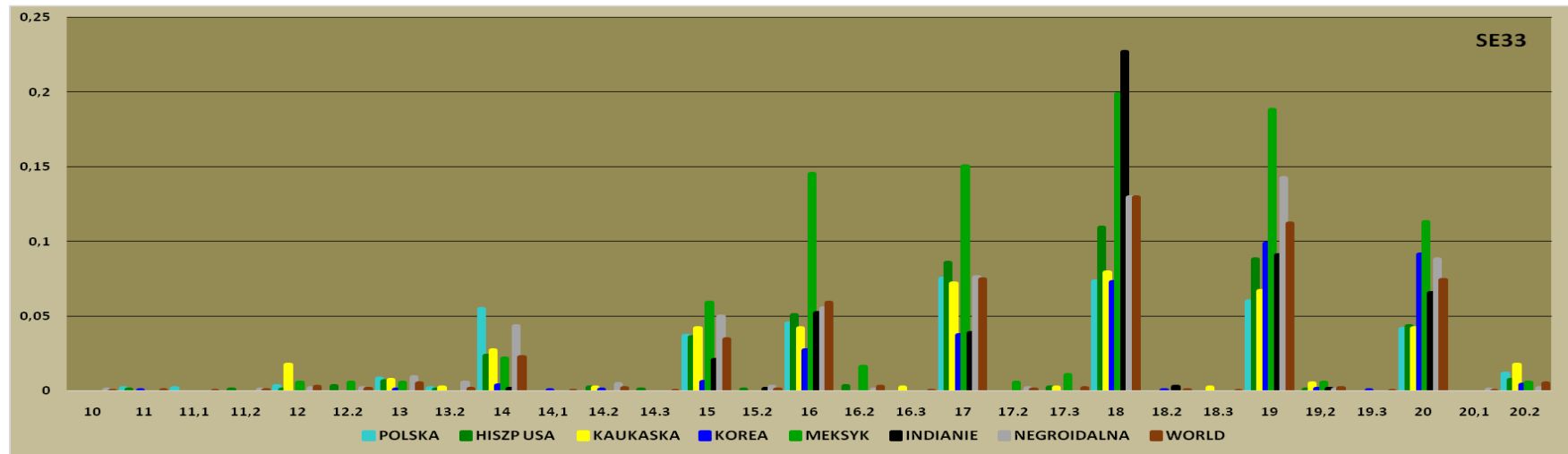
Tabela 21 Częstości alleli układu FGA w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



Rycina 31,32. Proporcje rozkładu alleli układu FGA w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	HISZPANIA	KOREA	KAUKASKA	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	WORLD
SE33	ALLELE FREQUENCIES							
10	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0002
11	0,0017	0,0010	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0004
11,1	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
11,2	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0004
12	0,0033	0,0010	0,0000	0,0173	0,0054	0,0000	0,0019	0,0029
12,2	0,0000	0,0031	0,0000	0,0000	0,0054	0,0000	0,0019	0,0017
13	0,0083	0,0063	0,0010	0,0074	0,0054	0,0000	0,0093	0,0051
13,2	0,0017	0,0010	0,0000	0,0025	0,0000	0,0000	0,0056	0,0017
14	0,0550	0,0233	0,0035	0,0272	0,0215	0,0014	0,0435	0,0228
14,1	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
14,2	0,0000	0,0021	0,0011	0,0025	0,0000	0,0000	0,0046	0,0018
14,3	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
15	0,0367	0,0360	0,0060	0,0421	0,0591	0,0208	0,0500	0,0347
15,2	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0014	0,0028	0,0010
16	0,0450	0,0508	0,0270	0,0421	0,1452	0,0522	0,0556	0,0589
16,2	0,0000	0,0031	0,0000	0,0000	0,0161	0,0000	0,0009	0,0029
16,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
17	0,0750	0,0858	0,0375	0,0718	0,1505	0,0388	0,0759	0,0749
17,2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0054	0,0000	0,0019	0,0011
17,3	0,0000	0,0021	0,0000	0,0025	0,0108	0,0000	0,0000	0,0020
18	0,0733	0,1091	0,0730	0,0792	0,1989	0,2268	0,1296	0,1294
18,2	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0029	0,0000	0,0005
18,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
19	0,0600	0,0879	0,0985	0,0668	0,1882	0,0910	0,1426	0,1122
19,2	0,0000	0,0010	0,0015	0,0050	0,0054	0,0014	0,0009	0,0020
19,3	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
20	0,0417	0,0434	0,0915	0,0421	0,1129	0,0656	0,0880	0,0744
20,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0002
20,2	0,0117	0,0074	0,0040	0,0173	0,0054	0,0000	0,0019	0,0053
21	0,0150	0,0264	0,0610	0,0248	0,0484	0,0194	0,0528	0,0401
21,1	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0054	0,0000	0,0000	0,0007
21,2	0,0150	0,0084	0,0130	0,0124	0,0054	0,0000	0,0093	0,0087
22	0,0067	0,0095	0,0265	0,0050	0,0054	0,0164	0,0130	0,0134
22,2	0,0250	0,0148	0,0325	0,0272	0,0000	0,0014	0,0083	0,0147
23	0,0000	0,0010	0,0075	0,0050	0,0000	0,0000	0,0028	0,0027
23,2	0,0567	0,0222	0,0385	0,0421	0,0000	0,0014	0,0120	0,0211
24	0,0000	0,0000	0,0025	0,0025	0,0000	0,0000	0,0000	0,0007
24,2	0,0450	0,0233	0,0475	0,0297	0,0000	0,0029	0,0185	0,0230
25	0,0000	0,0000	0,0010	0,0025	0,0000	0,0000	0,0019	0,0008
25,2	0,0317	0,0381	0,0650	0,0495	0,0000	0,0373	0,0352	0,0381
26	0,0000	0,0042	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0008
26,2	0,0650	0,0603	0,0585	0,0371	0,0000	0,0343	0,0537	0,0455
27	0,0000	0,0010	0,0020	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0008
27,1	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
27,2	0,0967	0,0656	0,0785	0,0644	0,0000	0,0641	0,0528	0,0581
28	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0004
28,2	0,0750	0,0868	0,0670	0,0693	0,0000	0,1223	0,0482	0,0656
29,2	0,0533	0,0603	0,0635	0,0916	0,0000	0,0597	0,0278	0,0479
30	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0002
30,2	0,0433	0,0487	0,0495	0,0545	0,0000	0,0940	0,0222	0,0428
31,2	0,0283	0,0391	0,0210	0,0297	0,0000	0,0268	0,0102	0,0211
32	0,0000	0,0000	0,0000	0,0025	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002
32,2	0,0083	0,0137	0,0135	0,0099	0,0000	0,0164	0,0056	0,0098
33	0,0033	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0004
33,2	0,0050	0,0010	0,0025	0,0074	0,0000	0,0000	0,0019	0,0020
34	0,0033	0,0042	0,0000	0,0025	0,0000	0,0000	0,0009	0,0014
34,2	0,0033	0,0000	0,0015	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0007
35	0,0017	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003
35,2	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
36,2	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
37	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001

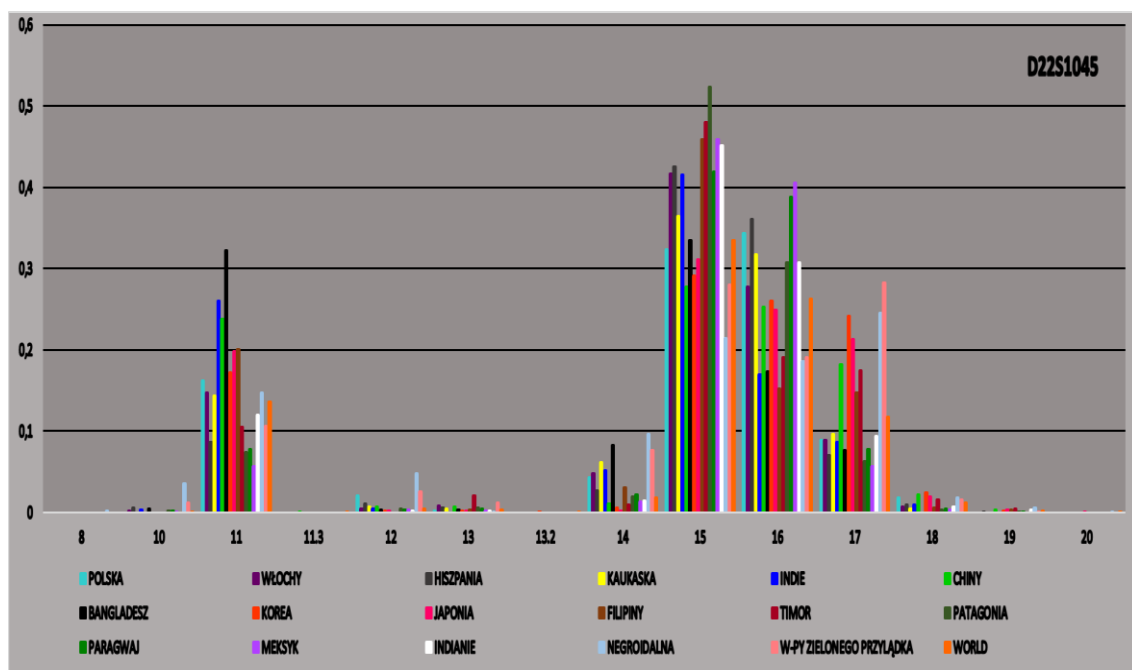
Tabela 22 Częstości alleli układu SE33 w populacji polskiej w populacji z innym populacjami Europy i świata



Rycina 33,34 proporcje rozkładu alleli układu SE33 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
D22S1045	ALLELE FREQUENCIES																	
8	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000
10	0,0000	0,0020	0,0052	0,0030	0,0000	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0019	0,0018	0,0008	0,0000	0,0359	0,0120	0,0010
11	0,1617	0,1470	0,0858	0,2600	0,2373	0,3220	0,1715	0,1982	0,2006	0,1050	0,1436	0,0734	0,0778	0,0570	0,1194	0,1473	0,1060	0,1361
11.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
12	0,0200	0,0050	0,0105	0,0040	0,0073	0,0030	0,0015	0,0017	0,0000	0,0000	0,0074	0,0045	0,0037	0,0034	0,0014	0,0479	0,0250	0,0044
13	0,0017	0,0080	0,0052	0,0000	0,0067	0,0030	0,0015	0,0017	0,0030	0,0200	0,0050	0,0052	0,0046	0,0017	0,0014	0,0009	0,0120	0,0034
13.2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
14	0,0433	0,0480	0,0264	0,0520	0,0109	0,0830	0,0055	0,0023	0,0299	0,0100	0,0619	0,0195	0,0220	0,0134	0,0149	0,0967	0,0760	0,0176
15	0,3233	0,4170	0,4247	0,4150	0,2779	0,3350	0,2915	0,3111	0,4581	0,4800	0,3639	0,5227	0,4185	0,4581	0,4507	0,2145	0,2800	0,3340
16	0,3433	0,2770	0,3612	0,1700	0,2530	0,1730	0,2595	0,2488	0,1527	0,1900	0,3168	0,3071	0,3883	0,4054	0,3074	0,1860	0,1900	0,2628
17	0,0883	0,0890	0,0699	0,0860	0,1818	0,0770	0,2420	0,2132	0,1467	0,1750	0,0965	0,0623	0,0778	0,0570	0,0940	0,2449	0,2820	0,1179
18	0,0183	0,0070	0,0095	0,0100	0,0218	0,0000	0,0240	0,0193	0,0060	0,0150	0,0050	0,0026	0,0046	0,0034	0,0074	0,0175	0,0160	0,0113
19	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0030	0,0000	0,0025	0,0033	0,0030	0,0050	0,0000	0,0006	0,0009	0,0000	0,0029	0,0055	0,0010	0,0015
20	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000

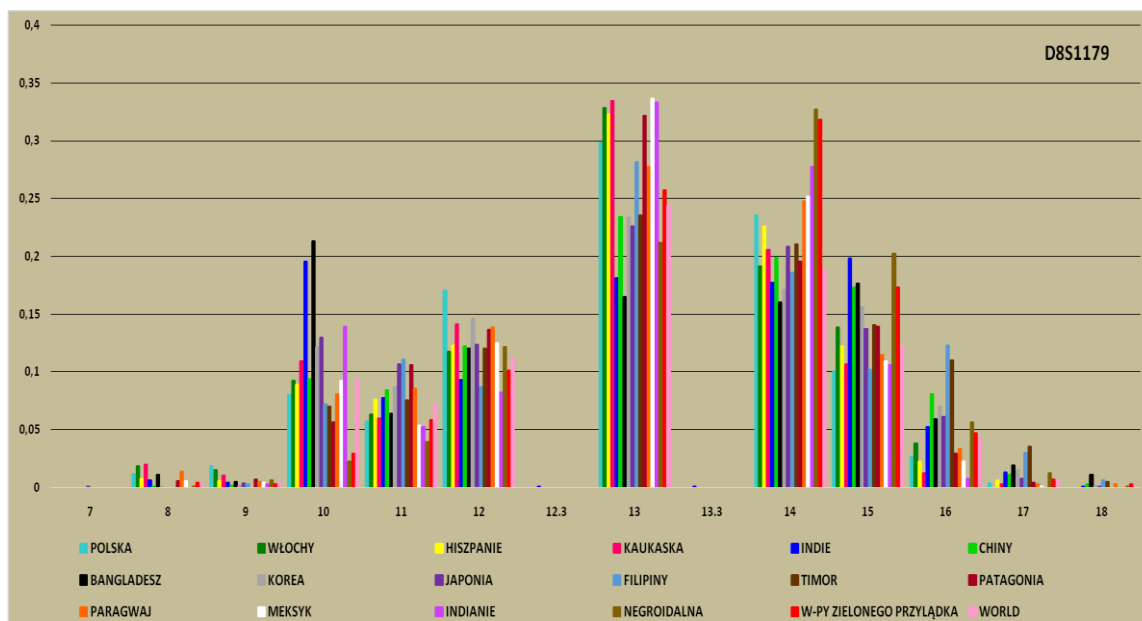
Tabela 23 Częstości alleli układu D22S1045 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



Rycina 35 proporcje rozkładu alleli układu D22S1045 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIE	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
D8S1179	ALLELE FREQUENCIES																	
7	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
8	0,0117	0,0180	0,0074	0,0060	0,0009	0,0110	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0198	0,0052	0,0137	0,0055	0,0000	0,0009	0,0040	0,0044
9	0,0183	0,0150	0,0052	0,0040	0,0012	0,0050	0,0010	0,0027	0,0030	0,0000	0,0099	0,0071	0,0046	0,0040	0,0029	0,0064	0,0030	0,0039
10	0,0800	0,0920	0,0889	0,1950	0,0933	0,2130	0,1215	0,1289	0,0719	0,0700	0,1089	0,0565	0,0806	0,0924	0,1388	0,0221	0,0290	0,0935
11	0,0567	0,0630	0,0762	0,0770	0,0839	0,0640	0,0865	0,1063	0,1108	0,0750	0,0594	0,1058	0,0852	0,0537	0,0522	0,0396	0,0580	0,0721
12	0,1700	0,1170	0,1228	0,0930	0,1218	0,1200	0,1455	0,1233	0,0868	0,1200	0,1411	0,1364	0,1383	0,1245	0,0820	0,1215	0,1010	0,1117
12.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
13	0,2983	0,3280	0,3230	0,1810	0,2336	0,1650	0,2330	0,2258	0,2814	0,2350	0,3342	0,3214	0,2775	0,3363	0,3328	0,2118	0,2570	0,2433
13.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
14	0,2350	0,1910	0,2256	0,1770	0,1985	0,1600	0,1705	0,2082	0,1856	0,2100	0,2054	0,1955	0,2473	0,2515	0,2776	0,3269	0,3180	0,1888
15	0,1000	0,1380	0,1218	0,1980	0,1727	0,1760	0,1560	0,1366	0,1018	0,1400	0,1064	0,1390	0,1145	0,1089	0,1059	0,2017	0,1730	0,1223
16	0,0267	0,0380	0,0222	0,0520	0,0806	0,0590	0,0695	0,0606	0,1228	0,1100	0,0124	0,0292	0,0330	0,0221	0,0074	0,0562	0,0470	0,0423
17	0,0033	0,0000	0,0063	0,0130	0,0106	0,0190	0,0145	0,0070	0,0299	0,0350	0,0025	0,0039	0,0027	0,0010	0,0000	0,0120	0,0070	0,0065
18	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0027	0,0110	0,0015	0,0003	0,0060	0,0050	0,0000	0,0000	0,0027	0,0000	0,0000	0,0009	0,0030	0,0011

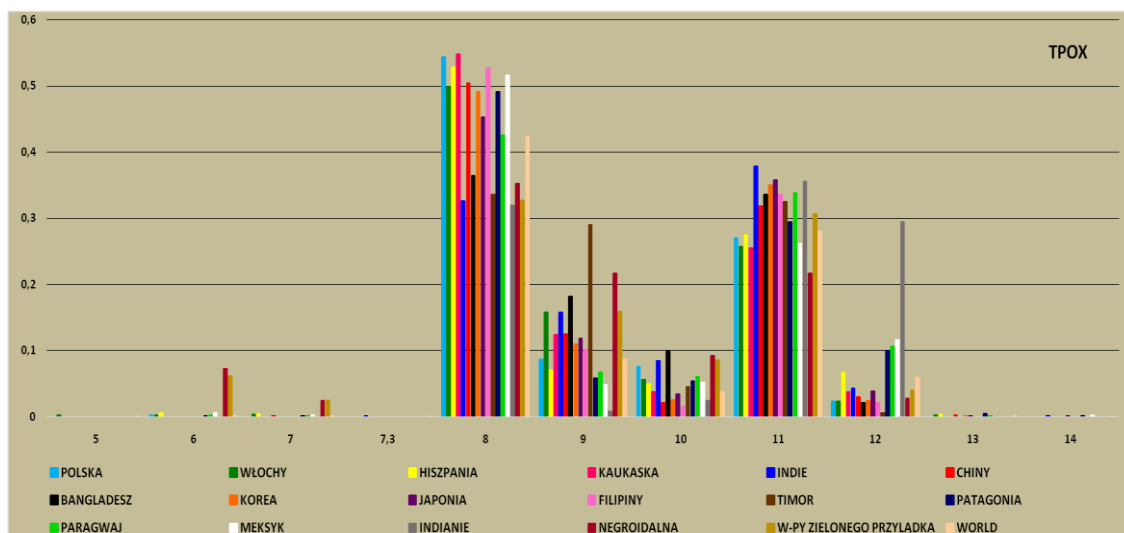
Tabela 24 Częstości alleli układu D8S1179 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



Rycina 36 proporcje rozkładu alleli układu D8S1179 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIA	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIELONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
TPOX	ALLELE FREQUENCIES																	
5	0,0000	0,0020	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
6	0,0017	0,0020	0,0052	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0018	0,0050	0,0000	0,0720	0,0610	0,0012
7	0,0000	0,0030	0,0042	0,0000	0,0015	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0009	0,0017	0,0000	0,0240	0,0240	0,0009
7,3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
8	0,5433	0,4980	0,5275	0,3260	0,5036	0,3640	0,4905	0,4520	0,5269	0,3350	0,5470	0,4903	0,4249	0,5159	0,3194	0,3515	0,3270	0,4227
9	0,0867	0,1570	0,0699	0,1570	0,1248	0,1810	0,1090	0,1179	0,1018	0,2900	0,1238	0,0578	0,0668	0,0485	0,0074	0,2168	0,1580	0,0862
10	0,0750	0,0560	0,0487	0,0840	0,0209	0,0980	0,0255	0,0333	0,0150	0,0450	0,0371	0,0532	0,0604	0,0510	0,0238	0,0913	0,0850	0,0371
11	0,2700	0,2570	0,2743	0,3780	0,3176	0,3350	0,3495	0,3571	0,3353	0,3250	0,2550	0,2942	0,3379	0,2609	0,3552	0,2168	0,3060	0,2803
12	0,0233	0,0230	0,0667	0,0420	0,0294	0,0210	0,0245	0,0380	0,0210	0,0050	0,0371	0,0987	0,1062	0,1154	0,2940	0,0277	0,0390	0,0595
13	0,0000	0,0020	0,0031	0,0000	0,0021	0,0000	0,0010	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0039	0,0009	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0012
14	0,0000	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	0,0007	0,0000	0,0000	0,0000	0,0006	0,0000	0,0017	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003

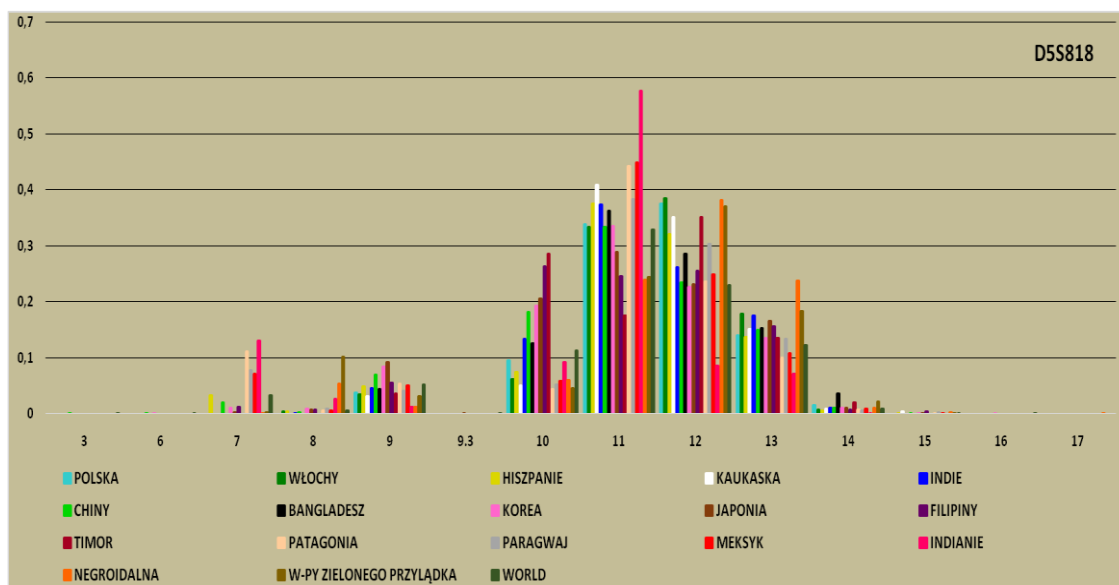
Tabela 25. Częstości alleli układu TPOX w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



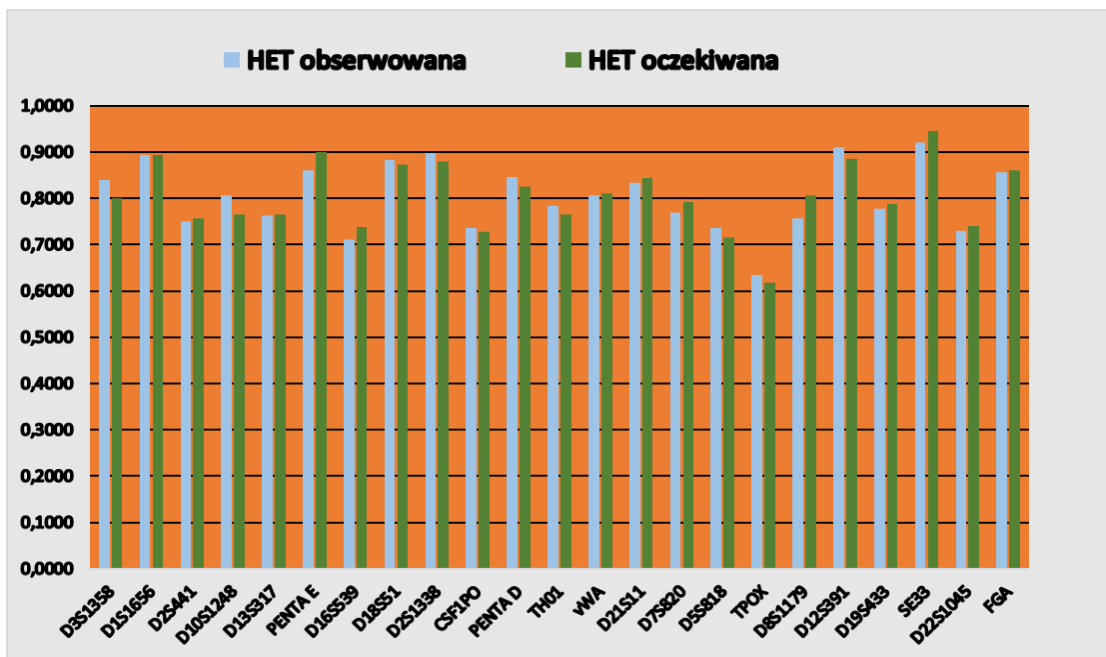
Rycina 37 proporcje rozkładu alleli układu TPOX w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata.

POPULACJA	POLSKA	WŁOCHY	HISZPANIE	INDIE	CHINY	BANGLADESZ	KOREA	JAPONIA	FILIPINY	TIMOR	KAUKASKA	PATAGONIA	PARAGWAJ	MEKSYK	INDIANIE	NEGROIDALNA	W-PY ZIEŁONEGO PRZYŁĄDKA	WORLD
D5S818	ALLELE FREQUENCIES																	
3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
6	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001
7	0,0000	0,0000	0,0328	0,0000	0,0197	0,0000	0,0095	0,0027	0,0120	0,0000	0,0000	0,1117	0,0769	0,0711	0,1313	0,0009	0,0020	0,0322
8	0,0000	0,0030	0,0042	0,0010	0,0027	0,0000	0,0080	0,0060	0,0060	0,0000	0,0000	0,0058	0,0082	0,0050	0,0268	0,0543	0,1010	0,0051
9	0,0367	0,0340	0,0497	0,0450	0,0691	0,0430	0,0830	0,0916	0,0539	0,0350	0,0297	0,0539	0,0394	0,0502	0,0119	0,0120	0,0320	0,0519
9.3	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
10	0,0950	0,0610	0,0741	0,1330	0,1806	0,1250	0,1920	0,2049	0,2635	0,2850	0,0495	0,0435	0,0513	0,0585	0,0925	0,0608	0,0460	0,1124
11	0,3383	0,3330	0,3750	0,3740	0,3330	0,3620	0,3350	0,2881	0,2455	0,1750	0,4084	0,4416	0,3828	0,4490	0,5776	0,2385	0,2440	0,3287
12	0,3750	0,3840	0,3209	0,2610	0,2339	0,2850	0,2265	0,2305	0,2545	0,3500	0,3515	0,2357	0,3022	0,2483	0,0865	0,3821	0,3700	0,2286
13	0,1400	0,1780	0,1366	0,1750	0,1500	0,1520	0,1350	0,1656	0,1557	0,1350	0,1510	0,1006	0,1328	0,1087	0,0716	0,2376	0,1830	0,1225
14	0,0150	0,0070	0,0052	0,0110	0,0097	0,0350	0,0095	0,0093	0,0060	0,0200	0,0074	0,0065	0,0046	0,0084	0,0014	0,0110	0,0210	0,0076
15	0,0000	0,0000	0,0010	0,0000	0,0006	0,0000	0,0005	0,0010	0,0030	0,0000	0,0025	0,0006	0,0018	0,0008	0,0000	0,0018	0,0010	0,0007
16	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
17	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0009	0,0000	0,0000

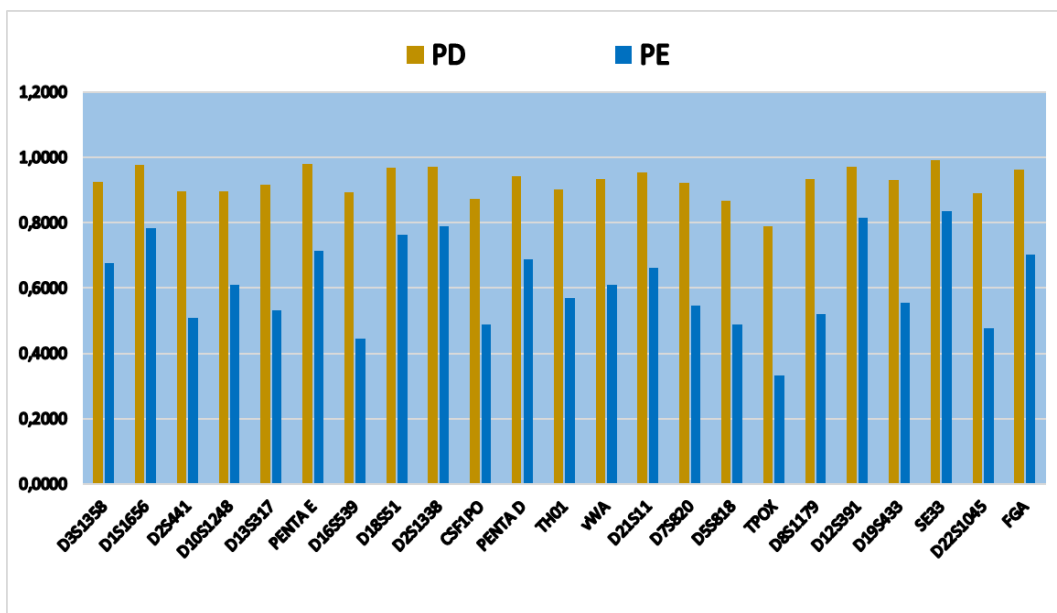
Tabela 26 Częstości alleli układu D5S818 w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata



Rycina 38 proporcje rozkładu alleli układu D5S818 w populacji polskiej w porównaniu z populacjami Europy i świata.

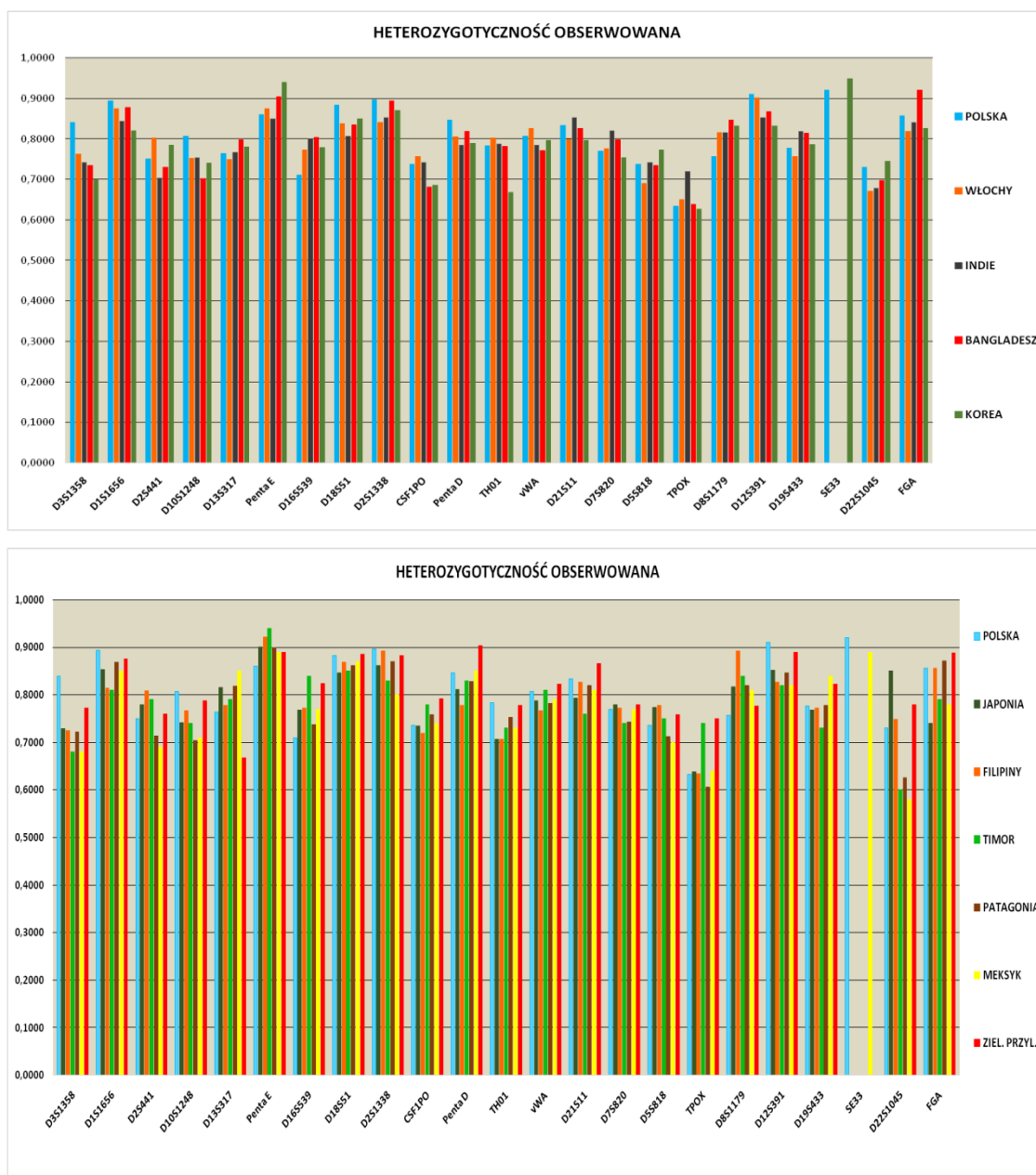


Rycina 39. porównanie wartości heterozygotyczności obserwowanej, uzyskanej dla otrzymanych rozkładów genotypów w badanej populacji z heterozygotycznością oczekiwaną, wyliczoną na podstawie częstości alleli



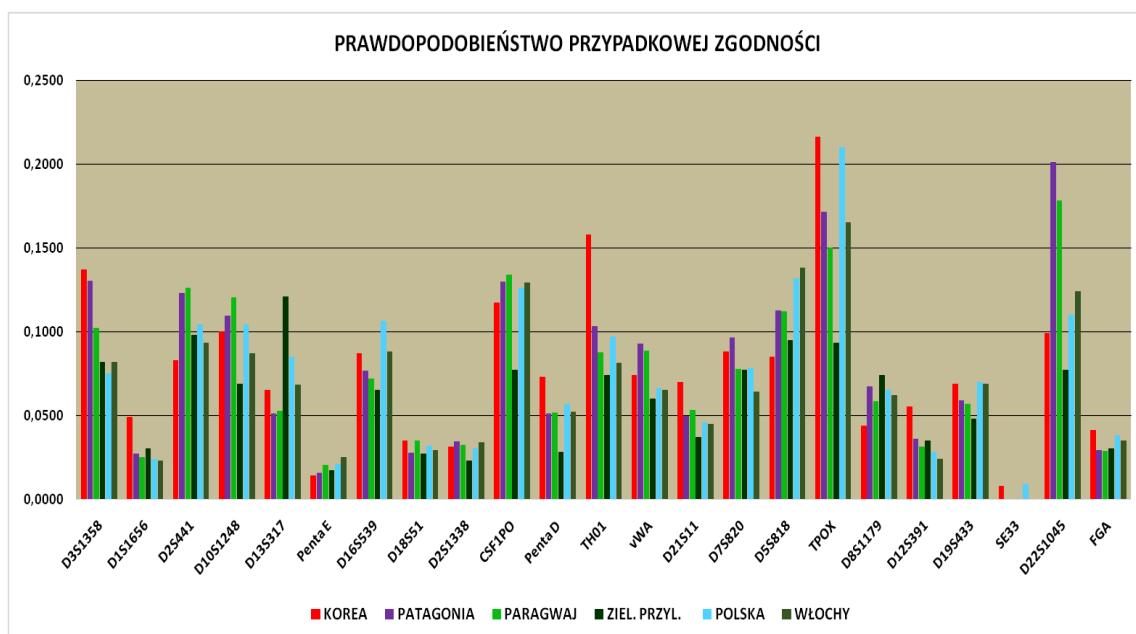
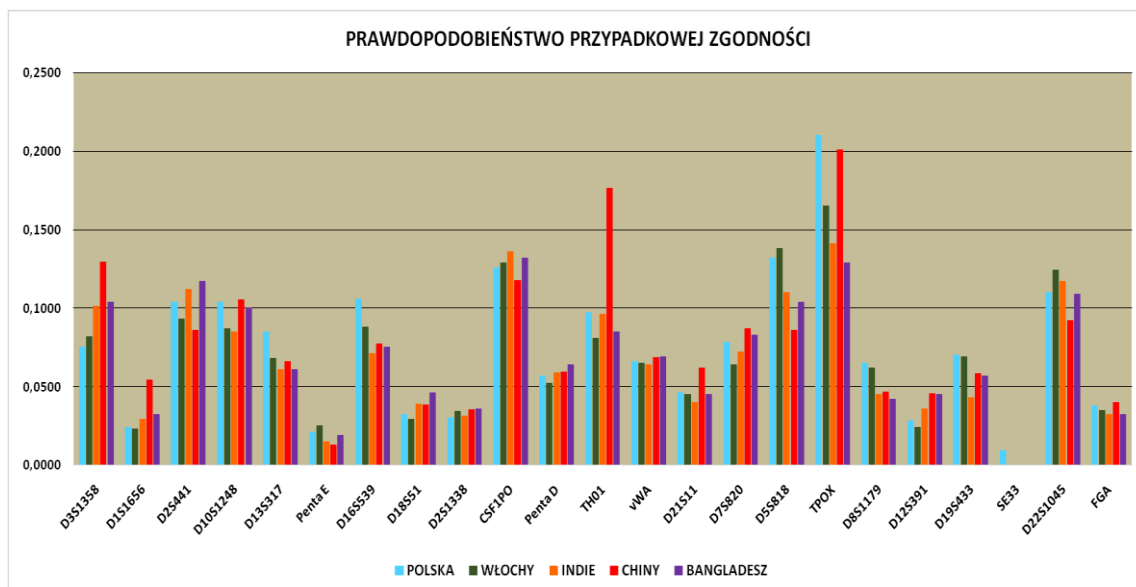
Rycina 40 .Wartości siły dyskryminacji (PD) i siły wyłączenia (PE) dla poszczególnych markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C

Otrzymane wartości heterozygotyczności w populacji polskiej zestawiono następnie z wartościami heterozygotyczności zaobserwowanymi w innych populacjach Europy i świata, kolejno: Włoch [44], Indii [46], Bangladeszu [48], Korei [49], Japonii [50], Filipin [51], Timoru [52], Patagonii [53], Meksyku [55] oraz Wysp Zielonego Przylądka [56]. Analizę porównawczą uzyskanych wartości zestawiono na rycinie 41 i 42.



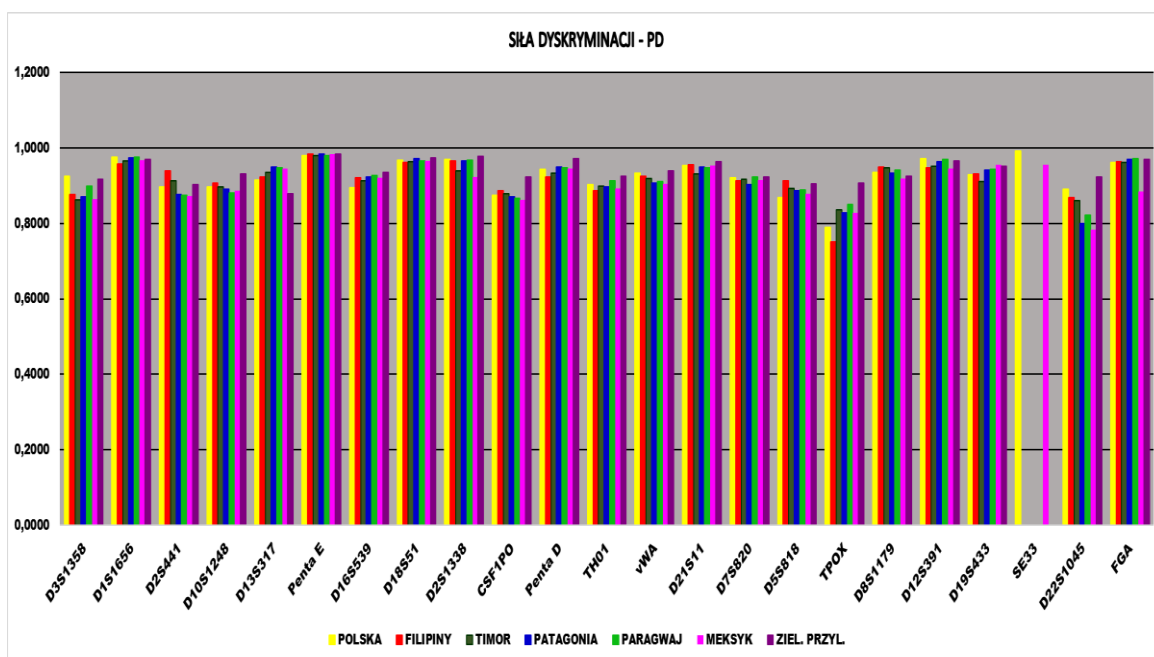
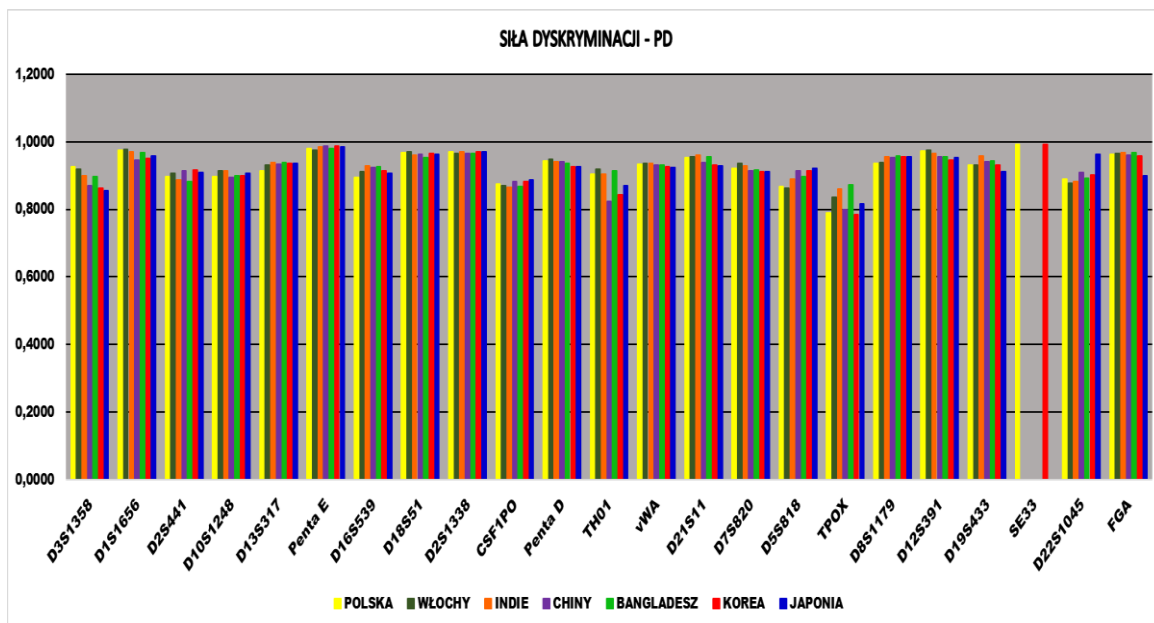
Rycina 41,42 Zestawienie wartości HET dla układów zestawu PowerPlex Fusion 6C w badanej populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami Europy i świata.

Na kolejnych rycinach 43 - 44 porównano otrzymane wartości prawdopodobieństwa przypadkowej zgodności (MP) opisujące szansę powtórzenia się określonego profilu w zakresie 23 badanych układów w populacji polskiej w porównaniu do wyników tego parametru w innych populacjach Europy i świata [44], [46], [47], [48], [49], [53], [54], [56].

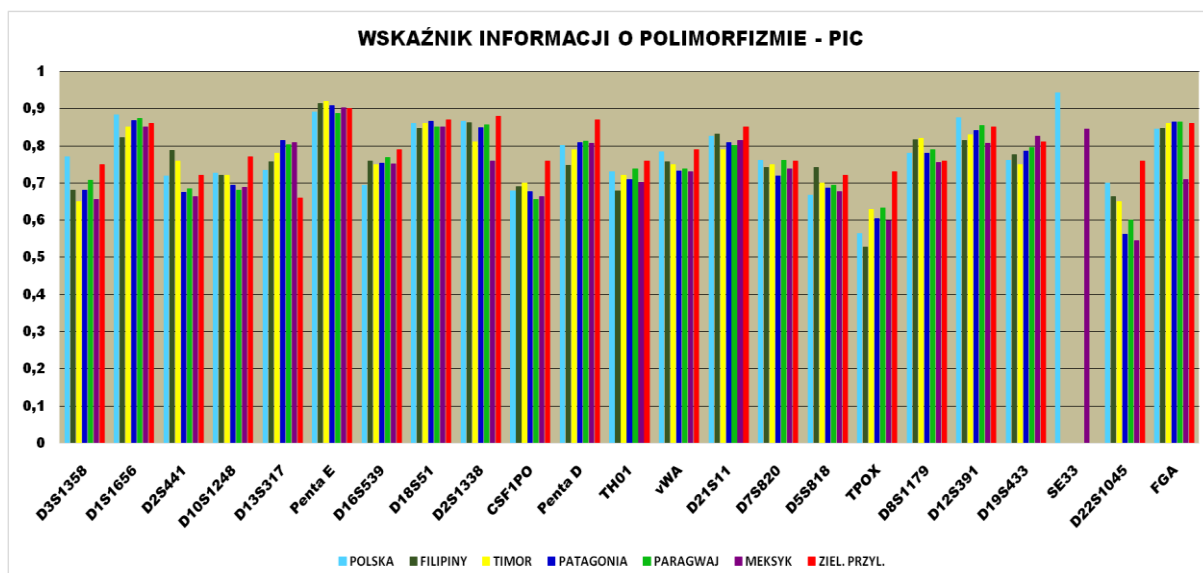
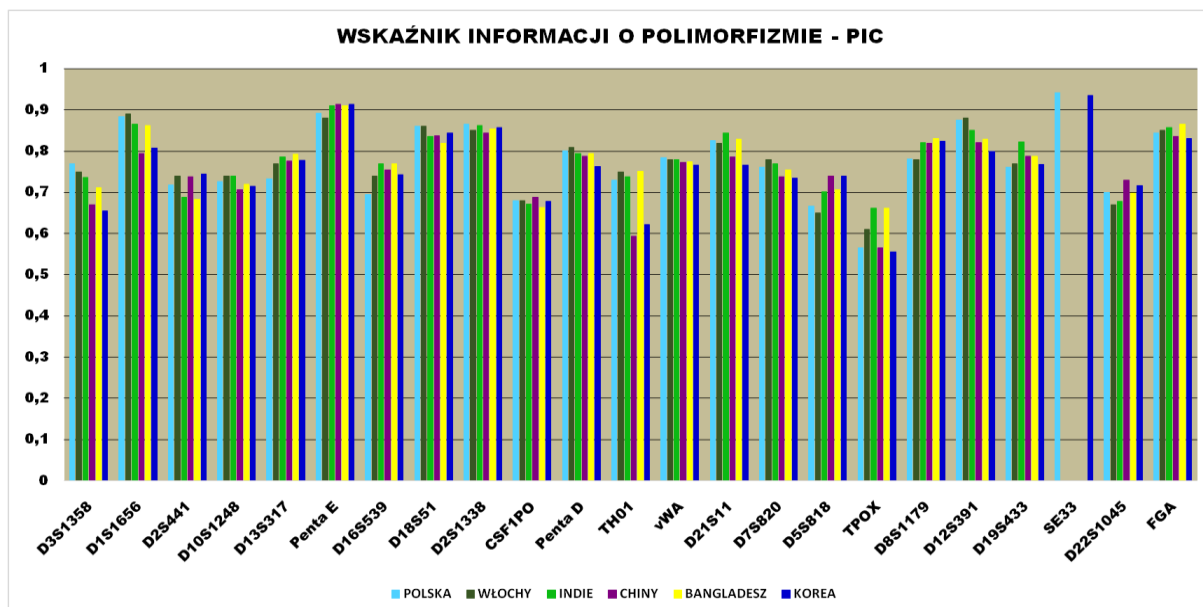


Rycina 43,44 Porównanie wartości MP otrzymanej dla markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C w populacji polskiej w zestawieniu z innymi populacjami Europy i świata.

W badanych populacjach Polski i świata dokonano również porównania w zakresie dwóch wskaźników opisujących zmienność: PD – siły dyskryminacji na rycinach oraz PIC – wskaźnika informacji o polimorfizmie na rycinach: 45 - 48.

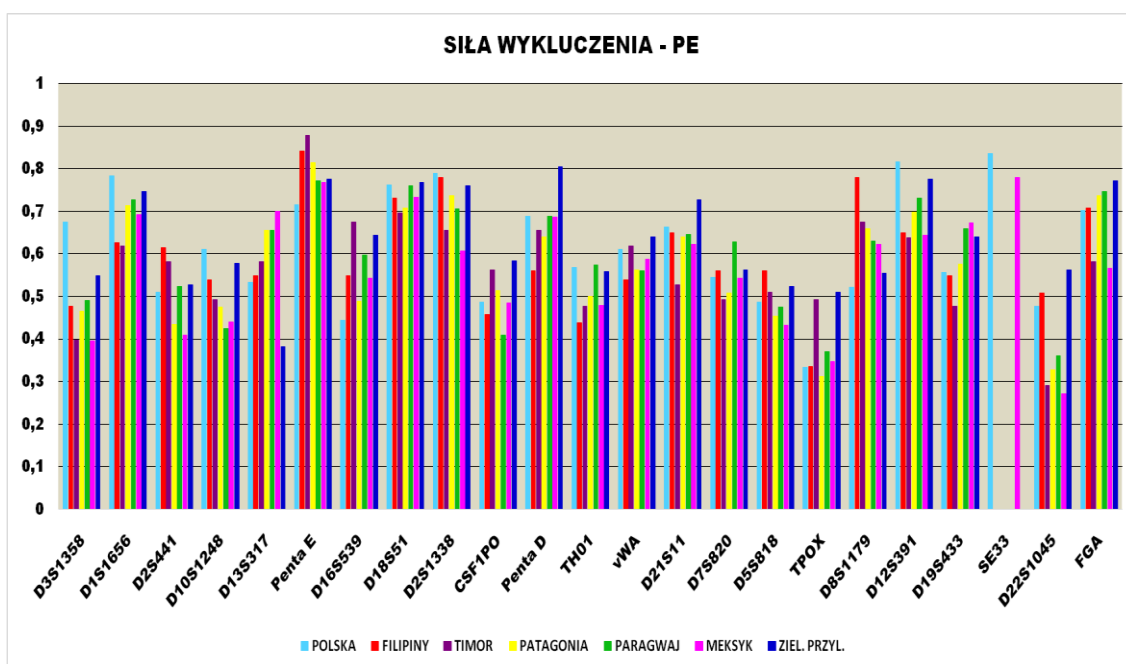
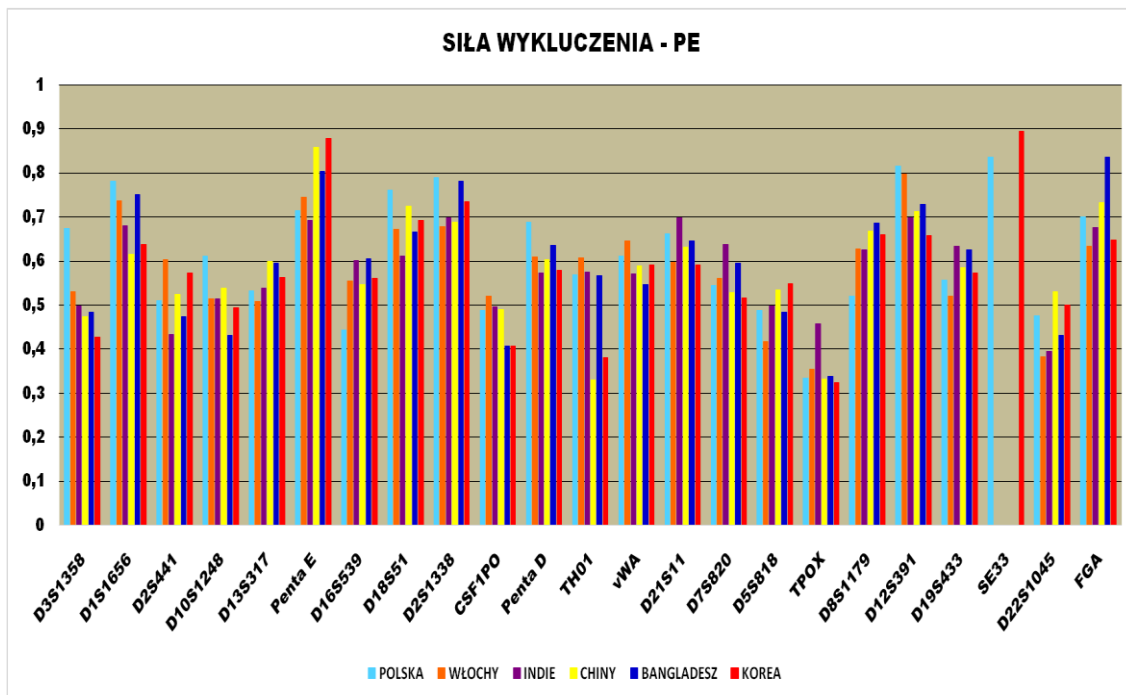


Rycina 45,46. Zestawienie wartości siły dyskryminacji (PD) dla markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami globalnymi



Rycina 47,48 Zestawienie wartości wskaźnika informacji o polimorfizmie (PIC) dla markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C w populacji polskiej w porównaniu z innymi populacjami globalnymi

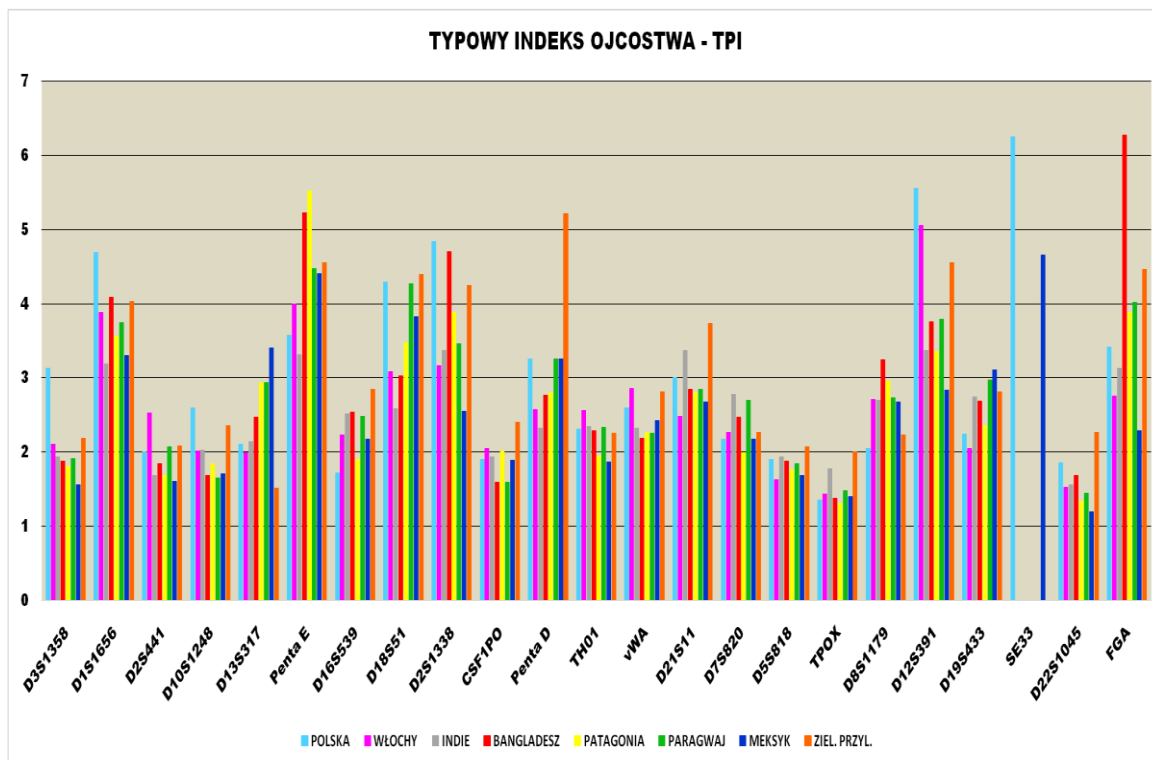
Uzyskaną siłę wykluczenia (PE) oceniającą przydatność analizowanych układów do badań ojcostwa w populacji polskiej porównano z danymi uzyskanymi dla innych populacji Europy i świata: Włoch [44], Indii [46], Chin [47], Bangladeszu [48], Korei [49], Filipin [51], Timoru [52], Patagonii [53], Paragwaju [54], Meksyku [55], Wysp Zielonego Przylądka [56] i zestawiono kolejno na rycinach 49,50.



Rycina 49,50 Porównanie siły wykluczenia (PE) opisującej przydatność badanych markerów do badań ojcostwa w populacji Polski w zestawieniu z innymi populacjami Europy i świata

Kolejno dokonano porównania wartości innego parametru służącego do oceny przydatności w zakresie badań ojcostwa, tj. typowego indeksu ojcostwa (TPI)

obliczonego na podstawie rozkładu cech otrzymanego w zakresie 23 markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C w populacji Polski oraz w populacji Włoch [44], Indii [46], Bangladeszu [48], Patagonii [53], Paragwaju [54], Meksyku [55] oraz Wysp Zielonego Przylądka [56], wyniki przedstawiono na Rycinie 51.

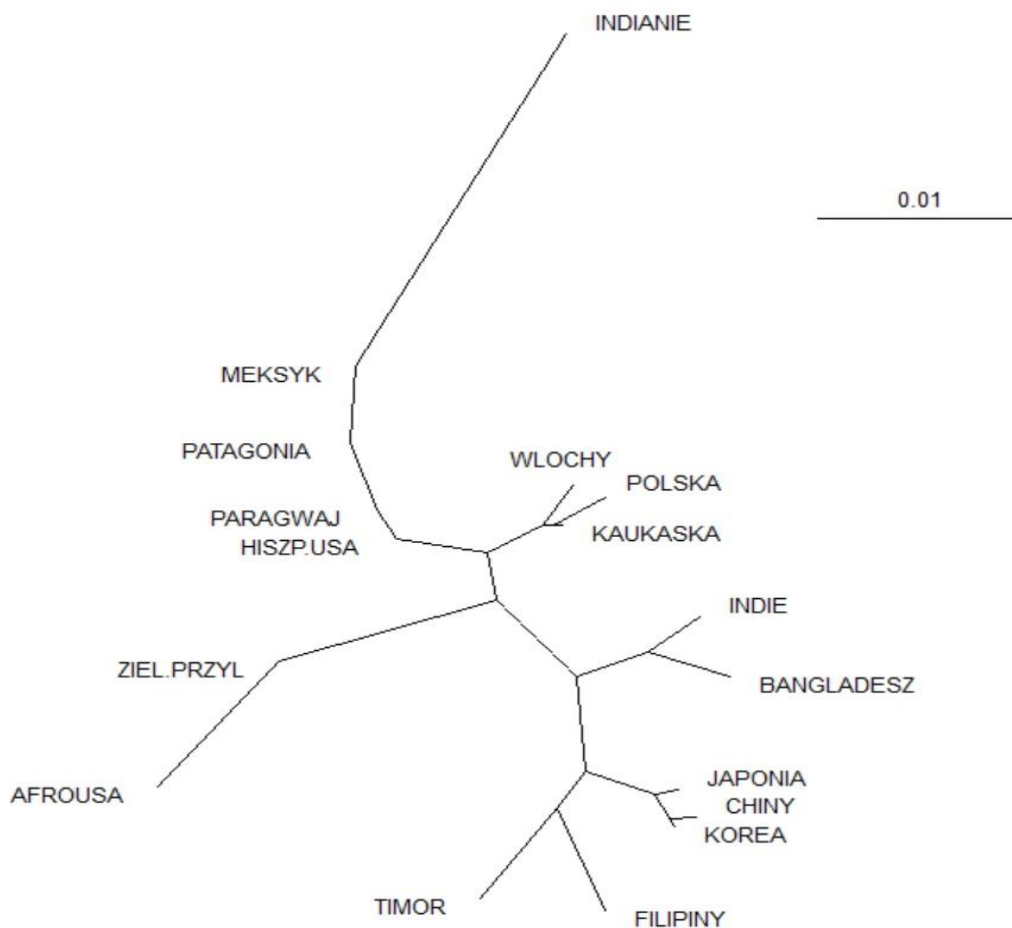


Rycina 51, Typowy indeks ojcostwa (TPI) uzyskany w zakresie 23 markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C w populacji polskiej i populacjach globalnych

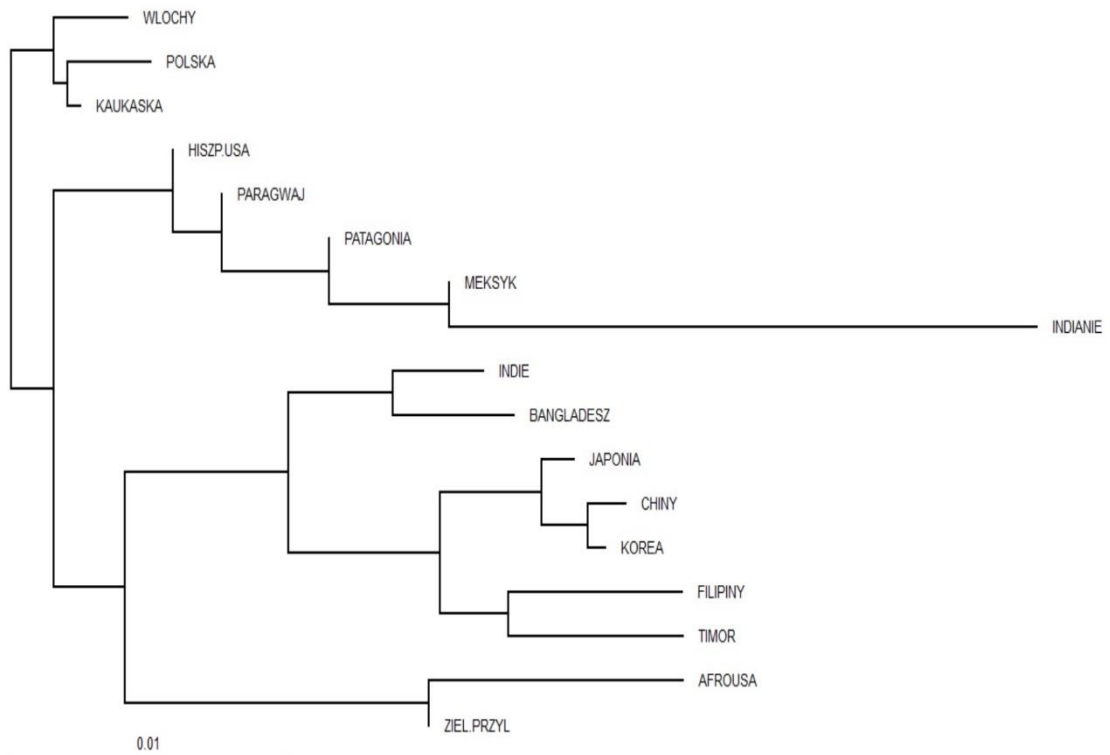
4.3 Analiza dystansów i filogenezy

Badany rozkład częstości w zakresie 23 markerów w populacji polskiej został wykorzystany do zaprojektowania macierzy dystansów genetycznych w odniesieniu do innych populacji: Włoch, Indii, Chin, Bangladeszu, Korei, Japonii, Filipin, Timoru, rasy kaukaskiej z USA, hiszpańskojęzycznych mieszkańców Stanów Zjednoczonych, Patagonii, Paragwaju, Meksyku, Indian Ameryki Północnej, rasy negroidalnej, populacji Wysp Zielonego Przylądka [44-56]. Na podstawie uzyskanej macierzy zaprojektowano radialne drzewo dystansów genetycznych przy pomocy metody

przyłączenia sąsiadów- NJ (ang. Neighbor-Joining) przedstawione na Rycinie 52. Uzyskana macierz posłużyła również do skonstruowania filogramu na podstawie metody średnich połączeń – UPGMA (ang. Unweighted Pair-Group Method using arithmetic Averages) przedstawiony na Rycinie 53.

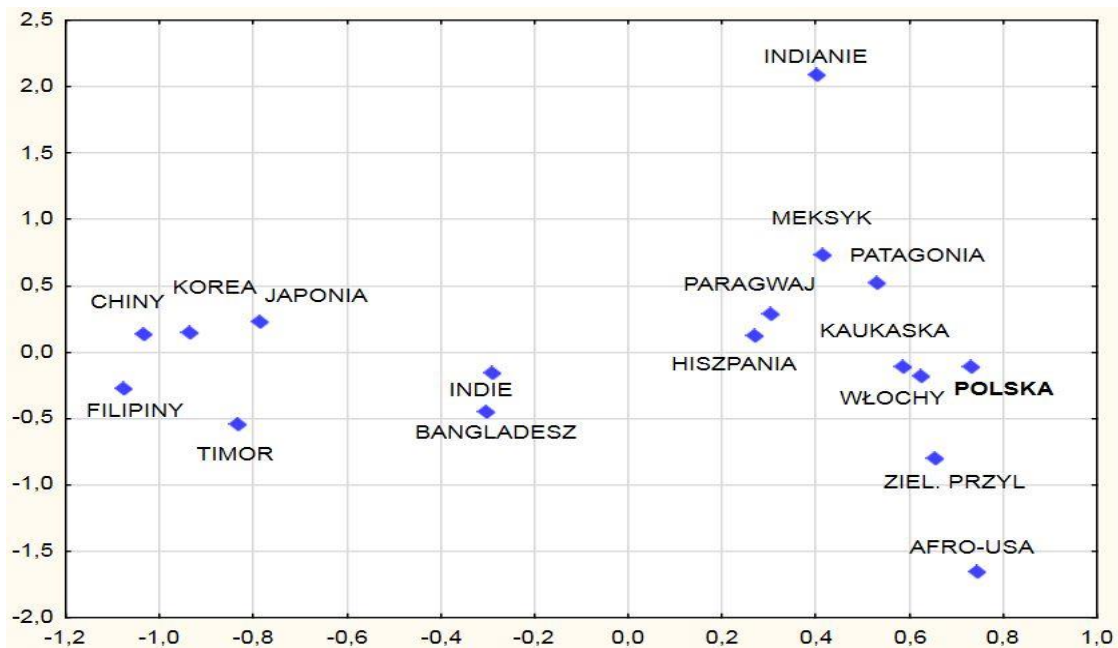


Rycina 52 Radialne drzewo zaprojektowane na podstawie dystansu genetycznego dzielącego populację Polski od innych populacji świata z zastosowaniem metody NJ uzyskany w oparciu o rozkład cech 23 markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C.



Rycina 53 Filogram zaprojektowany na podstawie dystansu genetycznego dzielącego populację Polski od innych populacji świata z użyciem metody UPGMA uzyskany w oparciu o rozkład cech 23 markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C.

W kolejnym etapie analizy w oparciu o matrycę skonstruowano wykres przedstawiający dystans genetyczny pomiędzy populacją Polski a innymi populacjami Europy i świata za pomocą skalowania wielowymiarowego. Wykres dwuwymiarowy z ukazanymi wartościami zgodności dopasowania przedstawiono na Rycinie 54.

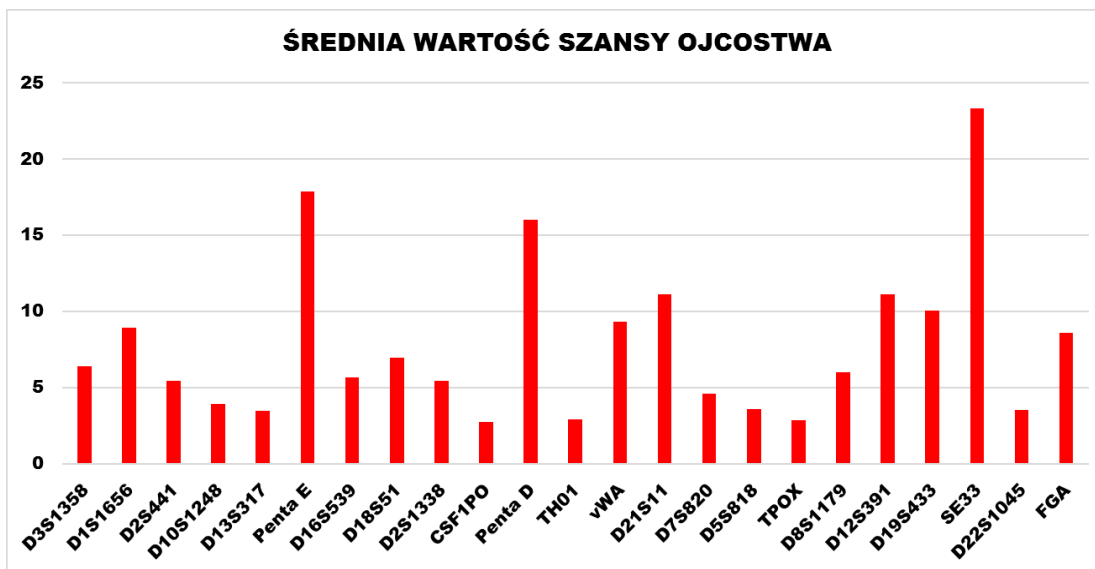


Rycina 54: Skalowanie wielowymiarowe przedstawiające dystans genetyczny pomiędzy populacją Polski a innymi populacjami na wykresie dwuwymiarowym, uzyskane na podstawie rozkładu cech 23 markerów systemu PowerPlex Fusion 6C w programie STATISTICA v.12.5.

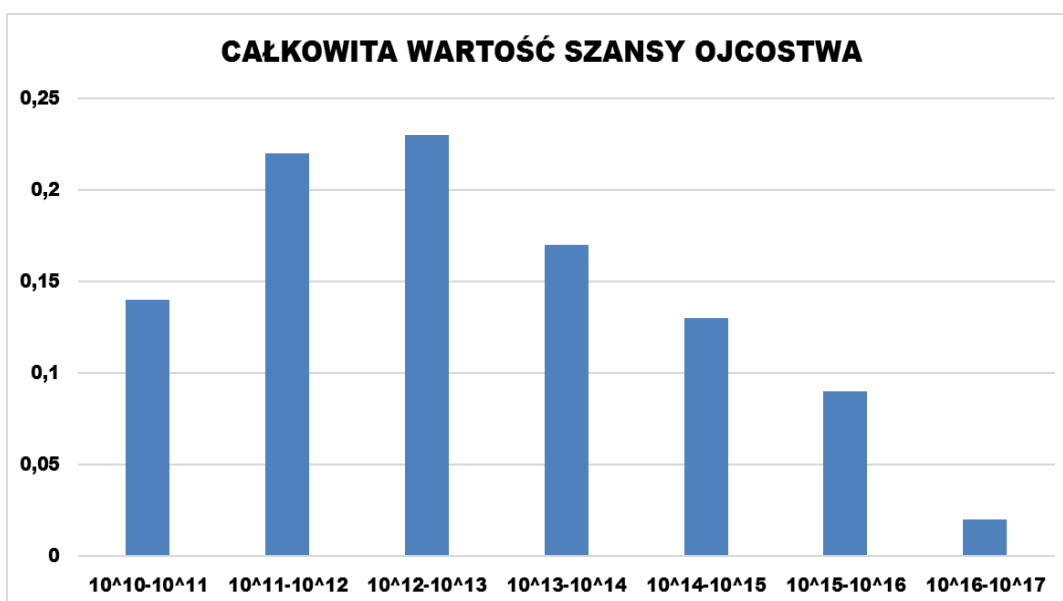
4.4 Analiza spraw ojcostwa

Analizę przeprowadzono dla łącznej liczby 140 spraw spornego ojcostwa w zakresie 23 markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C, w tym 100 spraw z potwierdzeniem przy poziomie prawdopodobieństwa ojcostwa graniczącego z pewnością tj. przekraczającym 99,9999% oraz 40 spraw z wykluczeniem ojcostwa uzyskane w oparciu o co najmniej 4 niezależne markery.

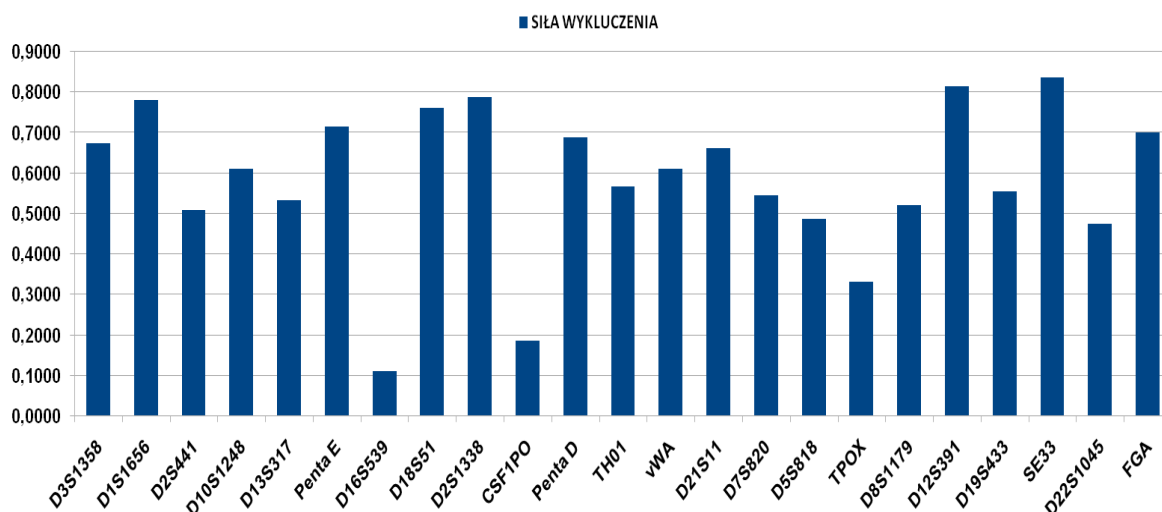
Na rycinie 55 przedstawiono średnią wartość szansy ojcostwa dla każdego z 23 markerów systemu PowerPlex Fusion 6C uzyskaną na podstawie analizy 100 spraw z potwierdzeniem ojcostwa.



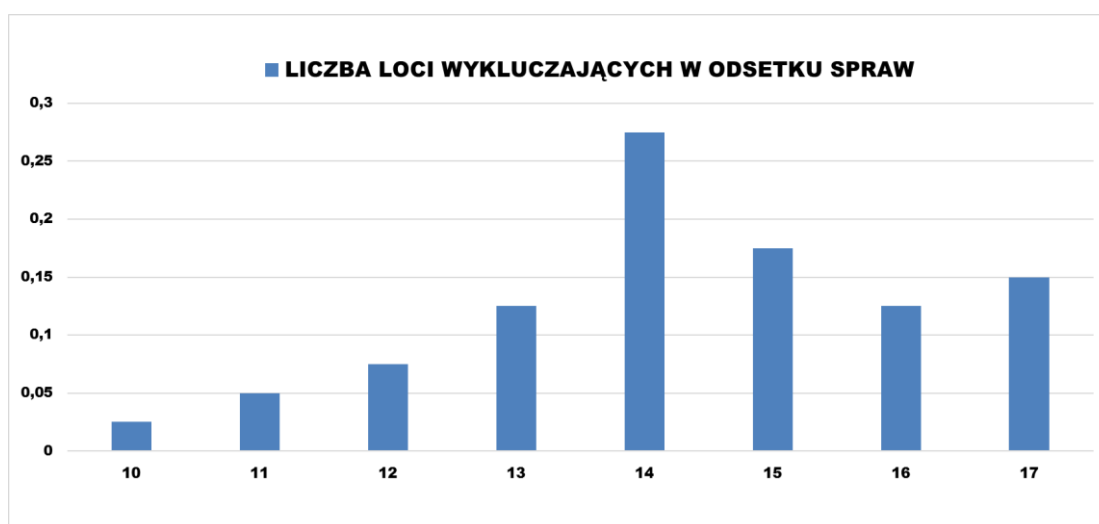
Rycina 55. Średnia wartość szansy ojcostwa dla każdego z 23 markerów systemu PowerPlex Fusion 6C uzyskana na podstawie analizy 100 spraw z potwierdzeniem ojcostwa.



Rycina 56. Zakresy całkowitej szansy ojcostwa – PI uzyskane podczas analizy 23 markerów systemu PowerPlex Fusion 6C w 100 sprawach z potwierdzeniem ojcostwa.



Rycina 57. Siła wykluczenia poszczególnych markerów systemu PowerPlex Fusion 6C w populacji Polski.



Rycina 58. Odsetek wykluczeń ojcostwa w 40 sprawach, uzyskanych w zakresie 10-17 markerów systemu PowerPlex Fusion 6C.

4.5 Analiza wskaźników mutacyjności

Analizie poddano łączną liczbę 270 mejoz odrodzielskich pochodzących z 156 spraw ojcostwa, w tym 114 mejoz odcjowskich (114 spraw z potwierdzeniem ojcostwa) oraz

156 mejoz odmatczyńnych (114 spraw z potwierdzeniem ojcostwa oraz 42 sprawy z wykluczeniem ojcostwa). Na podstawie zdobytych danych oceniono współczynniki mutacji w każdym z 23 badanych układów oraz dla całego zestawu autosomalnych markerów PowerPlex Fusion 6C.

Kompleksowa analiza mutacyjności 23 markerów autosomalnych zestawu PowerPlex Fusion 6C objęła 6210 mejoz odrodzicielskich (23 x 270), w tym 2622 mejoz odojcowskich (23 x 114) oraz 3588 mejoz odmatczyńnych (23 x 156).

Rozkład genotypów uzyskany podczas badań wskazuje na wystąpienie mutacji w 6 sprawach, w tym 3 o charakterze mutacji odmatczyńnych: 1 w markerze FGA, D7S820 i D10S1248 oraz kolejnych 3 o charakterze mutacji odojcowskich: 1 w markerze SE33, Penta E i D18S51.

Uzyskane wyniki posłużyły do obliczenia współczynników mutacji odmatczyńnych dla poszczególnych markerów i zestawu 23 markerów autosomalnych systemu PowerPlex Fusion 6C, które wynosiły odpowiednio:

- dla układu FGA = 1 mutacja/156 mejoz = $6,41 \times 10^{-3}$
- dla układu D7S820 = 1 mutacja/156 mejoz = $6,41 \times 10^{-3}$
- dla układu D10S1248 = 1 mutacja/156 mejoz = $6,41 \times 10^{-3}$
- dla zestawu 23 układów = 3 mutacje/3588 mejoz = $8,36 \times 10^{-4}$

W przebiegu analizy obliczono również współczynniki mutacji odojcowskich dla poszczególnych markerów oraz zestawu 23 markerów autosomalnych systemu PowerPlex Fusion 6C, które wynosiły odpowiednio:

- dla układu SE33 = 1 mutacja/114 mejoz = $8,77 \times 10^{-3}$
- dla układu Penta E = 1 mutacja/114 mejoz = $8,77 \times 10^{-3}$
- dla układu D18S51 = 1 mutacja/114 mejoz = $8,77 \times 10^{-3}$
- dla zestawu 23 układów = 3 mutacje/2622 mejoz = $1,14 \times 10^{-3}$

Kolejno obliczono wartości współczynników mutacji dla poszczególnych układów oraz zestawu 23 markerów systemu PowerPlex Fusion 6C:

- dla układu FGA = 1 mutacja/270 mejoz = $3,70 \times 10^{-3}$
- dla układu D7S820 = 1 mutacja/270 mejoz = $3,70 \times 10^{-3}$
- dla układu D10S1248 = 1 mutacja/270 mejoz = $3,70 \times 10^{-3}$
- dla układu SE33 = 1 mutacja/270 mejoz = $3,70 \times 10^{-3}$
- dla układu Penta E = 1 mutacja/270 mejoz = $3,70 \times 10^{-3}$
- dla układu D18S51 = 1 mutacja/270 mejoz = $3,70 \times 10^{-3}$

- dla zestawu 23 układów = 6 mutacji/6210 mejoz = $9,66 \times 10^{-4}$

Średnia wartość współczynnika mutacji dla pojedynczego układu systemu PowerPlex Fusion 6C wynosi zatem: 6 mutacji/6210 mejoz/23 markery = $4,2 \times 10^{-5}$.

5. Omówienie wyników i dyskusja

5.1 Analiza populacyjna i porównawcza

Profile genetyczne otrzymane za pomocą zestawu PowerPlex Fusion 6C mogą być rozpatrywane w systemie CODIS oraz ESS (European Standard Sets) wykorzystywanych przez organa śledcze, krótki czas analizy jest również dużym atutem. Genotypy ujawnione za pomocą tej metody doskonale sprawdzają się również w analizach populacyjnych [26].

Analizie populacyjnej poddano łączną liczbę 600 alleli pochodzących od 300 niespokrewnionych dorosłych przedstawicieli populacji polskiej, rozkład częstości alleli w 23 układach systemu PowerPlex Fusion 6C przedstawiono w tabeli 2. Badaną populację polską porównano następnie z innymi populacjami Europy i świata [44-56], zestawienie umieszczono w tabelach 3 - 26 i rycinach 3 - 38.

Na podstawie uzyskanych danych zawartych w tabeli 3 i rycinach 3 i 4 w układzie D3S1358 zaobserwowano 21 alleli w przedziale 9-21 powtórzeń, najczęstszymi allelami są 15, 16 i 17. Wśród badanych populacji uwagę zwraca dosyć duża częstość allela 15 w populacji Indian wynosząca 0,7134 w porównaniu z innymi populacjami. W populacji Indii zwraca uwagę obecność interalleli 14.3; 15.1; 15.2; 16.2 oraz 18.1 nie występujących w innych populacjach.

W układzie D10S1248 (tabela 4, rycina 5) zaobserwowano 13 alleli w zakresie 8-20 powtórzeń, z najczęstszym allelem 14. W populacji negroidalnej występuje większa częstość allela 17 w porównaniu z innymi populacjami. Spośród badanych populacja indiańska wyróżnia się dużo wyższą częstością alleli 14 i 15.

Dla markera D1S1656 (tabela 5, ryciny 6,7) zaobserwowano 26 alleli w przedziale 7.3-20.3, z najczęstszymi allelami 12, 15 i 16. W populacji Polski i populacji kaukaskiej z USA allel 18 nie występuje przy czym w innych populacjach jest on

obecny i przyjmuje częstości w zakresie: 0,001-0,05. W populacji Patagonii natomiast występują rzadkie interallele 7.3 i 8.3.

W układzie D2S441 (tabela 6, ryciny 8,9) odnotowano 20 alleli o ilości powtórzeń: 8-17, a najczęściej występującymi allelami są 10, 11 i 14. W populacji Meksyku interallel 14.1 występuje z częstością 0,1714 przy czym w innych populacjach allel ten osiąga bardzo niską częstość bądź nie występuje.

W badanym układzie D16S539 (tabela 7, rycina 10) zaobserwowano 15 alleli w przedziale powtórzeń: 6-15, przy czym najmniejszy allel 6 zaobserwowano w populacji Chin i Bangladeszu. Największym zróżnicowaniem alleli w tym układzie charakteryzuje się populacja Indii. Zanotowano stosunkowo wysoką częstość interallela 8.3 w populacji Indii i Bangladeszu podczas gdy w innych populacjach częstości tego interallela są niskie bądź nie występuje.

Układ D18S51 (tabela 8, ryciny 11,12) charakteryzuje się stosunkowo wysokim polimorfizmem, w badanych populacjach zaobserwowano 30 alleli o powtórzeniach: 6-27. Allelem najczęściej występującym jest allel 14. Najmniejsze allele 6 i 7 zaobserwowano tylko w populacji Chin. Natomiast największy allel 27 pojawił się w populacjach hiszpańskojęzycznych Amerykan, Chin oraz Japonii.

Kolejnym polimorficznym markerem jest Penta E (tabela 9, ryciny 13,14), w populacjach zaobserwowano 35 alleli w szerokim zakresie powtórzeń: 5-27,4. Uwagę zwraca obecność interallela 14.4 tylko w populacji Polski, z częstością 0,0017. Charakterystyczny jest również brak allela 5 w populacji Indian podczas gdy występuje on w innych populacjach.

Kolejnym analizowanym układem jest układ D21S1338 (tabela 10, rycina 15,16) z liczbą 22 alleli w przedziale powtórzeń: 10-34 z jednym interallelem – 20,3 zaobserwowanym tylko w populacji Indian. Najczęściej występującym allelem jest allel 19. Spośród badanych populacji najmniejszą różnorodność wykazuje populacja Meksyku.

W układzie Penta D (tabela 11, ryciny 17,18) zanotowano 22 allele z liczbą powtórzeń 2,2-18, allel 9 występuje najczęściej. W populacji negroidalnej Ameryki Północnej zaobserwowano interallel 6.4, w innych populacjach allel ten nie występuje. Rzadki interallel 13,4 zaobserwowano tylko w populacjach Polski i Indii.

W jednym z najmniej polimorficznych układów D13S317 (tabela 12, rycina 19) odnotowano 11 alleli w zakresie powtórzeń 6-15, z jednym interallelem

zaobserwowanym jedynie w populacji Chin. Najczęściej obserwowanym allelem jest allel 12. Natomiast największą różnorodność alleli wykazuje populacja Chin.

Układ vWA (tabela 13, rycina 20) charakteryzuje się rozkładem 14 alleli w przedziale 11-23 powtórzeń, z unikatowym interallelem 18.3 zaobserwowanym jedynie w populacji Timoru. Największy allel 23 został odnotowany w populacji hiszpańskojęzycznych Amerykanów, a najczęstszymi allelami są allel 16 i 17.

Dla markera D21S11 (tabela 15, ryciny 21,22) odnotowano 39 alleli z charakterystycznym rozkładem w przedziale 24.2-38. Interallel 24.3 występuje tylko w populacji negroidalnej, warto zauważyć bardzo wysoką częstość allela 30 w populacji Indian w porównaniu z innymi populacjami.

W układzie D7S820 (tabela 16, ryciny 23,24) zaobserwowano 21 alleli w przedziale 6-15 powtórzeń, przy czym największy allel 15 odnotowano w populacji Japonii. Natomiast interallel 12.3 występuje tylko w populacji Polski.

Układ D19S433 (tabela 17, ryciny 25,26) charakteryzuje się rozkładem 26 alleli w przedziale 7-20.2 powtórzeń, najmniejszy allel 7 odnotowano tylko w populacji Japonii. Rzadki interallel 13.1 zaobserwowano tylko w populacji Patagonii.

Dla markera CSF1PO (tabela 18, rycina 27) zaobserwowano 15 alleli w zakresie powtórzeń 6-22, natomiast najmniejszy allel 6 zaobserwowano w populacji negroidalnej. Rzadki allel 11.1 odnotowano tylko w populacji Chin.

W zakresie układu TH01 (tabela 19, rycina 28) odnotowano 10 alleli w przedziale 5-11 powtórzeń. W rozpatrywanych populacjach zwraca uwagę częstość allela 7 w populacji Polski, która przyjmuje wartości niższe niż średnia, natomiast w populacji Indian odnotowano wysoką częstość tego allela.

W kolejnym rozpatrywanym układzie D12S391 (tabela 20, ryciny 29,30) zaobserwowano 33 allele w zakresie: 12-28 powtórzeń, najmniejszy allel 12 odnotowano w populacji Japonii. Allel 28, który jest allelem najdłuższym zaobserwowano w populacji Włoch, natomiast rzadki interallel 15.1 zaobserwowano w populacji Patagonii.

Kolejnym bardzo polimorficznym układem jest FGA (tabela 21, ryciny 31,32), w jego zakresie zaobserwowano 45 alleli w przedziale 14-48.2 powtórzeń. Najmniejszy allel 14 obserwowano tylko w populacji Włoch, natomiast największy 48.2 w populacji negroidalnej.

Najbardziej polimorficznym układem spośród badanych jest układ SE33 (tabela 22, rycina 33,34) w którym odnotowano aż 61 alleli w bardzo szerokim zakresie 10-37. Na tle badanych populacji pod względem częstości poszczególnych alleli oraz występowaniem rzadkich alleli i interalleli najbardziej wyróżniają się populacja Indian i negroidalna.

W układzie D22S1045 (tabela 23, rycina 35) obserwowano 14 alleli w zakresie powtórzeń 8-20, allel 8 odnotowano w populacji negroidalnej, charakterystyczny jest brak allela 13 w populacji Indii.

Układ D8S1179 (tabela 24, rycina 36) charakteryzuje się rozkładem 14 alleli, w zakresie 7-18 powtórzeń, najmniejszy allel 7 odnotowano w populacji Japonii, charakterystyczny jest niewystępowanie allela 13 w populacji Indii.

Do układów mniej polimorficznych należy również układ TPOX (tabela 25, rycina 37), w którym odnotowano zaledwie 11 alleli w zakresie 5-14 powtórzeń, z jedynym interallelem obecnym w tylko w populacji Indii. Najmniejszy allel 5 odnotowano tylko w populacji Włoch.

Ostatnim rozpatrywanym układem w zakresie PowerPlex Fusion 6C, jest układ D5S818 (tabela 26, rycina 38), w obrębie którego odnotowano 14 alleli w przedziale powtórzeń 3-17, z jedynym interallelem 9.3 obecnym tylko w populacji Japonii. Natomiast allel 11 wykazuje większą częstość w populacji Indian niż w innych badanych populacjach.

Populacja Polski jest uznawana za jedną z najbardziej homogennych populacji Europy, a badania haplotypów chromosomu Y oraz mitochondrialnego DNA wskazują na wysoki stopień endogenności populacji polskiej [57]. Na podstawie uzyskanych wyników częstości i występowania rzadkich alleli i interalleli można stwierdzić odrębność populacji europejskich, azjatyckich oraz amerykańskich, przy czym największą odrębność wykazują populacja Indian i rasa negroidalna.

5.2 Analiza parametrów i przydatności

W oparciu o rozkład 600 alleli w próbie populacyjnej 300 dorosłych, niespokrewnionych osób obliczono zestaw parametrów, które zgodnie z obowiązującymi standardami, składają się na charakterystykę genetyczną populacji oraz określają przydatność badanego multipleksu w badaniach z zakresu genetyki sądowej

[14,58] i zestawiono je w tabeli 27 . Uzyskany rozkład genotypów wskazuje na stan równowagi Hardy'ego i Weinberga (HWE) w badanej populacji. Wartości wskaźników inbrodu pokazane w 27 znajdują się w zakresie -0,0533 do 0,0629, ze średnią wartością 0,0014. Jest to wynik znacznie niższy od 0,01 czyli wartości granicznej tego współczynnika jaką rekomenduje FBI [59].

Jak wynika z przeprowadzonych obliczeń zebranych w tabeli 27 najwyższe wskaźniki zmienności w zakresie heterozygotyczności, siły dyskryminacji, zmienności genowej, siły wyłączenia, indeksu ojcostwa, wskaźnika polimorfizmu oraz najniższe wartości prawdopodobieństwa przypadkowej zgodności odnotowano kolejno dla loci: SE33, D12S391, D2S1338, D1S1656, D18S51, Penta E, FGA, Penta D oraz D21S11. Otrzymane wyniki wskazują na dużą przydatność wyżej wymienionych markerów w zakresie badań genetyki sądowej. Markerami, które dają najmniejszą wartość dowodową są TPOX, D16S539, CSF1PO, D5S818 i D22S1045.

Z przeprowadzonej analizy wynika, że najwyższe wartości parametrów przydatności korelują z najniższymi wartościami częstości populacyjnych najczęstszego allele (MAF).

Otrzymane wartości parametrów przydatności markerów w populacji Polski zestawiono z dostępnymi danymi dla populacji Włoch [44], Indii [46], Chin [47], Bangladeszu [48], Korei [49], Japonii [50], Filipin [51], Timoru[52], Patagonii [53], Paragwaju [54], Meksyku [55] i Zielonego Przylądka [56]. Na rycinach 41,42 przedstawiono porównanie bardzo istotnego parametru jakim jest heterozygotyczność obserwowana. W większości analizowanych populacji parametr ten uzyskał wysokie wartości w zakresie 70-94%, w niemal wszystkich układach poza układem TH01, gdzie wartości w różnych populacjach wynosiły ok 63 % co wskazuje na małą polimorficzność tego markera. Znaczne rozbieżności zaobserwowano w układzie D3S1358 w populacjach europejskich heterozygotyczność przyjmuje średnie wartości na poziomie ok 80 %, podczas gdy w populacjach azjatyckich i amerykańskich wynosi on średnio 72 %.

Kolejnym ocenianym parametrem jest siła dyskryminacji (PD), która jest jednym z kluczowych parametrów stosowanych w genetyce sądowej. Jest to prawdopodobieństwo iż dwie losowo wybrane osoby z populacji będą posiadały odrębny zestaw cech [14]. Na rycinach 45,46 przedstawiono wyniki analizy, do układów wykazujących najwyższe wartości należą D1S1656, Penta E, D18S51, D2S1338 oraz SE33. Największe rozbieżności wystąpiły w układzie D22S1045

5.3 Analiza dystansów i filogenezy

Uzyskane rozkłady cech dla badanej populacji Polski w zestawieniu z populacjami: Włoch, Filipin, Bangladeszu, Korei, Chin, Japonii, Indii, Patagonii, Paragwaju, Meksyku, Indian, hiszpańskojęzycznych Amerykanów, rasy kaukaskiej i negroidalnej z Ameryki, Wysp Zielonego Przylądka [44-56], posłużyły do zaprojektowania matrycy odległości genetycznych dzielących analizowane populacje. Na jej podstawie wykreślono radialne drzewko (przedstawione na rycinie 52) z użyciem metody przyłączania sąsiada. Gałęzie drzewa radialnego łączącego analizowane populacje pokazują iż najdłuższe dystanse genetyczne dzielą populację Polski od populacji Indian i rasy negroidalnej z USA. Mniejsze dystanse w stosunku do populacji Polski wykazują kolejno populacje: Timoru, Filipin, Japonii, Chin, Korei, Wysp Zielonego Przylądka, Meksyk, następnie populacja Indii, Bangladeszu, Patagonii, Paragwaju i hiszpańskojęzycznych Amerykanów. Zdecydowanie namniejsze odległości dzielą populację Polski, Włoch i populacja rasy kaukaskiej Ameryki Północnej. Genetyczne dystanse ukazano również na filogramie (rycina 53), który potwierdza odrębność poszczególnych populacji, z których największą wykazują populacje Indian i rasy negroidalnej Ameryki Północnej.

5.4 Analiza spraw ojcostwa

Na podstawie analizy 100 spraw z potwierdzeniem oraz 40 spraw z wykluczeniem ojcostwa, zanalizowano przydatność multipleksowego zestawu PowerPlex Fusion 6C. Wyżej wymienione sprawy zaopiniowano stosując się do obowiązujących standardów. Wykluczono ojcostwo na podstawie co najmniej 4 niezależnych układów oraz w innych sprawach potwierdzono ojcostwo z prawdopodobieństwem ojcostwa obliczonym zgodnie z formułą Essen-Möllera, przekraczającym 99,9999%, co daje wynik całkowitej szansy ojcostwa na poziomie 1 000 000 000 [60]. Na rycinie 55 przedstawiono średnie wartości indeksu ojcostwa dla poszczególnych układów systemu PowerPlex Fusion 6C. Najbardziej przydatnymi w sprawach z potwierdzeniem ojcostwa

układami zestawu są układy SE33, Penta E oraz Penta D, wykazujące najwyższe wartości indeksu ojcostwa. Najmniejsze wartości tego parametru wykazują układy: CFF1PO, TH01 i TPOX.

W badanych sprawach najmniejsza wartość całkowitej szansy ojcostwa wynosiła: $2,0 \times 10^{-9}$, natomiast maksymalna wartość wyniosła $1,15 \times 10^{16}$, co znacznie przekracza wartość progową prawdopodobieństwa umożliwiającą wydanie opinii potwierdzającej ojcostwo, wynoszącą 99,9999%. Na rycinie 56 przedstawiono rozkład całkowitej szansy ojcostwa w 100 analizowanych sprawach najwięcej wyników mieści się w zakresie 10^{11} - 10^{13} , co znacznie przekracza wartość progową całkowitej szansy ojcostwa umożliwiającą wydanie opinii potwierdzającej ojcostwo.

Na podstawie ryciny 57 przedstawiającej wartości siły wykluczenia (PE) dla poszczególnych układów można zaobserwować iż najwyższymi wartościami tego parametru charakteryzują się układy: SE33, D12S391, D2S1338, D1S1656 i Penta E rzędu 70-85%, natomiast najmniejsze wartości wykazują układy: D16S539, CSF1PO i TPOX (10-33%). Natomiast łączna siła wykluczenia dla zestawu 23 markerów wynosi: 0,999999998990.

Rycina 58 przedstawia liczbę loci wykluczających na podstawie 40 spraw z wykluczeniem ojcostwa. W badanych sprawach wykluczono ojcostwo na podstawie niezgodności w 10-17 układach. Najwięcej wykluczeń stwierdza się aż w 14 układach, co daje wynik znacznie przekraczający liczbę 4 układów, jaka potrzebna jest do wydania opinii wykluczającej ojcostwo.

5.5 Analiza wskaźników mutacyjności

Kolejną z pożądanych cechą markerów w zestawach multipleksowych (poza wysokimi wartościami PD i PE) jest niski współczynnik mutacyjności, preferowany na poziomie poniżej 3×10^{-3} . Poziom ten odpowiada przeciętnej częstości występowania mutacji w obrębie tetranukleotydowych markerów STR [61].

Zanalizowano 114 spraw z potwierdzeniem ojcostwa i 42 sprawy z wykluczeniem ojcostwa, podczas analizy wyodrębniono 6 mutacji: 3 odmatczyne w układach FGA, D7S8220 i D10S1248 oraz 3 odojcowskie w układach: SE33, Penta E i D18S51.

Wartości współczynników mutacji wynosiły dla markerów SE33, Penta E i D18S51: $8,77 \times 10^{-3}$, natomiast dla markerów FGA, D7S8220 i D10S1248: $3,70 \times 10^{-3}$, a współczynnik mutacyjności 23 układów systemu PowerPlex Fusion 6C wyniósł $9,66 \times 10^{-4}$, który jest znacznie niższy od preferowanego. Wartość dla średniego wskaźnika mutacji dla pojedynczego układu wynosi $4,2 \times 10^{-5}$, zatem nie przekracza wartości dopuszczalnego poziomu mutacyjności.

8. Piśmiennictwo:

1. Sewell J., Quinones I., Ames C., Multaney B., Curtis S., Seeboruth H., Moore S., Daniel B.: Recovery of DNA and fingerprints from touched documents. *Forensic Sci. Int. Genet.* 2008, 2, 281-285
2. Jacewicz R.: Badanie polimorfizmu DNA u osób po allogenicznym przeszczepie komórek macierzystych hematopoezy w aspekcie jego konsekwencji dla analiz z zakresu genetyki sądowej. Rozprawa habilitacyjna, Pracownia Genetyki Sądowej Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego w Łodzi, Biuro Promocji i Wydawnictw UM w Łodzi, 2009
3. Camp F. R.: Forensic serology in the United States – 1. Blood grouping and blood transfusion: Historical aspects. *American Journal of Forensic Medicine and Pathology*, 1980, 1, 47-55
4. Drewna G., Ferenc T.: Genetyka medyczna podręcznik dla studentów, W: Zastosowanie technik biologii molekularnej w medycynie sądowej, Elsevier Urban&Partner, Wrocław, 2011, 765-782
5. Bloch W.: A biochemical perspective of the polymerase chain reaction, *Biochemistry*, 1991, 30, 2735-2747
6. Butler J.M., NIST. Fundamentals of forensic DNA typing. Amsterdam: Academic Press, Elsevier, 2010
7. Młodziejowski B., Sołtyszewski I.: Ślady biologiczne. W: Ślady kryminalistyczne. Ujawnianie, zabezpieczanie, wykorzystanie. Goc M., Moszczyński J. (red.) Centrum Doradztwa i Informacji Difin, Warszawa 2007, 110-185
8. Bond J.W., Hammond C.: The value of DNA material recovered from crime scenes, *J. Forensic Sci.* 2008, 53, 797-801
9. Słomski R.: Analiza DNA – Teoria i praktyka; Wydawnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, 2008, 44-54
10. A&A Biotechnology, Sherlock AX. Uniwersalny zestaw do izolacji DNA ze śladów biologicznych oraz trudnych prób. Protokół (wersja 1115), Gdynia, Polska

11. Auton A., Brooks L. D., Durbin R. M., Garrison E. P., Kang H. M., Korbel J. O., Marchini J. L., McCarthy S., McVean G. A., Abecasis G. R.: A global reference for human genetic variation, *Nature*, 2015; 526(7571):68-74
12. Venter J. C., Adams M. D., Myers E. W. iwspółaut.: The sequence of the human genome., *Science*, 2001, 291, 1304-1351
13. Korytko M., Łaczmńska I.: Sekwencje mikrosatelitarne i ich wykorzystanie w diagnostyce medycznej, *Kosmos problemy nauk biologicznych*, 2016; 65(310):11-16
14. Butler J. M.: Short tandem repeat typing technologies used in human identity testing, *BioTechniques*, 2007, 43(4), Sii-Sv
15. Budowle B., iwspółaut.: CODIS and PCR-based short tandem repeat loci: law enforcement tools. In: *Proceedings of the second european symposium on human identification Madison*, Promega Corporation, 1998, 73-88
16. cstl.nist.gov/biotech/strbase/intro.htm, dostęp dnia 28.07.2017
17. Budowle B., van DaalA. :Forensically relevant SNP classes, *Biotechniques*, 2008 ;44(5):603-8, 610
18. Amorim A., Pereira L.: Pros and cons in the use of SNPs in forensic kinship investigation: a comparative analysis with STRs, *Forensic Sci Int.*, 2005;150(1):17-21
19. Murthy V., Jia L. F., Samuel V. P., Kademane K.: Forensic Identification by Using Insertion-deletion Polymorphisms, *Int J Hum Genet.*, 2015, 15(2): 55-59
20. Pereira R., Phillips C., Alves C., Amorim A., Carracedo A., Gusma L.: Insertion/deletion polymorphisms: A multiplex assay and forensic applications, *Forensic Sci Int Genet*, 2009, *Genetics Supplement Series* 2,513–515
21. Goodwin W., Linacre A., Hadi S.: *An introduction to Forensic Genetics*, John Wiley & Sons Ltd, England, 2007, 39-40
22. Butler J.: *Forensic DNA Typing, Second Edition: Biology, Technology, and Genetics of STR Markers*. Elsevier Academic Press, UK 2005, pp. 33-121
23. Smith P. J., Ballantyne J.: Simplified low-copy-number DNA analysis by post-PCR purification. *J. Forensic Sci.* 2007, 52, 820-829
24. Słomski R.: *Analiza DNA – Teoria i praktyka*; Wydawnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, 2008, 65-80

25. Madabhushi R.: DNA Sequencing in Noncovalently Coated Capillaries Using Low Viscosity Polymer Solutions, *Methods in Molecular Biology*, 2001, 163, 309-315
26. Promega Corporation, PowerPlex® Fusion 6C System for Use on the Applied Biosystems® Genetic Analyzers, Technical Manual, Madison, USA
27. Edwards M. C., & Gibbs R. A.: Multiplex PCR: Advantages, development, and applications, *PCR Methods and Applications*, 1994, 3, 65-75
28. Ensenberger M.G., Lenz K. A., Matthies L. K., Hadinoto G. M., Schienman J.E., Przech A. J., Morganti M. W., Renstrom D. T., Baker V. M., Gawrys K.M., Hoogendoorn M., Steffen C. R., Martín P., Alonso A., Olson H. R., Sprecher C.J., Storts D. R.: Developmental validation of the PowerPlex(®) Fusion 6C System, *Forensic Sci Int Genet.* 2016;21:134-44
29. PowerQuant™ System. Instructions for Use of Products PQ5002 and PQ5008. Technical Manual. 2015 Promega Corporation, Madison, USA
30. Bär W, Brinkmann B, Budowle B, Carracedo A, Gill P, Lincoln P, Mayr W, Olaisen B.: DNA recommendations. Further report of the DNA Commission of the ISFH regarding the use of short tandem repeat systems. *International Society for Forensic Haemogenetics, Int J Legal Med.* 1997; 110(4): 175-176
31. (NIST STRbase) <http://www.cstl.nist.gov/strbase/multiplx.htm> Ruitberg C.M., Reeder D. J., Butler J. M.: STRBase: a short tandem repeat DNA database for the human identity testing community. *Nucleic Acids Res.* 2001; 29(1): 320-322
32. Lewis, P. O. and Zaykin D. Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. 2001. GDA version 1.0 (d16c) <http://en.bio-soft.net/dna/gda.html>
33. Guo S. W., Thompson E. A. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics.* 1992; 48: 361-372
34. Zaykin D, Zhivotovsky L, Weir B. S. Exact tests for association between alleles at arbitrary numbers of loci. *Genetica.* 1995; 96(1-2):169-178
35. Bland J. M., Altman DG Multiple significance tests: the Bonferroni method. *BMJ* 1995; 310(6973): 170
36. Weir B. S., Estimating F-statistics: A historical view. *Philos Sci.* 2012; 79(5): 637-643

37. Wright S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*. 1965; 19: 395–420
38. Liu J, Muse S. V.:PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*. 2005; 21(9): 2128-2129
39. Weir B. S.: *Genetic Data Analysis II*. Sinauer Associates Inc., Sunderland, MA, 1996
40. Tereba A, Promega Corporation. Tools for analysis of population statistics. *Profiles in DNA*. Promega. 1999; 2(3):14-16
41. Reynolds J, Weir B. S, Cockerham C. C. *Genetics*. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. 1983; 105(3): 767-779
42. Page R. D. TreeView: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Comput. Appl. Biosci*. 1996; 12(4): 357-358
43. STATISTICA StatSoft, Inc. 2016. (data analysis software system), version 12.5. www.statsoft.com.
44. Turrina S., Ferriani M., Caratti S., De Leo D.: Evaluation of genetic parameters of 22 autosomal STR loci (PowerPlex® Fusion System) in a population sample from Northern Italy, *Int J Legal Med*. 2014 ;128(2):281-3
45. Moretti T. R., Moreno L. I., Smerick J. B., Pignone M. L., Hizon R., Buckleton J.S., Bright J. A., Onorato A. J.:Population data on the expanded CODIS core STR loci for eleven populations of significance for forensic DNA analyses in the United States, *Forensic Sci Int Genet*. 2016;25:175-181
46. Singh M., Nandineni M. R.: Population genetic analyses and evaluation of 22 autosomal STRs in Indian populations, *Int J Legal Med*. 2017 ;131(4):971-973
47. Hongdan W., Bing K., Ning S., Miao H., Bo Z., Yuxin G., Bofeng Z., Shixiu L., Zhaoshu Z.:Evaluation of the genetic parameters and mutation analysis of 22 STR loci in the central Chinese Han population, *Int J Legal Med*. 2017;131(1):103-105
48. Hossain T., Hasan M., Mazumder A. K., Momtaz P., Sufian A., Khandaker J. A., Akhteruzzaman S.: Genetic polymorphism studies on 22 autosomal STR loci of the PowerPlex Fusion System in Bangladeshi population, *Leg Med (Tokyo)*. 2016 Nov;23:44-46
49. Park H. C., Kim K., Nam Y., Park J., Lee J., Lee H., Kwon H., Jin H., Kim W., Kim W., Lim S.: Population genetic study for 24 STR loci and Y indel

- (GlobalFiler™ PCR Amplification kit and PowerPlex® Fusion system) in 1000 Korean individuals, *Leg Med (Tokyo)*. 2016 ;21:53-7
50. Fujii K., Iwashima Y., Kitayama T., Nakahara H., Mizuno N., Sekiguchi K.: Allele frequencies for 22 autosomal short tandem repeat loci obtained by PowerPlex Fusion in a sample of 1501 individuals from the Japanese population, *Leg Med (Tokyo)*. 2014 ;16(4):234-7
 51. Rodriguez J. J., Salvador J. M., Calacal G. C., Laude R. P., Corazon De Ungria M. A. : Allele frequencies of 23 autosomal short tandem repeat locI in the Philippine population, *Legal Medicine* 17 (2015) 295–297
 52. Souto L., Tavares F., Moreira H., Corte-Real F.: Evaluation of the PowerPlex Fusion System in a sample from East Timor, *Forensic Sci Int Genet*. 2013; 4(1):105-106
 53. Parolin M. L., Real L. E., Martinazzo L. B. , Basso N. G.: Population genetic analyses of the Powerplex(®) Fusion kit in a cosmopolitan sample of Chubut Province (Patagonia Argentina), *Forensic Sci Int Genet*. 2015;19:221-2
 54. Carlos V., Rotondo M., Daguerra N., Quiroz A., Velazquez V., Machado P., Serra H., Borosky A.: Genetic polymorphism of 22 autosomal STR markers in Paraguay, *Forensic Science International: Genetics*, 2016, 25:16-17
 55. Ramos-González B., Aguilar-Velázquez J. A., Chávez-Briones M. de L., Delgado-Chavarría J. R., Alfaro-Lopez E., Rangel-Villalobos H.: Population data of 24 STRs in Mexican-Mestizo population from Monterrey, Nuevo Leon (Northeast, Mexico) based on Powerplex(®) Fusion and GlobalFiler(®) kits, *Forensic Sci Int Genet*. 2016 ;21:e15-7
 56. Resende A., Amorim A., da Silva C. V., Ribeiro T., Porto M. J., Costa Santos J., Afonso Costa H.: Study of genetic markers of CODIS and ESS systems in a population of individuals from Cabo Verde living in Lisboa, *Int J Legal Med*. 2017 ;131(1):119-121
 57. Od Praindoeuropejczyków do Słowian i Polaków. Genealogia genetyczna Y-DNA, mtDNA, autosomalna.
http://www.tropie.tarnow.opoka.org.pl/pol_slavs.htm
<http://www.tropie.tarnow.opoka.org.pl/polacy.htm>
 58. Schneider P. M. Scientific standards for studies in forensic genetics. *Forensic Sci Int*. 2007; 165(2-3): 238-243

59. National Research Council (U.S.). Committee on DNA Forensic Science: an Update. National Research Council (U.S.). Commission on DNA Forensic Science: An Update. The evaluation of forensic DNA evidence, National Academy Press, Washington, D.C. 1996
60. Komisja Genetyki Sądowej Polskiego Towarzystwa Medycyny Sądowej i Kryminologii. Zasady atestacji laboratoriów genetycznych przy Polskim Towarzystwie Medycyny Sądowej i Kryminologii na lata 2014-2015 <http://www.ptmsik.pl/komisja-genetyki-sadowej/zasady-atestacji-na-lata-20142015.html>
61. Hares D. R. Expanding the CODIS core loci in the United States. *Forensic Sci Int Genet.* 2012; 6(1): e52-54

9. Spis tabel

Tabela 1 Charakterystyka markerów STR wchodzących w skład multipleksu PowerPlex Fusion 6C.

Tabela 2 Częstości alleli w obrębie 23 markerów zawartych w systemie PowerPlex Fusion 6C w próbie populacyjnej 300 niespokrewnionych osób z populacji polskiej.

Tabela 3 Proporcje rozkładu alleli układu D3S1358 [44-56]

Tabela 4 Proporcje rozkładu alleli układu D10S1248 [44-56]

Tabela 5 Proporcje rozkładu alleli układu D1S1656 [44-56]

Tabela 6 Proporcje rozkładu alleli układu D2S441 [44-56]

Tabela 7 Proporcje rozkładu alleli układu D16S539 [44-56]

Tabela 8 Proporcje rozkładu alleli układu D18S51 [44-56]

Tabela 9 Proporcje rozkładu alleli układu Penta E [44-56]

Tabela 10 Proporcje rozkładu alleli układu D2S1338 [44-56]

Tabela 11 Proporcje rozkładu alleli układu Penta D [44-56]

Tabela 12 Proporcje rozkładu alleli układu D13S317 [44-56]

Tabela 13 Proporcje rozkładu alleli układu vWA [44-56]

Tabela 15 Proporcje rozkładu alleli układu [44-56]

Tabela 16 Proporcje rozkładu alleli układu D7S820 [44-56]

Tabela 17 Proporcje rozkładu alleli układu D19S433 [44-56]

Tabela 18 Proporcje rozkładu alleli układu CSF1PO [44-56]

Tabela 19 Proporcje rozkładu alleli układu TH01 [44-56]

Tabela 20 Proporcje rozkładu alleli układu D12S391 [44-56]

Tabela 21 Proporcje rozkładu alleli układu FGA [44-56]

Tabela 22 Proporcje rozkładu alleli układu SE33 [45,49,55]

Tabela 23 Proporcje rozkładu alleli układu D22S1045 [44-56]

Tabela 24 Proporcje rozkładu alleli układu D8S1179 [44-56]

Tabela 25 Proporcje rozkładu alleli układu TPOX [44-56]

Tabela 26 Proporcje rozkładu alleli układu D5S818 [44-56]

Tabela 27 Zestawienie parametrów statystycznych dla 23 badanych markerów, całego multipleksu PowerPlex Fusion 6C oraz charakterystyka analizowanej populacji w oparciu o standardy ISFG

10 Spis rycin

Rycina 1 Przykładowy profil osoby ujawniony za pomocą zestawu PowerPlex Fusion 6C

Rycina 2 Wzorzec wielkości WEN zastosowany do oznaczenia markerów STR w zakresie 23 markerów autosomalnych z zestawu PowerPlex Fusion 6C znakowany 5 barwnikami fluorescencyjnymi [26]

Rycina 3,4 Proporcje rozkładu alleli układu D3S1358 [44 – 56]

Rycina 5 Proporcje rozkładu alleli układu D10S1248 [44 – 56]

Rycina 6,7 Proporcje rozkładu alleli układu D1S1656 [44 – 56]

Rycina 8,9 Proporcje rozkładu alleli układu D2S441 [44 – 56]

Rycina 10 Proporcje rozkładu alleli układu D16S539 [44 – 56]

Rycina 11,12 Proporcje rozkładu alleli układu D18S51 [44 – 56]

Rycina 13,14 Proporcje rozkładu alleli układu Penta E [44 – 56]

Rycina 15,16 Proporcje rozkładu alleli układu D2S1338 [44 – 56]

Rycina 17,18 Proporcje rozkładu alleli układu Penta D [44 – 56]

Rycina 19 Proporcje rozkładu alleli układu D13S317 [44 – 56]

Rycina 20 Proporcje rozkładu alleli układu vWA [44 – 56]

Rycina 21,22 Proporcje rozkładu alleli układu D21S11 [44 – 56]

Rycina 23,24 Proporcje rozkładu alleli układu D7S820 [44 – 56]

Rycina 25,26 Proporcje rozkładu alleli układu D19S433 [44 – 56]

Rycina 27 Proporcje rozkładu alleli układu CSF1PO [44 – 56]

Rycina 28 Proporcje rozkładu alleli układu TH01 [44 – 56]

Rycina 29,30 Proporcje rozkładu alleli układu D12S391 [44 – 56]

Rycina 31,32 Proporcje rozkładu alleli układu FGA [44 – 56]

Rycina 33,34 Proporcje rozkładu alleli układu SE33 [45,49,55]

Rycina 35 Proporcje rozkładu alleli układu D22S1045 [44 – 56]

Rycina 36 Proporcje rozkładu alleli układu D8S1179 [44 – 56]

Rycina 37 Proporcje rozkładu alleli układu TPOX [44 – 56]

Rycina 38 Proporcje rozkładu alleli układu D5S818 [44 – 56]

Rycina 39 Porównanie wartości heterozygotyczności obserwowanej

Rycina 40 Porównanie PD i PE w populacji Polski

Rycina 41,42 Heterozygotyczność obserwowana

Rycina 43,44 Prawdopodobieństwo przypadkowej zgodności - MP

Rycina 45,46 Siła dyskryminacji PD

Rycina 47,48 Wskaźnik informujący o polimorfizmie

Rycina 49,50 Siła wykluczenia PE

Rycina 51 Typowy indeks ojcostwa

Rycina 52 Radialne drzewo zaprojektowane na podstawie dystansu genetycznego dzielącego populację Polski od innych populacji świata z zastosowaniem metody NJ uzyskany w oparciu o rozkład cech 23 markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C

Rycina 53 Filogram zaprojektowany na podstawie dystansu genetycznego dzielącego populację Polski od innych populacji świata z użyciem metody UPGMA uzyskany w oparciu o rozkład cech 23 markerów zestawu PowerPlex Fusion 6C.

Rycina 54 Skalowanie wielowymiarowe przedstawiające dystans genetyczny pomiędzy populacją Polski a innymi populacjami na wykresie dwuwymiarowym, uzyskane na podstawie rozkładu cech 23 markerów systemu PowerPlex Fusion 6C w programie STATISTICA v.12.5

Rycina 55 Średnia wartość szansy ojcostwa dla poszczególnych układów

Rycina 56 Całkowita szansa ojcostwa

Rycina 57 Siła wykluczenia populacja Polski

Rycina 58 Liczba loci wykluczających w 40 sprawach z wykluczeniem ojcostwa