



Praca oryginalna
Original paper

Monika Anna Wójcik, Małgorzata Skawrońska, Anna Niemcunowicz-Janica, Witold Pepiński

Analiza wykluczeń ojcostwa w materiale Zakładu Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku w latach 2008–2017

Analysis of paternity exclusions in the material collected by the Department of Forensic Medicine, Medical University of Białystok in 2008–2017

Zakład Medycyny Sądowej, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Polska
Department of Forensic Medicine, Medical University of Białystok, Poland

Streszczenie

Cel pracy: Celem pracy była analiza częstości i struktury wykluczeń ojcostwa na podstawie materiału zgromadzonego w Zakładzie Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku w latach 2008–2017.

Materiał i metody: Dokonano analizy dokumentacji obejmującej wyniki testów ojcostwa w trójkach: domniemany ojciec–dziecko–matka. Ocenie poddano 958 spraw, wśród których 187 stanowiły wykluczenia. Analiza opierała się na wynikach badań, w czasie których dokonano ekstrakcji DNA przy użyciu zestawów QIAamp DNA Mini Kit (Qiagen) i oznaczenia ilościowego DNA za pomocą zestawu Quantifiler Human DNA Quantification Kit w aparacie 7500 Real-Time PCR System (Applied Biosystems). Próbkę DNA amplifikowano w zakresie markerów zestawu AmpFLSTR Identifiler PCR Amplification Kit w termocyklerze PCR System 9700 (Applied Biosystems).

Wyniki: W analizowanym okresie zanotowano blisko dwukrotny spadek liczby testów ojcostwa, natomiast odsetek wykluczeń w poszczególnych latach ulegał znacznym fluktuacjom (33,9–13,3%), osiągając średnią 26,3%. Najwyższą obserwowaną skuteczność wykluczania wykazały układy D18S51 (0,7166) i FGA (0,7059), najniższą – TPOX (0,3048).

Wnioski: Zastosowany zestaw markerów okazał się skutecznym narzędziem w genetycznych testach ojcostwa w kontekście przyjętych reguł wykluczania.

Słowa kluczowe: wykluczenie ojcostwa, *loci* STR, AmpFLSTR Identifiler Plus.

Abstract

Aim of the study: Analysis of frequency and structure of paternity exclusions in the material collected by the Department of Forensic Medicine, Medical University of Białystok in 2008–2017.

Material and methods: The paper is based on paternity test reports involving alleged father-child-mother trios. In a total of reviewed 958 cases, 187 exclusions were identified. The analysis was carried out on the basis of the results of DNA tests. DNA extraction was performed using QIAamp DNA Mini Kit (Qiagen) and DNA quantitation using Quantifiler Human DNA Quantification Kit and 7500 Real-Time PCR System (Applied Biosystems). AmpFLSTR Identifiler PCR Amplification Kit and a PCR System 9700 thermal cycler (Applied Biosystems) were used for DNA amplification.

Results: Over the analyzed period, the number of paternity tests was nearly halved, whereas the percentage of exclusions in individual years varied significantly (33.9–13.3%), with the average of 26.3%. The highest efficiency of exclusions was observed for D18S51 (0.7166) and FGA (0.7059), and the least effective system was TPOX (0.3048).

Conclusions: The applied set of markers has been demonstrated to be an efficient tool in genetic paternity tests in the context of the recommended rules of exclusion.

Key words: paternity exclusion, STR loci, AmpFISTR Identifiler Plus.

Wstęp

Ojcostwo wiąże się ze szczególnymi konsekwencjami emocjonalnymi, prawnymi oraz finansowymi. Obowiązująca do dziś reguła prawna, tzw. zasada domniemania ojcostwa męża matki, pochodzi od starożytnych Rzymian, którzy mawiali: *Mater semper certa est, pater est, quem nuptiae demonstrant*, czyli „Matka zawsze jest znana, ojcem jest ten, na kogo wskazuje (związek małżeński)”. Przez wiele lat wiarygodna weryfikacja ojcostwa nie była możliwa, dopiero na przełomie lat 80. i 90. XX w. zaczęto stosować metody oparte na analizie DNA, które stały się skutecznym narzędziem badawczym. Najczęściej testy mające na celu ustalenie ojcostwa są przeprowadzane w postępowaniu sądowym i polegają na skierowaniu ojca i dziecka na badania DNA. Możliwe jest również uzyskanie takiej opinii prywatnie i złożenie jej w sądzie w trakcie postępowania.

Przepisy dotyczące uznania ojcostwa zawierają art. 73–83 Kodeksu rodzinnego i opiekuńczego (k.r.o.). Zgodnie z art. 73 § 1 uznanie ojcostwa następuje, gdy mężczyzna, od którego dziecko pochodzi, oświadczy przed kierownikiem urzędu stanu cywilnego, że jest ojcem dziecka, a matka dziecka potwierdzi jednocześnie albo w ciągu trzech miesięcy od dnia oświadczenia mężczyzny, że jest on ojcem dziecka. Według art. 78 § 1 mężczyzna, który uznał ojcostwo, może złożyć wniosek o ustalenie bezskuteczności uznania w terminie sześciu miesięcy od dnia, w którym dowiedział się, że dziecko nie pochodzi od niego. W razie uznania ojcostwa przed urodzeniem się dziecka bieg tego terminu nie może rozpocząć się przed jego narodzinami. Przepisy o ustaleniu bezskuteczności uznania ojcostwa stosuje się odpowiednio do matki dziecka, która potwierdziła ojcostwo (art. 79). Z kolei art. 81 § 1 stanowi, że dziecko może żądać ustalenia bezskuteczności uznania ojcostwa, jeżeli uznający mężczyzna nie jest jego ojcem. Może ono wystąpić z tym żądaniem

Introduction

Paternity involves a number of unique emotional, legal, and financial consequences. The legal rule still in force today is the so-called presumption of paternity principle, indicating that the mother's husband is the father. The rule was formulated by the ancient Romans, who used to say: *Mater semper certa est, pater est, quem nuptiae demonstrant* – “The mother is certain, the father is he to whom marriage points”. For many years reliable verification of paternity had not been possible. It was not in the late 1980s/early 1990s that methods based on DNA analysis were first applied, quickly becoming an efficient testing tool. Paternity tests are usually performed as part of court proceedings, whereby the alleged father and the child are referred for DNA tests. Some people choose to do such tests on a private basis and then submit the results to the court.

Polish regulations on the recognition of paternity are stipulated in Articles 73–83 of the Family and Guardianship Code. Pursuant to Article 73(1), recognition of paternity takes place when the man who allegedly fathered the child acknowledges the paternity in the presence of a superintendent registrar and the child's mother confirms that claim either at the same time, or at any time within three months afterwards. On the other hand, pursuant to Article 78(1), a man who has acknowledged the paternity may submit an application for invalidating that acknowledgement within six months after learning that the child is not his. If paternity has been acknowledged prenatally, the above period will not begin until the child is born. The provisions on invalidating the acknowledgement of paternity apply by reference to the mother of the child who has confirmed paternity (Article 79). Article 81(1) stipulates that the child may demand that the acknowledgement of paternity be declared ineffective if the acknowledging man is not his/her father. Such a demand may be made by

po dojściu do pełnoletności, nie później jednak niż w ciągu trzech lat od jej osiągnięcia (§ 2).

Zgodnie z art. 67 zaprzeczenie ojcostwa następuje przez wykazanie, że mąż matki nie jest ojcem dziecka. Jeżeli dziecko urodziło się po upływie 180 dni od zawarcia małżeństwa, a przed upływem 300 dni od jego ustania lub unieważnienia, obalenie domniemania ojcostwa może nastąpić wyłącznie przez wykazanie niepodobieństwa nie tylko na podstawie przesłuchania stron, lecz także dowodów w postaci DNA. Nie jest to dopuszczalne, jeżeli dziecko urodziło się w następstwie procedury medycznie wspomaganego prokreacji, na którą mąż matki wyraził zgodę (art. 68). Powództwo o zaprzeczenie ojcostwa może wytoczyć również matka dziecka w ciągu sześciu miesięcy od urodzenia dziecka oraz samo dziecko w ciągu trzech lat od osiągnięcia pełnoletności.

Z uwagi na relatywnie wysoką częstość mutacji w *loci* mikrosatelitarnych, która wynosi średnio 3×10^{-3} [1], zgodnie z zaleceniami Komisji Genetyki Sądowej Polskiego Towarzystwa Medycyny Sądowej i Kryminologii (PTMSiK) wykluczenie ojcostwa musi być wykazane w co najmniej czterech *loci* genowych. Jeśli podstawowy zestaw markerów nie pozwala na potwierdzenie lub wykluczenie, zakres badań musi zostać poszerzony [2]. Obejmujący 15 markerów mikrosatelitarnych zestaw AmpFLSTR Identifiler Plus PCR Amplification Kit stanowi użyteczne narzędzie w rozstrzyganiu typowych spraw dotyczących dochodzenia ojcostwa i analizy pokrewieństwa [3, 4]. W latach 2008–2017 używano go w Zakładzie Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku (UMB) jako podstawowego panelu markerów w takich testach.

Cel pracy

Celem pracy była ocena częstości i struktury wykluczeń w poszczególnych *loci* na podstawie analizy materiału obejmującego wyniki badań 958 trójek: pozwany–dziecko–matka.

Materiał i metody

Wyniki uzyskano na podstawie analizy próbek krwi i wymazów nabłonka jamy ustnej pobranych w latach 2008–2017 od 958 trójek: domniemany ojciec–dziecko–matka. Badani dorośli wyrazili pisemną zgodę na anonimowe wykorzystanie próbek do badań

the child after reaching the age of majority, but not later than within three years afterwards (§ 2).

According to Article 67, fatherhood is denied by proving that the mother's husband is not the father of the child. If the child was born later than 180 days after the marriage and earlier than three hundred days after its cessation or annulment, the presumption of paternity may be challenged only by demonstrating dissimilarity based not only on the parties' testimonies, but also on evidence in the form of DNA. Paternity cannot be challenged if the child was born as a result of a medically assisted reproductive treatment to which the mother's husband gave his consent (Article 68). A petition for denying paternity may also be filed by the child's mother within six months of the child's birth, and by the child within three years after coming of age.

Due to the relatively high frequency of mutations in microsatellite loci (an average of 3×10^{-3} [1]), according to the recommendations of the Forensic Genetics Committee of the Polish Society of Forensic Medicine and Criminology, the exclusion of paternity must be demonstrated in at least four gene loci. If the basic set of markers is insufficient to either confirm or exclude paternity, the testing scope must be extended to include additional systems [2]. The AmpFLSTR Identifiler Plus PCR Amplification Kit, including 15 microsatellite markers, is a useful tool in resolving typical paternity cases and kinship analysis [3, 4]. In the period 2008–2017 it was used in the Department of Forensic Medicine at the Medical University of Białystok as a basic panel of markers in paternity tests.

Aim of the study

The aim of this study was the assessment of the frequency and structure of paternity exclusions in individual loci on the basis of the analysis of test results in 958 cases involving alleged father-child-mother trios.

Material and methods

The results were obtained on the basis of analysis of blood samples and oral epithelial smears collected in 2008–2017 from 958 alleged father-child-mother trios. The tested adults expressed written consents to the anonymous use of their samples for scientific research. The consent form had been approved by

naukowych, zaaprobowaną przez Komisję Bioetyczną UMB. Do ekstrakcji DNA użyto zestawów QIAamp DNA Mini Kit (Qiagen). Oznaczenia ilościowego DNA dokonano za pomocą zestawu Quantifiler Human DNA Quantification Kit i termocyklera 7500 Real-Time PCR System (Applied Biosystems) zgodnie z instrukcją producenta. Próbkę DNA amplifikowano w zakresie markerów zestawu AmpFLSTR Identifier Plus PCR Amplification Kit (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818 i FGA) w termocyklerze PCR System 9700 (Applied Biosystems). Całkowitą objętość reakcji PCR zredukowano proporcjonalnie do 10 µl. Rozdział elektroforetyczny i genotypowanie przeprowadzono w analizatorze 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) z wykorzystaniem programu GeneMapper ID-X v1.1.1. Przeprowadzono analizę częstości i struktury wykluczeń ojcostwa dla poszczególnych lat. Obliczono i porównano częstości wykluczeń dla poszczególnych alleli badanych *loci* w kontekście obserwowanych wartości skuteczności wykluczania. Porównanie rozkładów częstości alleli wykluczających z próbką populacyjną Polski północno-wschodniej przeprowadzono przy użyciu testu RxC z 10 000 symulacji (G. Carmody, Ottawa, Canada).

Wyniki i dyskusja

W analizowanych sprawach wykluczenie ojcostwa opiniowano na podstawie braku segregacji cech w co najmniej czterech *loci* STR, co stanowiło wystarczające zabezpieczenie przed wydaniem fałszywej opinii wykluczającej [5, 6]. W żadnym ze 187 przypadków wykluczeń nie wystąpiła mutacja matczyzna. W raporcie *American Association of Blood Banks* (AABB) z 2004 r. wspomniano o braku wykluczeń ojcostwa w sytuacji występowania dwóch mutacji, co stanowiło 0,019% przypadków [7].

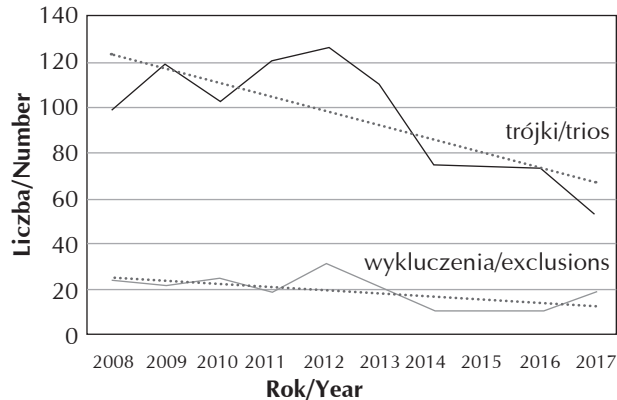
W latach 2008–2017 zanotowano blisko dwukrotny spadek liczby testów ojcostwa (ryc. 1), natomiast odsetek wykluczeń w poszczególnych latach ulegał znacznym fluktuacjom (33,9–13,3%), osiągając średnią 26,3% (ryc. 2), która koreluje z wartością 24,12% przedstawioną w raporcie AABB [8]. Przyczyn spadku liczby badań można doszukiwać się w liczbie urodzeń w Polsce, zmianie świadomości społecznej, ale także w rozwoju działalności laboratoriów prywatnych.

The Bioethics Committee of the Medical University of Białystok. DNA extraction was performed using QIAamp DNA Mini Kit (Qiagen). DNA quantitation was performed with a Quantifiler Human DNA Quantification Kit and a 7500 Real-Time PCR System thermal cycler (Applied Biosystems), in accordance with the manufacturer's instructions. DNA samples were amplified for AmpFLSTR Identifier Plus PCR Amplification Kit markers (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818 and FGA) in a PCR System 9700 thermal cycler (Applied Biosystems). The total volume of the PCR reactions was reduced proportionally to 10 µl. Electrophoretic separation and genotyping were performed in the 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) using GeneMapper ID-X software v1.1.1.1. The frequency and structure of paternity exclusions were analyzed for each individual year. The frequency of exclusions was calculated and compared for individual alleles of the examined loci in the context of the observed values of paternity exclusion efficiency. A comparison of frequency distributions of exclusion alleles against a population sample from north-eastern Poland was carried out using the RxC test based on 10,000 simulations (G. Carmody, Ottawa, Canada).

Results and discussion

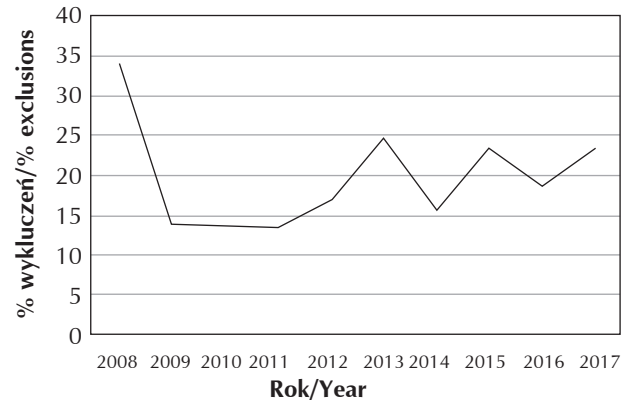
In the analyzed cases, paternity exclusion was determined on the basis of the lack of segregation of traits in at least four STR loci, which ensured sufficient protection against false exclusion [5, 6]. No maternal mutations were found in any of the 187 exclusion cases. The 2004 American Association of Blood Banks (AABB) report mentions the absence of paternity exclusions in the presence of two mutations, which constituted 0.019% of cases [7].

In the period 2008–2017, the number of paternity tests was nearly halved (Fig. 1), while the percentage of exclusions in each individual year varied significantly (33.9–13.3%), with the average of 26.3% (Fig. 2), which is almost consistent with the average value of 24.12% presented in the AABB report [8]. The decreasing number of tests may be explained by the reduced overall number of births in Poland, changes in social awareness, as well as the growing private laboratories market.



Ryc. 1. Dynamika wykluczeń ojcostwa w latach 2008–2017

Fig. 1. Changes in the number of paternity exclusions, 2008–2017



Ryc. 2. Odsetek wykluczeń ojcostwa w latach 2008–2017

Fig. 2. Percentage of paternity exclusions, 2008–2017

Parametrem wyznaczającym *a priori* skuteczność markera genetycznego w teście ojcostwa jest siła wykluczenia (*power of exclusion* – PE) [9], która określa prawdopodobieństwo wykluczenia niesłusznie pozwanego na podstawie badania danego markera. Do oceny siły wykluczania zestawu markerów powszechnie stosowana jest wartość łączna (*combined power of exclusion* – CPE), która określa prawdopodobieństwo wykluczenia niesłusznie pozwanego na podstawie braku segregacji cech w co najmniej jednym *locus* [10]. Wartość CPE obliczona dla zestawu AmpFLSTR Identifiler w populacji Polski północno-wschodniej wynosi 99,999% [11], co oznacza, że u 1 na 100 000 niesłusznie pozwanych analiza 15 markerów nie zdoła wykazać braku segregacji cech. Z uwagi na to, że wykluczenie ojcostwa nie może być oparte na wykazaniu pojedynczej niezgodności, Cifuentes i wsp. [12] zaproponowali stosowanie średniego prawdopodobieństwa wykluczania dla kilku *loci* (autorzy sugerują co najmniej trzy) oraz stosowną modyfikację wzoru matematycznego do obliczania CPE.

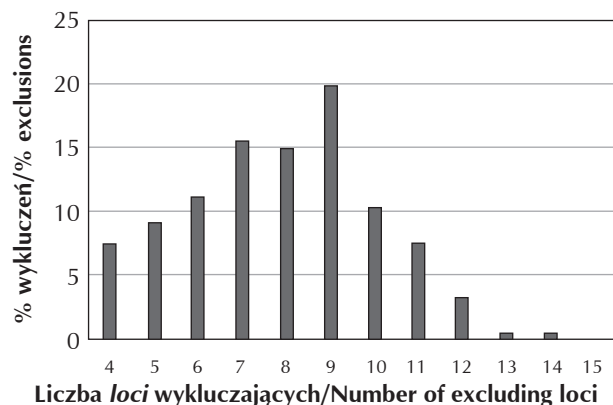
W analizowanym materiale rozkład odsetka wykluczeń był prawostronnie asymetryczny (ryc. 3). W największej liczbie spraw (19,8%) wykluczenie oparto na występowaniu niezgodności w 9 *loci*. Nie zanotowano przypadku wykluczenia na podstawie niezgodności we wszystkich 15 *loci*. Na podstawie danych osobowych pochodzących z akt ustalono, że 53,3% wykluczeń dotyczyła dziecka małżeńskiego.

Na rycinie 4 przedstawiono częstości alleli, dla których występowały niezgodności w genotypie

The parameter which determines *a priori* the genetic marker efficiency in paternity tests is the power of exclusion (PE) [9]. It reflects the likelihood of exclusion of the falsely accused on the basis of a given marker test. The combined power of exclusion (CPE), which determines the likelihood of exclusion of the falsely accused individual on the basis of the lack of segregation of traits in at least one locus, is commonly used to assess the exclusion power of a set of markers [10]. The CPE value calculated for the AmpFLSTR Identifiler set in the population of north-eastern Poland is 99.999% [11], which means that the analysis of 15 markers will not demonstrate the lack of segregation of traits in 1 out of 100,000 falsely accused individuals. Since the exclusion of paternity cannot be based on the demonstration of a single incompatibility, Cifuentes *et al.* [12] have proposed the use of mean probability of exclusion for several loci (those authors suggest at least three) and an appropriate modification of the mathematical formula for CPE calculation.

In the analyzed material, the right-sided asymmetry was observed in the distribution of the percentage of exclusions (Fig. 3). In the largest number of cases (19.8%), the exclusion was based on the presence of incompatibilities in 9 loci. In none of the cases paternity was excluded on the basis of incompatibilities in all 15 loci. On the basis of personal data from the file material, the authors determined that 53.3% of all exclusions concerned a marital child.

Figure 4 shows the frequency of alleles for which child genotype incompatibilities were observed, thus



Ryc. 3. Odsetek wykluczeń w zależności od liczby loci wykluczających
Fig. 3. Percentage of exclusions in relation to the number of excluding loci

dziecka będące podstawą do wykluczenia ojcostwa. Uwzględniono także alternatywne allele będące przyczyną niezgodności (brak możliwości określenia allele wykluczającego) w przypadkach, w których stwierdzono obecność identycznych heterozygot u matki i dziecka. Obok nazw markerów przedstawiono obserwowane wartości skuteczności wykluczania, obliczone jako iloraz liczby wykluczeń w danym locus oraz całkowitej liczby wykluczeń. Najwyższą obserwowaną skuteczność wykluczania wykazywały układy D18S51 (0,7166) i FGA (0,7059), najniższą TPOX (0,3048). Wartości PE dla tych markerów obliczone dla populacji północno-wschodniej Polski wynosiły odpowiednio 0,672, 0,714 i 0,243 [11]. Dla żadnego z badanych markerów rozkłady częstości allele wykluczających nie były zgodne z rozkładami częstości uzyskanymi dla próbki populacyjnej północno-wschodniej Polski ($p < 0,05$) [11].

Po wyłączeniu loci wykluczających wartości łącznego indeksu ojcostwa (CPI) pozostawały w wyraźnej zależności ujemnej do ich liczby i zawierały się w zakresie od 1,31 przy 13 loci wykluczających do 37 087,40 przy 6 loci wykluczających (prawdopodobieństwo 56,71–99,99%) (ryc. 5). Odnotowana górna wartość CPI jest zatem o dwa rzędy niższa niż 1 000 000, czyli wartość przyjęta przez Komisję Genetyki Sądowej PTMSiK jako dolne kryterium potwierdzenia ojcostwa [2].

Wnioski

W miarę upływu lat maleje liczba wykonywanych testów ojcostwa przy jednoczesnym wahanu odsetka wykluczeń. Wartości PE w uzyskanych wynikach są zbliżone do wartości obliczonych dla po-

providing grounds for paternity exclusion. Alternative mismatching alleles (impossibility to determine the excluding allele) were also taken into account in cases where identical heterozygotes were found in the mother and the child. Beside the names of markers, the observed values of exclusion efficiency (i.e. the ratio of the number of exclusions in a given locus to the total number of exclusions) were presented. The highest exclusion efficiency was observed for D18S51 (0.7166) and FGA (0.7059) systems, while TPOX was the least efficient (0.3048). PE values for these markers calculated for the population of north-eastern Poland are 0.672, 0.714 and 0.243, respectively [11]. For none of the examined markers were the frequency distributions of excluding alleles consistent with the frequency distributions obtained for the population sample of north-eastern Poland ($p < 0.05$) [11].

After the elimination of the excluding loci the values of the combined paternity index (CPI) were clearly negatively related to their number and ranged from 1.31 for 13 excluding loci to 37,087.40 for 6 excluding loci (probability range: 56.71–99.99%) (Fig. 5). The recorded upper CPI value is therefore lower by two orders of magnitude than 1,000,000, which is the value currently adopted by the Forensic Genetics Committee of the Polish Society of Forensic Medicine and Criminology as the bottom criterion for proof of paternity [2].

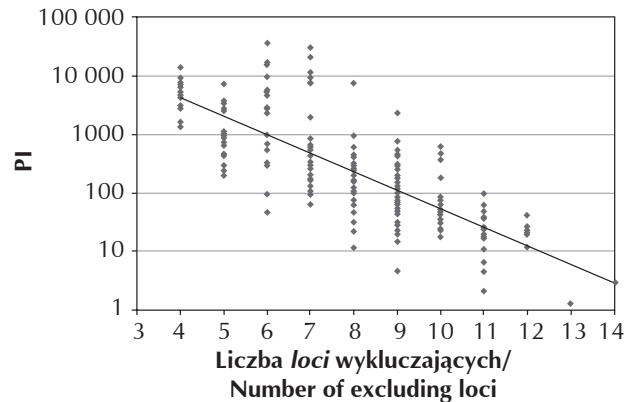
Conclusions

Over the years, the number of paternity tests has decreased, and the percentage of exclusions has been fluctuating. PE values in the obtained results are consistent with the values calculated for the pop-



Ryc. 4. Częstości wykluczających alleli ujawnionych u potomstwa (alternatywne allele będące przyczyną niezgodności przedzielono ukośnikiem)

Fig. 4. Frequencies of excluding alleles identified in the offspring (alternative mismatching alleles are separated by a slash)



Ryc. 5. Rozkład wartości PI po wyłączeniu loci wykluczających
Fig. 5. Distribution of PI values after elimination of excluding loci

pulacji północno-wschodniej Polski. Zastosowany zestaw markerów okazał się skutecznym narzędziem w genetycznych testach ojcostwa w kontekście przyjętych reguł wykluczania.

ulation of north-eastern Poland. The applied set of markers proved to be an effective tool in genetic paternity tests in the context of the adopted rules of exclusion.

Autorzy deklarują brak konfliktu interesów.

The authors declare no conflict of interest.

Piśmiennictwo References

1. Kayser M, de Knijff P. Improving human forensics through advances in genetics, genomics and molecular biology. *Nat Rev Genet* 2011; 12: 179-192.
2. Zasady atestacji laboratoriów genetycznych przy Polskim Towarzystwie Medycyny Sądowej i Kryminologii na rok 2016. <http://www.ptmsik.pl/komisja-genetyki-sadowej/zasady-atestacji-na-rok-2016>.
3. Jacewicz R, Bąbol K, Berent J, Prośniak A, Szram S. Praktyczna przydatność systemu IDENTIFILER w badaniach ojcostwa w populacji Polski centralnej. *Arch Med Sąd Krym* 2005; 55: 151-153.
4. Dębska E, Nowakowski PA, Jacewicz R, Bąbol-Pokora K, Prośniak A, Jędrzejczyk M, Berent J. Analiza genetyczna szczątków ludzkich ekshumowanych podczas badań archeologicznych na terenie byłego poligonu na Brusie w Łodzi. *Arch Med Sąd Krym* 2013; 63: 99-108.
5. Brandt-Casadevall C, Gene M, Pique E, Borrego N, Gehrig C, Dimo-Simonin N, Mangin P. Presence of two mutations between father/child in two cases of paternity testing. *Prog Forensic Genet* 2003; 9: 647.
6. Geadia H, Viriato L. STR mutations in paternity investigations: a study of 1-year consecutive cases. *Prog Forensic Genet* 2003; 9: 657-660.
7. The American Association of Blood Banks. Annual Report Summary. www.aabb.org/about_the_aabb/stds_and_accred/stdsan-daccred.htm 2004.
8. Annual Report Summary for Testing in 2013. <http://www.aabb.org/sa/facilities/documents/2013-relationship-testing-summary-report.pdf>.
9. Selvin S. Probability of nonpaternity determined by multiple allele co-dominant systems. *Am J Hum Genet* 1980; 32: 276-278.
10. Chakraborty R, Meagher TR, Smouse PE. Parentage analysis with genetic markers in natural populations. I. The expected proportion of offspring with unambiguous paternity. *Genetics* 1988; 118: 527-536.
11. Janica J, Pepiński W, Niemcunowicz-Janica A, Skawrońska M, Berent J, Koc-Zorawska E, Soltyszewski I. Database of genetic profiles at the Department of Forensic Medicine, Medical University of Białystok. *Adv Med Sci* 2008; 53: 64-68.
12. Cifuentes LO, Martinez EH, Acuna MP, Jonquera HG. Probability of Exclusion in Paternity Testing: Time to Reassess. *J Forensic Sci* 2006; 51: 349-350.

Adres do korespondencji:

Monika Anna Wójcik
Zakład Medycyny Sądowej
Uniwersytet Medyczny w Białymstoku
ul. Waszyngtona 13
15-269 Białystok, Polska
e-mail: monikaa93w@interia.pl

Nadesłano: 12.10.2018

Zaakceptowano: 04.01.2019

Correspondence address:

Monika Anna Wójcik
Department of Forensic Medicine
Medical University of Białystok
13 Waszyngtona St.
15-269 Białystok, Poland
e-mail: monikaa93w@interia.pl

Submitted: 12.10.2018

Accepted: 04.01.2019

