

Allele Frequency of 15 Autosomal STR loci in Kurdish Ethnic Inhabitants of Kermanshah Province

Received: 2 August 2015

Revised: 2 September 2015

Accepted: 15 September 2015

ABSTRACT

Mona Davoodbeigi¹
Shohre Zarekarizi²
Mohammadtaghi Akbari^{3*}
Maryam Kalili Avati⁴

¹MSc., Genetics, Department of Biology, Guilan university, Guilan, Iran.

²Assistant Professor, Department of Biology, VaraminPishva Branch, Islamic Azad University, VaraminPishva, Iran & Tehran Medical Genetics Laboratory, Tehran, Iran.

³Associate Professor, Department of Medical Genetics, Faculty of Medical Sciences, TarbiatModares University, Tehran, Iran & Tehran Medical Genetics Laboratory, Tehran, Iran.

⁴MSc., Cellular and Molecular Science, Department of Biology, Shiraz University, Shiraz, Iran & Tehran Medical Genetics Laboratory, Tehran, Iran.

Background: The aim of this study was to investigate allele frequency of 15 autosomal STR (short tandem repeat) loci for 50 unrelated healthy individual from Kurdish ethnic population of Kermanshah province in Iran.

Materials and Methods: Genetic profile prepared utilizing ABI AmpFl STR Identifier™ kit. These 15 STR loci included D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA, TPOX, D18S51, D5S818 and FGA.

Results: There were no deviations from Hardy–Weinberg equilibrium except for two loci of D7s820 and D19s433. Based upon the allelic frequencies, several important forensic parameters were calculated including: power of discrimination (PD), polymorphic information content (PIC), power of exclusion (PE) and matching probability (MP).

Conclusion: This study confirmed that investigation of these loci for paternity population studies and handling of criminal cases could be used. We compared the allele frequency spectrum detected in this Kurdish population from Kermanshah with allele frequencies from 8 other datasets on three populations with Iranian origin, ie. Iranians in USA, Iranians in Dubai and Fars ethnic group and 5 neighboring populations from AzerbyjanRepublic, Pakistan, Iraqi-Kurdistan, Iraq and Turkey. It was concluded that the population of present study had least similarity with Azerbyjani(12 loci) and most similarity with Turkish(15 loci) populations.

Keywords: allele frequency, population genetics, CODIS loci, STR, kurd ethnic

*Corresponding Author:

Mohammadtaghi Akbari
Tel: (+98)2188914327
email: mtakbari@modares.ac.ir

بررسی فراوانی آللی ۱۵ جایگاه STR در قوم کرد ساکن در استان کرمانشاه

تاریخ دریافت: ۱۱ مرداد ۱۳۹۴ تاریخ اصلاح: ۱۱ شهریور ۱۳۹۴ تاریخ پذیرش: ۲۴ شهریور ۱۳۹۴

چکیده

مونا داودبیگی^۱

شهره زارع کاریزی^۲

محمدتقی اکبری^{۳*}

مریم خلیلی اواتی^۴

مقدمه: هدف از این مطالعه، بررسی فراوانی آللی ۱۵ جایگاه STR در قوم کرد ساکن استان کرمانشاه می باشد.

مواد و روش ها: پروفایل ژنتیکی ۵۰ فرد کرد غیرخویشاوند از جمعیت کرمانشاه با استفاده از کیت IdentifilerTM تهیه شد. این کیت حاوی سیزده جایگاه CODIS به همراه دو جایگاه دیگر می باشد. این پانزده جایگاه عبارت اند از: D21S11، D8S1179، D7S820، CSF، D3S1358، D18S51، TPOX، VWA، D19S433، D2S1338، D16S539، D13S317، TH01، D5S818، FGA، VWA، TPOX و TH01.

یافته ها: نتایج نشان داد که به جز دو جایگاه D7S820 و D19S433 در جمعیت مورد مطالعه سایر جایگاه ها در تعادل هاردی- واینبرگ بودند. همچنین پارامترهای پزشکی قانونی شامل power of discrimination، polymorphism information content، power of exclusion و Matching probability در این مطالعه مورد ارزیابی قرار گرفتند.

نتیجه گیری: این مطالعه نشان داد که بررسی این جایگاه ها در جمعیت مورد مطالعه، می تواند برای آزمایش های تعیین هویت، مطالعات جمعیتی و همچنین کمک به تحقیقات پلیس در محدود کردن تعداد مظنونین یک حادثه مورد استفاده قرار گیرد. همچنین از مقایسه نتایج حاصل از این مطالعه با نتایج حاصل از ۸ جمعیت دیگر شامل ۳ جمعیت با منشأ ایرانی - ایرانیان مقیم آمریکا، ایرانیان مقیم دبی و داده های حاصل از جمعیت استان فارس و ۵ جمعیت از کشورهای همسایه شامل آذربایجان، عراق، کردستان عراق، پاکستان و ترکیه، مشاهده شد که جمعیت کرد کرمانشاه بیشترین شباهت را با جمعیت کشور ترکیه (در ۱۵ جایگاه) و بیشترین تفاوت را با جمعیت کشور آذربایجان (در ۱۲ جایگاه) داشته است.

کلید واژه ها: فراوانی آللی، ژنتیک جمعیت، CODIS، STR، قوم کرد

^۱کارشناسی ارشد، ژنتیک، گروه زیست شناسی، دانشگاه گیلان، گیلان، ایران.

^۲استادیار، گروه زیست شناسی، واحد پیشوا، دانشگاه آزاد اسلامی، پیشوا، ورامین، ایران و آزمایشگاه ژنتیک پزشکی تهران، تهران، ایران.

^۳دانشیار، گروه ژنتیک پزشکی، دانشکده علوم پزشکی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران و آزمایشگاه ژنتیک پزشکی تهران، تهران، ایران.

^۴کارشناسی ارشد، علوم سلولی و مولکولی، گروه زیست شناسی، دانشگاه شیراز، شیراز، ایران و آزمایشگاه ژنتیک پزشکی تهران، تهران، ایران.

*نویسنده مسئول:

محمدتقی اکبری

تلفن: ۸۸۹۱۴۳۲۷ (+۹۸)

پست الکترونیک:

mtakbari@modares.ac.ir

مقدمه

مطالعات انجام شده، امروزه ایران از قومیت های گوناگونی از جمله فارس ها (۶۵ درصد)، آذربایجانی ها (۱۶ درصد)، کردها (۷ درصد)، لرها (۶ درصد)، بلوچ ها (۲ درصد)، عرب ها (۲ درصد)، ترکمن ها و قشقایی ها (۲ درصد) و دیگران (۱ درصد) تشکیل یافته است [۱]. مردمان کرد

در طول تاریخ جامعه بر اساس قبیله، منطقه، مذهب، قوم، جنس، سن و وضعیت اجتماعی - اقتصادی طبقه بندی شده است. تفاوت قومی و نژادی است که ملتی را از ملتی دیگر متمایز می کند. بنا بر

مواد و روش‌ها

در ایران قوم کرد در استان‌های مختلفی ساکن هستند که اکثریت آن‌ها در بخش‌هایی از شمال شرق، غرب و شمال غرب ایران سکونت دارند. یکی از استان‌های کردنشین واقع در غرب ایران استان کرمانشاه می‌باشد که جمعیت مورد مطالعه از میان افراد کرد غیرخویشاوند ساکن در این استان جمع‌آوری شده است. بدین منظور پس از دریافت کتبی رضایت و رسم شجره از پنجاه فرد کرد غیرخویشاوند که سه نسل پدری و مادری آن‌ها کرد و ساکن کرمانشاه بوده‌اند، CC4 خون محیطی گرفته شد. سپس استخراج DNA به روش نمک اشباع انجام گرفت [7]. تکثیر همزمان 15 (Multiplex PCR) جایگاه STR با استفاده از کیت AmpFISTRIdentifiler™ انجام شد. این جایگاه‌ها عبارت‌اند از: D3S1358, CSF, D7S820, D21S11, D8S1179, TH01, D19S433, D2S1338, D16S539, D13S317, TH01, VWA, FGA, D5S818, D18S51, TPOX, VWA System می‌باشند. واکنش PCR در دستگاه PCR در دستگاه 2720 Thermal Cycler ABI Gene Amp (Applied Biosystems) انجام شد. در مرحله بعد الکتروفورز محصولات PCR توسط دستگاه ABI PRISM 3130 Genetic Analyzer صورت گرفت. داده‌های خام با استفاده از نرم‌افزار 3.0Cervus v. تجزیه و تحلیل شد. پارامترهایی از جمله هتروزیگوسیتی مورد مشاهده (Ho)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He)، فراوانی آلی به همراه پارامترهای پزشکی قانونی از قبیل (PIC)، (PD)، (PE) و (MP) محاسبه شده و نتایج با استفاده از آزمون G test با جمعیت‌های مختلف از جمله جمعیت استان فارس و جمعیت کشورهای آذربایجان، عراق، ترکیه، پاکستان، ایرانیان مقیم دبی و آمریکا مقایسه شد.

یافته‌ها

در جدول ۱ فراوانی آلی، هتروزیگوسیتی مورد مشاهده، هتروزیگوسیتی مورد انتظار، تعادل هاردی-واینبرگ به همراه پارامترهای پزشکی قانونی در ۵۰ فرد کرد کرمانشاهی ارائه شده

بزرگ‌ترین و قدیمی‌ترین قوم آریایی ایران زمین هستند که از دیرباز در نواحی کوهستانی محصور غرب و شمال شرق فلات ایران ساکن هستند. بخش کردنشین جدا شده از ایران (در جنگ چالدران)، هم‌اکنون جزئی از خاک سه کشور ترکیه، عراق و سوریه می‌باشد. جمعیت کرد در سال ۲۰۰۹، ۲۸/۵ تا ۳۰ میلیون نفر برآورد شده است که ۶/۵ تا ۷ میلیون نفر از آن‌ها در ایران زندگی می‌کنند [۲].

محققان دریافته‌اند که افراد یک جمعیت در الگوهای ژنتیکی خود دارای مشابهت‌هایی هستند که منحصر به همان جمعیت است و با الگوهای افراد جمعیت‌های دیگر متفاوت است. از مطالعه این تفاوت‌ها می‌توان برای یافتن توالی‌های مناسب هر جمعیت برای موارد پزشکی قانونی و کمک به تحقیقات پلیس در محدود کردن تعداد مظنونین از میان جمع کثیری از آن‌ها و یافتن رابطه جمعیت‌ها بر اساس موقعیت جغرافیایی و تخمین زمان پیدایش استفاده کرد [۳-۵].

یک مطالعه ژنتیکی بر روی DNA میتوکندریایی اقوام ایرانی نشان داده است که بیشتر کردهای ایرانی به هاپلوگروپ HV تعلق دارند. هاپلوگروپ J با ۲۰٪ و U7 با ۸٪ در رتبه‌های بعدی قرار گرفته‌اند که هر سه آن‌ها از هاپلوگروپ‌های مخصوص اورآسیای غربی می‌باشند [۶].

یکی از معمول‌ترین روش‌های آنالیز DNA، بررسی توالی‌های کوتاه تکراری موسوم به STR در ژنوم افراد است. STR توالی‌هایی به طول یک تا سیزده نوکلئوتید هستند که در ژنوم موجودات در نواحی غیر کد کننده موجود می‌باشند. هر فرد توالی‌های منحصر به فردی داشته و هیچ دوفردی در جهان نیستند که در همه جایگاه‌ها دارای توالی‌های یکسانی باشند، به همین دلیل از STR ها می‌توان در مطالعات جمعیتی و بررسی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌ها استفاده نمود [۷]. علاوه بر این از STR ها می‌توان در موارد تعیین هویت، تعیین ابویت، تست‌های پزشکی قانونی و سایر موارد استفاده کرد. در این مطالعه به منظور تعیین فراوانی آلی در قوم کرد ساکن در کرمانشاه از پانزده جایگاه STR در کیت Identifiler کمپانی ABI در روشی موسوم به تعیین الگوی DNA استفاده شد.

جدول ۱: فراوانی آللی، هتروزیگوسیتی مورد مشاهده، هتروزیگوسیتی مورد انتظار، تعادل هاردی-واینبرگ به همراه پارامترهای پزشکی قانونی در جمعیت کرد کرمانشاه.

Allele	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	VWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
۴															
۵															
۶			۰/۰۴			۰/۳۳									
۷			۰/۰۲	۰/۰۱		۰/۱۴									
۸	۰/۰۱		۰/۱۴			۰/۰۵	۰/۱۴	۰/۰۶				۰/۰۵		۰/۰۲	
۹	۰/۰۱		۰/۰۸	۰/۰۱		۰/۲۸	۰/۰۹	۰/۱۵				۰/۰۶		۰/۰۸	
۹/۳						۰/۱۶									
۱۰	۰/۰۴		۰/۲۹	۰/۳۱		۰/۰۱	۰/۱۴	۰/۱۳				۰/۰۹	۰/۰۱	۰/۱۲	
۱۱	۰/۱۴		۰/۲۴	۰/۲۵			۰/۳۲	۰/۳۴				۰/۳	۰/۰۷	۰/۲۶	
۱۲	۰/۱۲		۰/۱۴	۰/۲۵		۰/۰۱	۰/۲۰	۰/۲۳		۰/۱۱		۰/۰۵	۰/۱۸	۰/۳۲	
۱۲/۲										۰/۰۱					
۱۳	۰/۲۲		۰/۰۵	۰/۰۵	۰/۰۲		۰/۰۱	۰/۰۸		۰/۳۴	۰/۰۱		۰/۱۶	۰/۱۹	
۱۳/۲										۰/۰۱					
۱۴	۰/۲۹			۰/۰۳	۰/۰۷		۰/۰۱	۰/۰۱		۰/۲	۰/۰۵		۰/۱۵	۰/۰۱	
۱۴/۲										۰/۰۱					
۱۵	۰/۱۱				۰/۲۹					۰/۱۶	۰/۰۱		۰/۱۲		
۱۵/۲										۰/۰۵					
۱۶	۰/۰۳				۰/۳۴				۰/۰۴	۰/۰۶	۰/۲۴		۰/۱۴		
۱۶/۲										۰/۰۲					
۱۷	۰/۰۳				۰/۱۷				۰/۱۵	۰/۰۳	۰/۲۸		۰/۰۶		
۱۷/۲															
۱۸					۰/۱۱				۰/۱۳		۰/۱۷		۰/۰۵		۰/۰۱
۱۹									۰/۱۸		۰/۱۵		۰/۰۳		۰/۰۵
۲۰									۰/۱۱				۰/۰۳		۰/۰۸
۲۱									۰/۰۲						۰/۱۹
۲۲									۰/۰۳						۰/۱۵
۲۳									۰/۱۲						۰/۲۲
۲۴															۰/۱۶
۲۴/۲															
۲۵															۰/۱۱
۲۶															
۲۷															۰/۰۳
۲۸		۰/۱۷													
۲۸/۲		۰/۰۱													
۲۹		۰/۲۵													
۲۹/۲															

ادامه جدول ۱: فراوانی آللی، هتروزیگوسیتی مورد مشاهده، هتروزیگوسیتی مورد انتظار، تعادل هاردی- واینبرگ به همراه پارامترهای پزشکی قانونی در جمعیت کرد کرمانشاه.

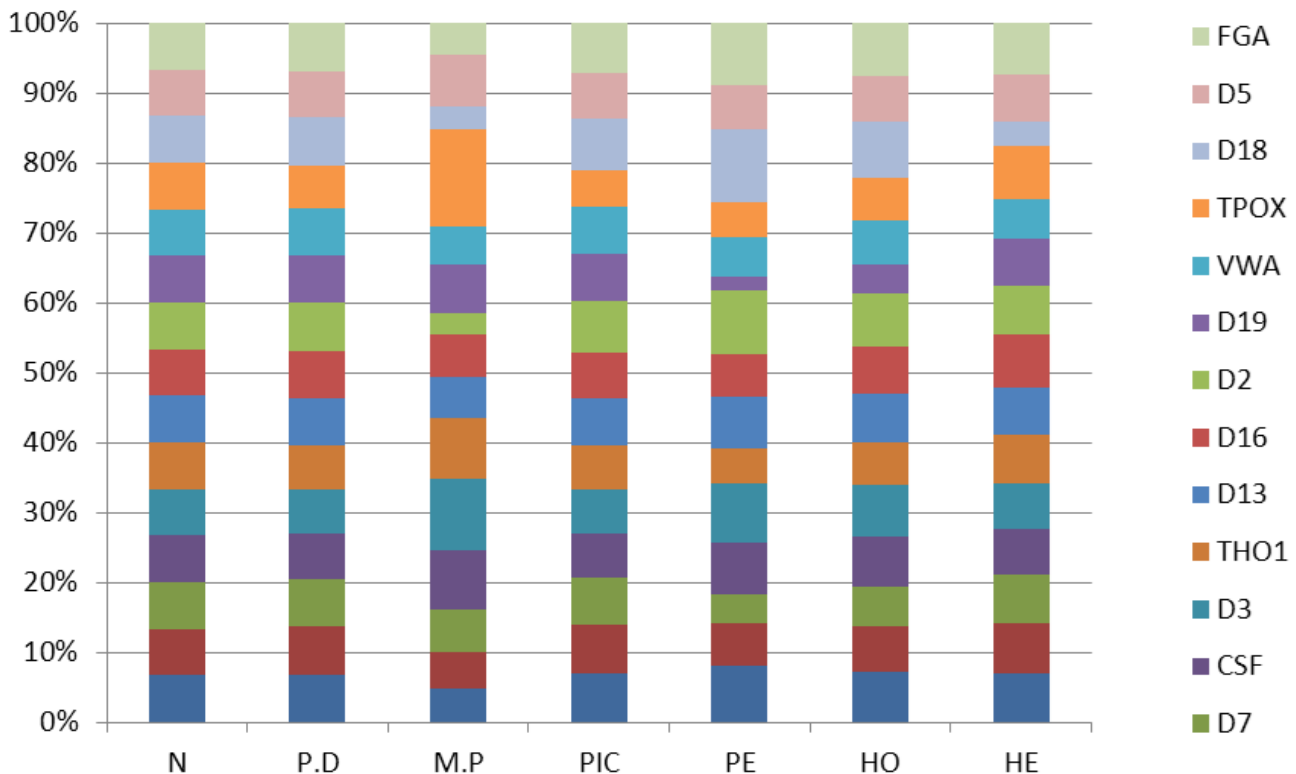
Allele	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	VWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
۲۰		۰/۲۲													
۲۰/۲															
۲۱		۰/۰۳													
۲۱/۲		۰/۱۱													
۲۲		۰/۰۱													
۲۲/۲		۰/۱۰													
۲۳															
۲۳/۲		۰/۰۸													
۲۴															
۲۴/۲															
۲۵															
۲۵/۲															
۲۶															
۲۷															
Ho	۰/۸	۰/۷۳	۰/۶۲	۰/۷۸	۰/۸۲	۰/۶۶	۰/۷۸	۰/۷۲	۰/۸۴	۰/۴۶	۰/۷	۰/۶۶	۰/۹	۰/۷	۰/۸۴
He	۰/۸۲	۰/۸۳	۰/۸۱	۰/۷۷	۰/۷۶	۰/۷۵	۰/۸	۰/۷۸	۰/۸۸	۰/۸	۰/۸	۰/۶۵	۰/۸۸	۰/۷۸	۰/۸۵
P	۰/۹۵	۰/۲۱	.	۰/۳	۰/۷۶	۰/۴۲	۰/۶	۰/۵۵	۰/۸۲	.	۰/۵۴	۰/۶۷	۰/۵۱	۰/۵۲	۰/۵۹
PIC	۰/۷۹	۰/۸	۰/۷۸	۰/۷۲	۰/۷۱	۰/۷۱	۰/۷۷	۰/۷۵	۰/۸۶	۰/۷۷	۰/۷۷	۰/۵۹	۰/۸۵	۰/۷۳	۰/۸۲
PE	۰/۵۹۹	۰/۴۵۹	۰/۳۱۵	۰/۵۶۲	۰/۶۳۶	۰/۳۶۹	۰/۵۶۲	۰/۴۵۹	۰/۶۷۵	۰/۱۵۴	۰/۴۲۸	۰/۳۶۹	۰/۷۹۵	۰/۴۵۸	۰/۶۷۵
MP	۰/۰۶۲	۰/۶۷	۰/۸۱	۰/۱۰۸	۰/۱۵۵	۰/۱۱۲	۰/۰۷۵	۰/۰۸۱	۰/۰۳۹	۰/۰۸۹	۰/۰۷	۰/۱۸	۰/۰۴۲	۰/۰۹۷	۰/۰۵۲
PD	۰/۹۳۷	۰/۹۳۲	۰/۹۱۸	۰/۸۱۲	۰/۸۶۴	۰/۸۸۷	۰/۹۲۴	۰/۹۱۸	۰/۹۶	۰/۹۱	۰/۹۲	۰/۸۱	۰/۹۵	۰/۹	۰/۹۴

Ho: observed heterozygosity; He: expected heterozygosity; P-value: HWE, Fisher's exact test; PIC: polymorphic information; PE: probability of exclusion; MP: matching probability; PD: power of discrimination.

exclusion (PE) مربوط به جایگاه D18S51 (۰/۷۹۵) و کمترین میزان مربوط به جایگاه D19S433 (۰/۱۵۴) است. بیشترین power of discrimination (PD) مربوط به جایگاه D2S1338 (۰/۹۶) و کمترین میزان مربوط به جایگاه TPOX (۰/۸۱) بود.

جدول ۲ تنوع آللی جمعیت کرد کرمانشاه را با سایر مطالعات انجام شده در ایران و سایر جمعیت‌ها نشان می‌دهد. همان‌طور که در این جدول ملاحظه می‌شود، در هر ستون اعدادی پررنگ‌تر از بقیه دیده می‌شوند. این نقاط نشان‌دهنده اختلاف میان جمعیت حاضر و سایر جمعیت‌ها در تک تک جایگاه‌ها بر اساس P-Value می‌باشند. برای مثال، ستون دوم مربوط به مقایسه جایگاه

است. در این مطالعه همه جایگاه‌ها به جز دو جایگاه D7S820 و D19S433 در تعادل هاردی- واینبرگ بودند. بیشترین فراوانی آللی مربوط به آلل ۸ در جایگاه TPOX (50%) می‌باشد. میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار ۰/۷۷۹۸ و میانگین polymorphism PIC information content (PIC) ۰/۷۳۹۳ بود. این میزان نشان‌دهنده آن است که همه جایگاه‌ها به شدت پلی مورفیک دارند. همان‌طور که در نمودار ۱ مشاهده می‌شود، بیشترین مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده شده مربوط به جایگاه D18S51 (۰/۹) و کمترین میزان مربوط به جایگاه D19S433 (۰/۴۶) می‌باشد. بیشترین PIC در جایگاه D2S1338 (۰/۸۶) و کمترین میزان مربوط به جایگاه TPOX (۰/۵۹) بود. بیشترین Probability of



نمودار ۱: پارامترهای جمعیتی کردهای کرمانشاه برحسب درصد.

Ho: observed heterozygosity; He: expected heterozygosity; PIC: polymorphic information; PE: probability of exclusion, PD: power of discrimination; MP: matching probability

جایگاه STR را روی ۱۲۵ نفر از جمعیت استان فارس واقع در جنوب غربی ایران بررسی نمودند. فراوانی آللی به همراه سایر پارامترهای پزشکی قانونی محاسبه شد. در نتیجه این مطالعه همه جایگاه‌ها به جز دو جایگاه D13S317 و TPOX در تعادل هاردی-واینبرگ بودند [۸].

در مطالعه‌ای که در سال ۲۰۰۵ توسط Shepard و Herrera به منظور بررسی تنوع ژنتیکی روی ۱۵۰ نفر از جمعیت کل ایران انجام شد، انحرافی از تعادل هاردی-واینبرگ مشاهده نشد. در این مطالعه از آزمون G-test برای یافتن تفاوت‌های ژنتیکی میان ایران و سایر کشورها استفاده شد و ۱۵ جایگاه STR از ایران با ۱۳ جایگاه از جمعیت ترکیه، جنوب غرب اروپا، هند و شمال آفریقا مقایسه شدند. بر اساس این بررسی، ایران از نظر ژنتیکی تفاوت چشمگیری با شرق ترکیه نداشته و در درخت فیلوژنی در موقعیتی مابین قفقازی‌ها و شرق آسیا واقع شده، ولی از آفریقا فاصله زیادی دارد. در ادامه این مطالعه مشخص شد، دو گروه در شمال هند و بربرهای

D8S1179 است که در آن اختلاف معنی دار میان جمعیت مورد مطالعه و جمعیت‌های ایران، آذربایجان، پاکستان و عراق دیده می‌شود. به همین ترتیب در سایر ستون‌ها، سایر جایگاه‌ها مقایسه شده‌اند. بر همین اساس کردهای کرمانشاه و آذربایجان در دوازده جایگاه با یکدیگر اختلاف دارند، پس می‌توان نتیجه گرفت که در این مطالعه بیشترین تفاوت ژنتیکی مربوط به کرد کرمانشاه و کشور آذربایجان است. پس از آن پاکستان با شش جایگاه متفاوت از کرد کرمانشاه، بیشترین اختلاف ژنتیکی را نشان می‌دهد. ترکیه تنها جمعیتی است که تفاوتی را در هیچ‌یک از جایگاه‌ها با جمعیت حاضر نشان نمی‌دهد، در نتیجه با توجه به این مطالعه می‌توان گفت که احتمالاً جمعیت کردهای کرمانشاه و ترکیه از نظر ژنتیکی به یکدیگر شباهت بیشتری دارند.

بحث و نتیجه‌گیری

از معدود مطالعاتی که در جمعیت‌های ایرانی صورت گرفته می‌توان به مطالعه حجازی و همکاران (۲۰۱۳) اشاره نمود که در آن ۱۵

جدول ۳: مقایسه جمعیت کرد کرمانشاه و سایر جمعیت‌ها

	D8S11 79	D21S1 1	D7S820	CSF1PO	D3S13 58	TH01	D13S317	D16S 539	D2S13 38	D19S43 3	VWA	TPOX	D18S51	D5S81 8	FGA	Ref
Iran- USA	./... 0	./۳۳۳ ۱	./۳۱۸۱ ۱	./...۹ ۱	./۵۵۴۵ ۱	./۱۰۹۰ ۱	./۱۰۹۰ ۱	./۰۸۱۸ ۱	./۰۸۱۸ ۱	./۳۸۱۸ ۱	./۳۸۱۸ ۱	./۴۰۹ ۱	./۱۸۷۳ ۱	./۹ ۱	۸	
Iran- Dubai	./۵۸۱۸ ۱۵	-	./۳۳۳ ۱۵	./۳۳۳ ۱۵	./۳۸۱۸ ۱۵	./۳۸۱۸ ۱۵	./۷۵۴۵ ۱۵	-	-	-	./۳۸۱۸ ۱۵	./... ۱۵	./۳۳۳ ۱۵	./۹۳۳ ۱۵	./... ۱۵	۱۵
Azerbyja n	./... ۱۰	./... ۱۰	./... ۱۰	./... ۱۰	./... ۱۰	./... ۱۰	./۳۳۳ ۱۰	./... ۱۰	./۵۴ ۱۰	./... ۱۰	./... ۱۰	./... ۱۰	./... ۱۰	./۸۱۸ ۱۰	./... ۱۰	۱۰
Pakestan	./... ۱۱	./۵۳۳ ۱۱	./۴ ۱۱	./۰۸۱۸ ۱۱	./۹۹۰۹ ۱۱	./۰۳۳ ۱۱	./۰۸۱ ۱۱	./۴۸۱۸ ۱۱	-	-	./۱۸۱۸ ۱۱	./...۹ ۱۱	./... ۱۱	./۰۸۸ ۱۱	./... ۱۱	۱۱
Iraq- kurdish	-	./۴۸۱۸ ۱۳	./۵۸۱۸ ۱۳	./...۳ ۱۳	./... ۱۳	./...۳ ۱۳	./...۹۰ ۱۳	-	-	-	./۴۸۱۸ ۱۳	./۴۸۱۸ ۱۳	-	./۵۸۱۸ ۱۳	./۳۳۳ ۱۳	۱۳
Iraq	./... ۱۲	./۴۹ ۱۲	./۴۵۴۵ ۱۲	./۱۴۵۴ ۱۲	./۰۳۳ ۱۲	./۳۰۹ ۱۲	./... ۱۲	./۴۹۰۹ ۱۲	./...۹ ۱۲	-	./...۳ ۱۲	./۳۵۵۴ ۱۲	./۳۸۱۸ ۱۲	./۳۳۳ ۱۲	./...۹ ۱۲	۱۲
Turkey	./۳۳۳ ۱۴	./۱۹ ۱۴	./۷۰۹۰ ۱۴	./۳۳۳ ۱۴	./۹۳۳ ۱۴	./۵۸۱۸ ۱۴	./۳۳۳ ۱۴	./۹۰۹۰ ۱۴	-	-	./۸۹ ۱۴	./۴۳۳ ۱۴	./۹ ۱۴	./۹۳۳ ۱۴	./۹۳۳ ۱۴	۱۴
Fars	./۱ ۹	./۷۹ ۹	./۴۳۳ ۹	./...۵۴ ۹	./...۵ ۹	./۰۸۱۸ ۹	./۴۰۹۰ ۹	./۳۵۴۵ ۹	./۵۳۳ ۹	./۰۸۱۸ ۹	./۱۳۳۳ ۹	./۳۵۴۵ ۹	./۲ ۹	./۳۳۳ ۹	./... ۹	۹

مقادیر p-value برای بررسی دوبه دو جمعیت در هر جایگاه می‌باشد. اگر مقدار آن کوچک‌تر از ۰.۵۰ باشد، بیانگر وجود اختلاف بین دو جمعیت در آن جایگاه می‌باشد.

گذاشتن کلیه تجهیزات آزمایشگاهی، مواد و کیت‌های تعیین هویت Identifiler برای انجام تحقیق و همچنین به خاطر حمایت مالی با شماره گرانت ۹۱۰۰۱۲ قدردانی و تشکر می‌نماید.

منابع

1. Abrahamian E. A History of Modern Iran. Cambridge, 2008, 264.
2. Philip G.; Sperl, Stefan. The Kurds: A Contemporary Overview. London, New York: Routledge, 1992, 17-19.
3. Schneider, P. M. Scientific standards for studies in forensic genetics. Forensic Sci Int, 2007, 165(2-3): 238-43.
4. Budowle, B., Shea, B., Niezgodna, S, Chakraborty, R., CODIS STR loci data from 41 sample population, J Forensic Sci, 2001, 46(3): 453-89.
5. Hepple B. Compiler. Familial searching, inferring ethnicity and research uses. In: The forensic use of bioinformation: ethical issues. London: Nuffield Council on Bioethics; 2007, 77-88.
6. Fakhrzad, M, Tavalaie M, Houshmand SM. Mitochondrial genome as a powerful tool for identity. SJFM 2008; 14: 166-71. (Persian)
7. Redd, A. J., Chamberlain, V. F., Kearney, V. F., Stover, D., Karafet, T., Calderon, K., Walsh, B., Hammer, M. F. Genetic structure among 38 populations from the United States based on 11 U.S. core Y chromosome STRs. J Forensic Sci, 2006, 51(3): 580-5.
8. Hedjazi, A., Nikbakht, A., Hosseini, M., Hoseinzadeh, A., Hosseini, S. M. 2013 allele frequencies for 15 autosomal STR loci in Fars province population, southwest of Iran, Leg Med (Tokyo), 2012, 15(4): 226-8.
9. Shepard, E. M., Herrera, R. J. Iranian STR variation at the fringes of biogeographical demarcation, forensic science international. Forensic Sci Int, 2006, 158 (2-3): 140-8.

تونس از جمعیت‌های دیگر بسیار دور بودند. پس از شرق ترکیه، ایران به ترکیه و از طرفی به اعراب سوریه شباهت داشت. در نتیجه ایران از جمعیت‌های جنوب غربی اسپانیا، شمال آفریقا و شمال هند کاملاً دور می‌باشد. مطالعات نشان دادند، با وجود شباهت‌ها میان قفقازی‌ها، شرق ترکیه و ایران، باز هم تفاوت‌هایی میان این جمعیت‌ها وجود دارد و ایران جمعیت منحصر به فردی دارد؛ در واقع ایران تقاطع مهم میان اروپا، آفریقا و شرق دور است [۹].

لازمه به کارگیری یک مارکر ژنتیکی در بررسی‌های هویتی و جمعیتی، اطمینان از در تعادل بودن آن جایگاه از طریق آزمون استاندارد مربع کای است. در این مطالعه تمامی جایگاه‌ها به جز دو جایگاه D7S820 و D19S433 در جمعیت کرمانشاه در تعادل هاردی-واینبرگ بودند. این خروج از تعادل می‌تواند به علت مهاجرت و یا اشکال در نمونه‌گیری (کم بودن تعداد نمونه‌ها) باشد. از طرفی با توجه به اینکه در جمعیت کرمانشاه $PE_{combined}=0.9999$ و $PD_{combined}=0.9999$ بودند، می‌توان گفت که قدرت تمایز در پانزده جایگاه مورد مطالعه بسیار بالا بوده و این جایگاه‌ها برای آزمایش‌های تشخیص هویت و مطالعات جمعیتی و همچنین تحقیقات پلیس مناسب هستند. در مورد تحقیقات پلیس باید گفت که در حال حاضر به علت وجود مشکلات اخلاقی و کامل نبودن اطلاعاتی که در زمینه به‌کارگیری این جایگاه‌ها در یافتن مظنون یا مظنونین یک حادثه وجود دارد، فقط می‌توان از این اطلاعات برای محدود کردن مظنونین یک حادثه از میان جمع کثیری از آن‌ها استفاده نمود.

تقدیر و تشکر

نویسندگان از تمام افرادی که در انجام این مطالعه همکاری نمودند و همچنین از آزمایشگاه ژنتیک پزشکی تهران به خاطر در اختیار