Journal of Police Medicine

Fall 2015; Vol. 4, No. 3: 209-216

Original Article

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

Received: 2 August 2015 **Revised:** 2 September 2015 **Accepted:** 15 September 2015

Mona Davoodbeigi[1]
Shohre Zarekarizi[2]
Mohammadtaghi Akbari[3*]
Maryam Kalili Avati[4]

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

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

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

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

ABSTRACT

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 IdentifilerTM 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

پاییز ۱۳۹۴- دوره ۴- شماره ۳- صفحات ۲۱۶-۲۰۹

مجله طب انتظامی

مقاله تحقیقی

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

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

مواد و روش‌ها: 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 می‌باشد. این پانزده جایگاه عبارت‌اند از: D8S1179، D21S11، D7S820، CSF، D3S1358، TH01، D13S317، D16S539، D2S1338، D19S433، VWA، TPOX، D18S51، D5S818، FGA، VWA، TPOX و TH01.

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

نتیجه‌گیری: این مطالعه نشان داد که بررسی این جایگاه‌ها در جمعیت موردمطالعه، می‌تواند برای آزمایش‌های 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 داده‌های 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 واژه‌ها: فراوانی آللی، ژنتیک جمعیت، CODIS، STR، قوم کرد

مونا داودبیگی[۱]
شهره زارع کاریزی[۲]
محمدتقی اکبری[۳*]
مریم خلیلی اواتی[۴]

[۱]کارشناسی ارشد، ژنتیک، گروه زیست‌شناسی، دانشگاه گیلان، گیلان، ایران.
ایران.
[۲]استادیار، گروه زیست‌شناسی، واحد پیشوا، دانشگاه آزاد اسلامی، پیشوا، ورامین، ایران و آزمایشگاه ژنتیک پزشکی تهران، تهران، ایران.
[۳]دانشیار، گروه ژنتیک پزشکی، دانشکده علوم پزشکی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران و آزمایشگاه ژنتیک پزشکی تهران، تهران، ایران.
[۴]کارشناسی ارشد، علوم سلولی و مولکولی، گروه زیست‌شناسی، 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

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 می‌کند. بنا بر مطالعات انجام شده، امروزه ایران از قومیت های گوناگونی ازجمله فارس‌ها (۶۵درصد)، آذربایجانی‌ها (۱۶درصد)، کردها (۷درصد)، لرها (۶درصد)، بلوچ‌ها (۲درصد)، عرب‌ها (۲درصد)، ترکمن‌ها و قشقایی‌ها (۲درصد) و دیگران (۱ درصد) تشکیل یافته است [۱]. مردمان کرد

Journal of Police Medicine
Fall 2015; Vol. 4, No. 3: 209-216

بزرگ‌ترین و قدیمی‌ترین قوم آریایی ایران‌زمین هستند که از دیرباز در نواحی کوهستانی محصور غرب و شمال شرق فلات ایران ساکن هستند. بخش کردنشین جداشده 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 دریافتند که افراد یک جمعیت در الگوهای ژنتیکی خود دارای مشابهت‌هایی هستند که منحصر به همان جمعیت است و با الگوهای افراد جمعیت های 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 قرارگرفته‌اند که هر سه آن‌ها از هاپلوگروپ های مخصوص اورآسیای غربی می‌باشند [۶].

یکی از معمول ترین روش های آنالیز DNA، بررسی توالی های کوتاه تکراری موسوم به STR در ژنوم افراد است. STR ها، توالی هایی به طول یک تا سیزده نوکلئوتید هستند که در ژنوم موجودات در نواحی غیر کد کننده موجود می باشند. هر فرد توالی‌های منحصربه‌فردی داشته و هیچ دونفری 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 به‌منظور تعیین فراوانی آللی در قوم کرد ساکن در کرمانشاه از پانزده جایگاه STR در کیت Identifiler کمپانی ABI در روشی موسوم به تعیین الگوی DNA استفاده شد.

مواد و روش‌ها

در ایران قوم کرد در استان‌های مختلفی ساکن هستند که اکثریت آن ها در بخش هایی از شمال شرق، غرب و شمال غرب ایران سکونت دارند. یکی از استان های کردنشین واقع در غرب ایران استان کرمانشاه می‌باشد که جمعیت موردمطالعه از میان افراد کرد غیرخویشاوند ساکن در این استان جمع‌آوری‌شده است. بدین منظور پس از دریافت کتبی رضایت و رسم شجره از پنجاه فرد کرد غیر خویشاوند که سه نسل پدری و مادری آن ها کرد و ساکن کرمانشاه بوده‌اند، cc4 خون محیطی گرفته شد. سپس استخراج DNA به روش نمک اشباع انجام گرفت [۷]. تکثیر همزمان 15 (Multiplex PCR) جایگاه STR با استفاده از کیت AmpFlSTRIdentifilerTM انجام شد. این جایگاه‌ها عبارت‌اند از: D8S1179، D21S11، D7S820، CSF، D3S1358، TH01، D13S317، D16S539، D2S1338، D19S433، VWA، TPOX، D18S51، D5S818، FGA، VWA، TPOX، TH01 می‌باشند. واکنش PCR در دستگاه System 2720 Thermal CyclerABI Gene Amp با توجه به دستورالعمل توصیه شده توسط شرکت سازنده (Applied Biosystems) انجام شد. در مرحله بعد الکتروفورز محصولات PCR توسط دستگاه ABI PRISM 3130 Genetic Analyzer صورت گرفت. داده های خام با استفاده از نرم افزار v. 3.0Cervus تجزیه وتحلیل شد. پارامترهایی ازجمله هتروزیگوسیتی مورد مشاهده (Ho)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He)، فراوانی آللی به همراه پارامترهای پزشکی قانونی از قبیل (PIC)، (PD)، (PE) و (MP) محاسبه‌شده و نتایج با استفاده از آزمون G test با جمعیت‌های مختلف ازجمله جمعیت استان فارس و جمعیت کشورهای آذربایجان، عراق، ترکیه، پاکستان، ایرانیان مقیم دبی و آمریکا مقایسه شد.

یافته‌ها

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

مجله طب انتظامی
پاییز ۱۳۹۴- دوره ۴- شماره ۳- صفحات ۲۱۶-۲۰۹

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	THO1	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				۰/۵		۰/۰۲	
۹	۰/۰۱		۰/۰۸	۰/۱		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	۰/۱		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															

Journal of Police Medicine
Fall 2015; Vol. 4, No. 3: 209-216

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

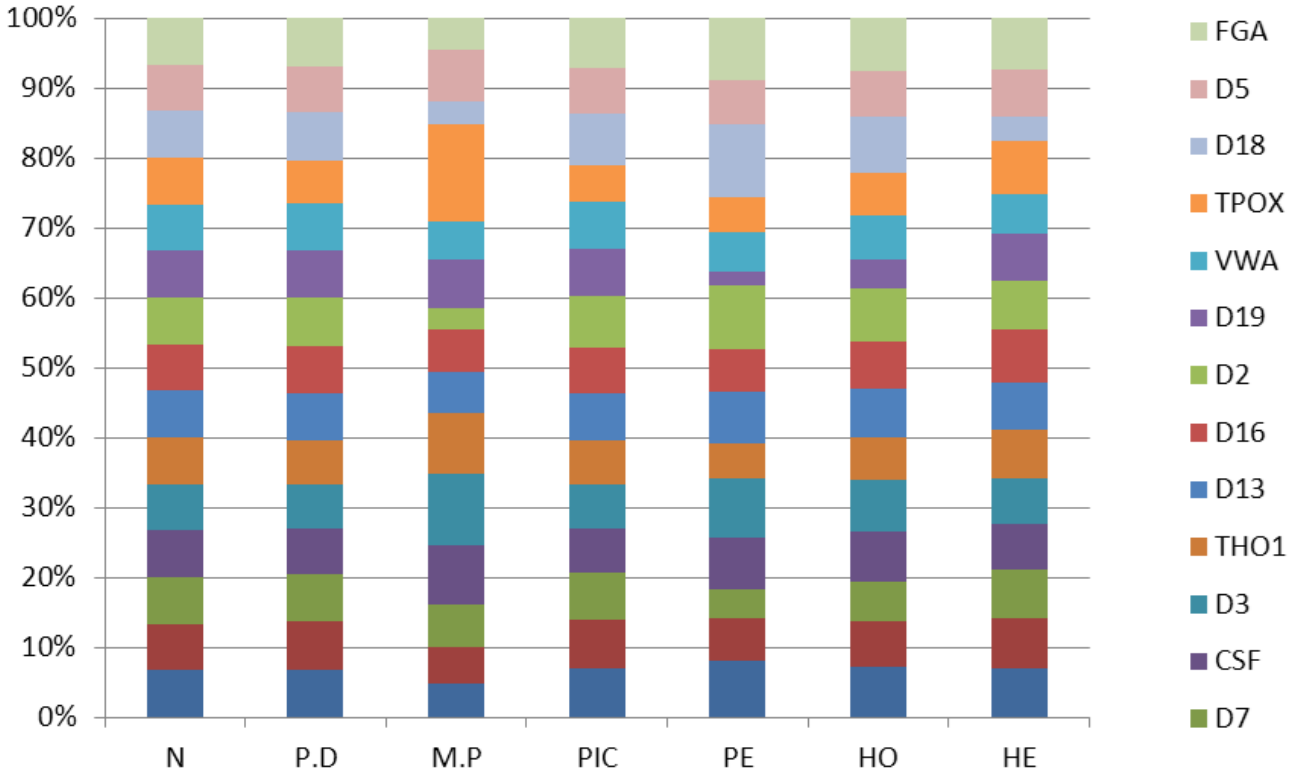
Allele	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF	D3S1358	THO1	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	VWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
۳۰		۰/۲۲													
۳۰/۲															
۳۱		۰/۰۳													
۳۱/۲		۰/۱۱													
۳۲		۰/۰۱													
۳۲/۲		۰/۱۰													
۳۳															
۳۳/۲		۰/۰۸													
۳۴															
۳۴/۲															
۳۵															
۳۵/۲															
۳۶															
۳۷															
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	۰/۳	۰/۷۶	۰/۴۲	۰/۶	۰/۵۵	۰/۸۲	۰	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:matchingprobability;PD: power of discrimination.

است. در این مطالعه همه جایگاه‌ها به‌جز 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 information content (PIC) ۰/۷۳۹۳ بود. این میزان PIC نشان‌دهنده آن است که همه جایگاه‌ها به‌شدت پلی‌مورفیسم دارند. همان طور که در نمودار ۱ مشاهده می شود، بیشترین مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده مربوط به جایگاه D18S51 (۰/۹) و کمترین میزان مربوط به جایگاه D19S433 (۰/۴۶) می باشد. بیشترین PIC در جایگاه D2S1338 (۰/۸۶) و کمترین میزان مربوط به جایگاه TPOX (۰/۵۹) بود. بیشترین Probability of 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 انجام‌شده 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 جمعیت ها در تک تک جایگاه ها بر اساس P-Value می باشند. برای مثال، ستون دوم مربوط به مقایسه جایگاه

مجله طب انتظامی
پاییز ۱۳۹۴- دوره ۴- شماره ۳- صفحات ۲۱۶-۲۰۹



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:matchingprobability

D8S1179 است که در آن اختلاف معنی دار میان جمعیت موردمطالعه 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. پس‌ازآن 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 کرد های 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 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. درنتیجه این مطالعه همه جایگاه‌ها به‌جز دو جایگاه D13S317 و TPOX در تعادل هاردی – واینبرگ بودند [۸].

در مطالعه‌ای که در سال ۲۰۰۵ توسط Shepard و Herrera به‌منظور 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 واقع‌شده، ولی از آفریقا فاصله زیادی دارد. در ادامه این مطالعه مشخص شد، دو گروه در شمال هند و بربرهای

جدول ۲: مقایسه جمعیت کرد کرمانشاه و سایر جمعیت‌ها

	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	THO1	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	VWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA	Ref
Iran-USA	۰/۰۰۰	۰/۷۲۷۲	۰/۳۱۸۱	۰/۰۰۹	۰/۵۵۴۵	۰/۱۰۹۰	۰/۱۰۹۰	۰/۰۸۱۸	۰/۰۸۱۸		۰/۳۸۱۸	۰/۳۸۱۸	۰/۴۰۹	۰/۸۷۲۷	۰/۹	۸
Iran-Dubai	۰/۶۸۱۸	–	۰/۷۶۳۶	۰/۲۷۲۷	۰/۴۱۸۱	۰/۲۸۱۸	۰/۷۵۴۵	–	–	–	۰/۴۸۱۸	۰/۰۰۰	۰/۴۴۵۴	۰/۹۳۳۶	۰/۰۰	۱۵
Azerbyjan	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۲۶۳۶	۰/۰۰۰	۰/۵۴	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۷۱۸۱	۰/۰۰۰	۱۰
Pakestan	۰/۰۰۰	۰/۵۲۷۲	۰/۴	۰/۰۸۱۸	۰/۹۹۰۹	۰/۰۲۷۲	۰/۰۱۸۱	۰/۴۱۸۱	–	–	۰/۱۱۸۱	۰/۰۰۹	۰/۰۰۰	۰/۰۸۱۸	۰/۰۰۰	۱۱
Iraq-kurdish	–	۰/۴۸۱۸	۰/۵۸۱۸	۰/۰۶۳	۰/۰۰۰	۰/۰۶۳۶	۰/۰۰۹۰	–	–	–	۰/۴۱۸۱	۰/۴۸۱۸	–	۰/۶۸۱۸	۰/۷۲۷۲	۱۳
Iraq	۰/۰۰۰	۰/۴۹	۰/۴۵۴۵	۰/۱۴۵۴	۰/۰۷۲۷	۰/۳۰۹	۰/۰۰۰	۰/۴۹۰۹	۰/۰۰۹	–	۰/۰۶۳۶	۰/۳۳۶۳	۰/۳۵۵۴	۰/۳۱۸۱	۰/۶۰۹	۱۲
Turkey	۰/۲۷۲۷	۰/۸۹	۰/۷۰۹۰	۰/۳۲۷۲	۰/۹۶۳۶	۰/۵۸۱۸	۰/۲۲۷۲	۰/۹۰۹۰	–	–	۰/۷۹	۰/۴۶۳۶	۰/۹	۰/۹۶۳۶	۰/۹۲۷۲	۱۴
Fars	۰/۱	۰/۷۹	۰/۴۶۳۶	۰/۰۵۴	۰/۶	۰/۰۸۱۸	۰/۴۰۹۰	۰/۳۵۴۵	۰/۵۳۶۳	۰/۰۱۸۱	۰/۱۳۶۳	۰/۳۵۴۵	۰/۲	۰/۲۳۶۳	۰/۰۰۰	۹

مقادیر p-value برای بررسی دوبه‌دو جمعیت در هر جایگاه می‌باشد. اگر مقدار آن کوچک‌تر از ۰۵/۰ باشد، بیانگر وجود اختلاف بین دو جمعیت در آن جایگاه می‌باشد.

مجله طب انتظامی
پاییز ۱۳۹۴- دوره ۴- شماره ۳- صفحات ۲۱۶-۲۰۹

تونس از جمعیت های 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 می باشد. مطالعات نشان دادند، باوجود شباهت ها میان قفقازی ها، شرق ترکیه و ایران، باز هم تفاوت هایی میان این جمعیت‌ها وجود دارد و ایران جمعیت منحصربه‌فردی دارد؛ در واقع ایران تقاطع مهم میان اروپا، آفریقا و شرق دور است [۹].

لازمه به کارگیری یک مارکر ژنتیکی در بررسی های هویتی و جمعیتی، اطمینان از در تعادل بودن آن جایگاه از طریق آزمون استاندارد مربع کای است. در این مطالعه تمامی جایگاه‌ها به‌جز دو جایگاه D7S820 و D19S433 در جمعیت کرمانشاه در تعادل هاردی- واینبرگ بودند. این خروج از تعادل می تواند به علت مهاجرت و یا اشکال در نمونه‌گیری (کم بودن تعداد نمونه‌ها) باشد. از طرفی با توجه به اینکه در جمعیت کرمانشاه PDcombined=0.9999 و PEcombined=0.9999 بودند، می توان گفت که قدرت تمایز در پانزده جایگاه موردمطالعه بسیار بالا بوده و این جایگاه ها برای آزمایش های 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 می توان 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 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, NewYork: Routledge,1992, 17–19.
3. Schneider, P. M.Scientific standards for studies in forensic genetics.Forensic SciInt, 2007,165(2-3):238 -43.
4. Budowle, B., Shea, B., Niezgoda., 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. Fakhraz, M, Tavalaei 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.2013allele 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 SciInt, 2006, 158 (2-3):140-8.