

بررسی فراوانی آلل‌های STR در مجرمین زندانی در استان فارس

محمد زارعیان جهرمی^۱، دکتر محمد کارگر^۲، مهدی کارگر^۳، ساره رییس‌زاده جهرمی^۴

مقاله پژوهشی

چکیده

مقدمه: میکروساتلیت‌ها یا نواحی STR (Short tandem repeat) توالی‌های کوتاه تکراری ۲ تا ۷ جفت بازی در ژنوم انسان هستند که در شناسایی اشخاص و همچنین تعیین رابطه‌ی والد-فرزندی در تحقیقات دادگاهی و جنایی مورد استفاده قرار می‌گیرند. هدف از این پژوهش، تعیین فراوانی آللی، هتروزیگوتی و قدرت تمایز آلل‌ها در ۴ لوکوس از ۱۳ لوکوس STR شامل (TPOX، THOI، FGA، CSFIPO) بود.

روش‌ها: این مطالعه بر روی ۱۹ نفر از مجرمین زندانی در استان فارس با روش PCR (Polymerase chain reaction) و الکتروفورز بر روی ژل پلی‌اکریل آمید انجام شد و نتایج آن با استفاده از نرم‌افزار Pop gene مورد ارزیابی قرار گرفت.

یافته‌ها: بیشترین ارزش تفکیک (Power of discrimination یا PD) در لوکوس‌های FGA و D18S51 مشاهده گردید. همچنین بیشترین پلی‌مورفیسم به ترتیب در لوکوس‌های FGA و D18S51 و کمترین در لوکوس TPOX مشاهده گردید. بیشترین هتروزیگوسیتی قابل انتظار به ترتیب در لوکوس‌های FGA و D18S51 و کمترین در TPOX مشاهده گردید.

نتیجه‌گیری: با توجه به نتایج، لوکوس‌های FGA و D18S51 به دلیل PD بالا و پلی‌مورفیسم بودن بهترین لوکوس‌ها برای تعیین هویت مجرمین در استان فارس می‌باشند.

واژگان کلیدی: STR، FGA، D18S51، مجرمین

ارجاع: زارعیان جهرمی محمد، کارگر محمد، کارگر مهدی، رییس‌زاده جهرمی ساره. بررسی فراوانی آلل‌های STR در مجرمین زندانی در استان فارس. مجله دانشکده پزشکی اصفهان ۱۳۹۱؛ ۳۰ (۲۱۶): ۲۱۲۵-۲۱۳۳

مقدمه

میکروساتلیت‌ها یا STR (Short tandem repeat) لوکوس‌ها با آلل‌هایی از توالی‌های کوتاه تکراری ۲ تا ۷ جفت بازی هستند (۱). این توالی‌ها در سراسر ژنوم انسانی پخش شده‌اند و در بین افراد جمعیت تفاوت‌های شایانی را نشان می‌دهند. STRهای

آتوزومی به عنوان ابزاری مفید در شناسایی اشخاص و همچنین تعیین رابطه‌ی والد-فرزندی در تحقیقات دادگاهی و جنایی مورد استفاده قرار می‌گیرند (۲-۳). این توالی‌ها به شدت پلی‌مورفیک هستند و می‌توانند به آسانی توسط روش PCR (Polymerase chain reaction) تکثیر گردند (۲).

۱- مربی، گروه میکروبیولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد جهرم، جهرم، ایران

۲- دانشیار، گروه میکروبیولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد جهرم، جهرم، ایران

۳- کارشناس آزمایشگاه، گروه میکروبیولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات، فارس، ایران

۴- دانشجوی دکتری، گروه میکروبیولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد جهرم، جهرم، ایران

نویسنده‌ی مسؤؤل: محمد زارعیان جهرمی

بین‌المللی رو به افزایش است، میزان فراوانی آلل‌ها در این ۱۳ لوکوس STR در تمام دنیا در حال محاسبه می‌باشد (۶). در کشورهای پیشرفته این کار انجام گرفته است و بررسی میزان آلل‌ها در این ۱۳ لوکوس STR در ایران نیز ضروری به نظر می‌رسد. هدف از این پژوهش تعیین فراوانی آللی، هتروزیگوسیتی و قدرت تمایز آلل‌ها در ۴ لوکوس از ۱۳ لوکوس STR را در ۱۹ نفر از مجرمین محکوم به قتل و آدم‌ربایی در استان فارس با روش PCR و الکتروفورز بر روی ژل پلی‌اکریل‌آمید بود.

روش‌ها

برای جمع‌آوری نمونه و استخراج DNA ابتدا با هماهنگی‌های صورت گرفته با دادگستری ۱۹ نفر از زندانیان و مجرمین جنایی محکوم به قتل و آدم‌ربایی انتخاب گردیدند. سپس با گرفتن رضایت‌نامه از هر یک از زندانیان و تعهد اخلاقی نسبت به مخفی بودن نام و مشخصات هر یک از افراد مورد آزمایش در کمیته‌ی اخلاقی دانشگاه آزاد اسلامی واحد جهرم، نمونه‌گیری انجام شد. از همه‌ی افراد مقدار ۲ میلی‌لیتر خون در حضور ماده‌ی ضد انعقاد EDTA گرفته شد و نمونه‌ها به آزمایشگاه تحقیقاتی دانشگاه آزاد اسلامی واحد جهرم منتقل گردیدند. استخراج DNA با استفاده از کیت استخراج DNA از خون (BIORAD، آمریکا) انجام شد و میزان غلظت DNA استخراجی با روش اسپکتروفتومتری مورد بررسی قرار گرفت. ۴ لوکوس از ۱۳ لوکوس STR شامل FGA، CSFIPO، D18S51 و TPOX بر اساس فراوانی آللی و قدرت تفکیک و تمایز بیشتر و کمتر در جمعیت انتخاب شدند. پرایمرها با استفاده از

سازمان (Federal Bureau of Investigation) FBI در آمریکا با استفاده از سیستم کامپیوتری CODIS (Combined DNA index system) از ۱۳ ناحیه‌ی STR استفاده نموده و پایگاه داده‌ی گسترده‌ای را برای ذخیره‌ی پروفایل‌های DNA تأسیس نموده است که از آن در انجام تحقیقات جنایی استفاده می‌نماید (۴). معیار انتخاب ۱۳ لوکوس از نواحی STR در سیستم CODIS به این ترتیب است که در این سیستم همه‌ی STRها توالی‌های تکراری تترامری هستند که بر روی کروموزوم‌های مجزا قرار گرفته‌اند. این STRها بر اساس اصول شناخته شده‌ی ژنتیک عمل می‌کنند و میزان جهش در آن‌ها کم می‌باشد (۲). توالی تکراری در ۱۳ لوکوس STR مختلف می‌باشد. ۴ لوکوس پژوهش حاضر بدین شرح بودند. لوکوس FGA حاوی تکرار GTTT و دامنه‌ی آللی ۵/۲ تا ۱۲/۲ تکرار است. لوکوس CSFIPO که مرکز تکرار آن AGAT است و دامنه‌ی آللی آن ۶ تا ۱۵ تکرار دارد. لوکوس TPOX دارای بنیان AATG است و کمترین پلی‌مورفیسم را در بین ۱۳ لوکوس STR دارا می‌باشد و لوکوس D18S51 دارای تکرار AGAA است و تاکنون بیش از ۵۰ لوکوس آللی از آن گزارش شده است (۵، ۳). زمانی که هر ۱۳ لوکوس STR مورد آزمایش قرار گیرند میزان میانگین تطابق تصادفی در بین افراد غیر مرتبط کمتر از ۱ در تریلیون (۱۰^{-۱۲}) خواهد بود (۲).

۱۳ لوکوس STR مورد استفاده در سیستم CODIS عبارت از D21S11، TH01، D31358، D18S51، D7S820، D13S317، D5S818، D16S539، TPOX، D8S1179، VWA، CSFIPO و FGA می‌باشد. از آن جایی که میزان جنایت‌های

طویل شدن انتهای ۷۲ درجه‌ی سانتی گراد به مدت ۱۰ دقیقه انجام شد.

محصولات PCR با استفاده از ژل پلی‌آکریل‌آمید ۱۴ درصد الکتروفورز شدند و سایز محصولات با استفاده از نرم‌افزار ژل داگ مدل (UKU-Genus) تا دقت ۱ جفت بازی اندازه‌گیری شد (۷).

نتایج حاصل از PCR با نرم‌افزار تخصصی ژنتیک جمعیت POPGENE نسخه‌ی ۱/۳۲ مورد ارزیابی قرار گرفت. آنالیز آماری در سطح $P < ۰/۰۵$ مورد ارزیابی قرار گرفت.

یافته‌ها

در این پژوهش آلل‌های ۴ لوکوس از STR را در ۱۹ نفر از زندانیان متهم به قتل و آدم‌ربایی در استان فارس مورد ارزیابی قرار دادیم.

بیشترین پلی مورفیسم را در لوکوس FGA سپس در لوکوس D18S51 و کمترین را در لوکوس TPOX مشاهده نمودیم (جدول ۲).

سایت NCBI و Blast کردن در Gene bank طراحی شد (جدول ۱).

PCR با استفاده از ترمال سایکلر (Techne، آلمان) در ویال‌های ۰/۲ میلی‌لیتر عاری از DNase و RNase انجام گرفت. برای انجام آزمایش از ویال PCR شامل ۵۰ نانوگرم از DNA فرد، بافر P.C.R 1 X، ۱/۵ میلی‌مول $MgCl_2$ (برای FGA از ۲ میلی‌مول $MgCl_2$ استفاده گردید)، ۰/۶ میکرومول از هر کدام از پرایمرها و ۲۰۰ میکرومول از dNTP (فرمتاز، آلمان) و یک واحد Taq پلی‌مراز (فرمتاز، آلمان) استفاده شد. PCR ۳ لوکوس CSFIPO، D18S51 و TPOX به صورت Multiplex انجام گرفت (۷). برنامه‌ی زمانی به صورت دمای دناتوره شدن اولیه‌ی ۹۵ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۳ دقیقه و ۳۵ سیکل به صورت دناتوره شدن در ۹۴ درجه‌ی سانتی‌گراد برای ۳۰ ثانیه، آنالینگ ۶۴ درجه‌ی سانتی‌گراد برای ۴۵ ثانیه و مرحله‌ی طویل شدن ۷۲ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه و در آخر

جدول ۱. توالی پرایمرهای ۴ لوکوس (Short tandem repeat) STR

منبع	Tm	زنجیره‌ی پرایمر PCR	اندازه‌ی محصول (جفت باز)	موقعیت کروموزومی	لوکوس STR
(۸)	۶۴/۱۹	(F) 5'-AAC CTG AGT CTG CCA AGG ACT AGC-3'	۳۳۱-۲۹۱	q۵	CSFIPO
	۶۵/۱۴	(R) 5'-TTC CAC ACA CCA CTG GCC ATC TTC-3'			
(۹-۱۰)	۵۸/۲۰	(F) 5'-GCC CCA TAG GTT TTG AAC TCA-3'	۱۵۸-۳۱۴	q۴	FGA
	۵۷/۵۶	(R) 5'-TGA TTT GTC TGT AAT TGC CAG C-3'			
(۸)	۶۲/۲۳	(F) 5'-ATT CAA AGG GTA TCT GGG CTC TGG-3'	۱۷۱-۲۱۵	p۱۱	THO1
	۶۳/۲۷	(R) 5'-GTG GGC TGA AAA GCT CCC GAT TAT-3'			
(۶)	۶۴/۸۹	(F) 5'-ACT GGC ACA GAA CAG GCA CTT AGG-3'	۲۲۰-۲۵۶	p۲	TPOX
	۶۵/۹۹	(R) 5'-GGA GGA ACT GGG AAC CAC ACA GGT TA-3'			

جدول ۲. فراوانی اللی ۴ لوکوس STR در ۱۹ نفر از مجرمین استان فارس

الل / لوکوس	CSF1PO	FGA	TPOX	D18S51
۹			۰/۰۵۲۶	
۱۲			۰/۳۱۵۸	
۱۴			۰/۰۵۲۶	
۱۵			۰/۰۵۲۶	
۱۵/۳				۰/۰۵۲۶
۱۶			۰/۲۱۰۵	
۱۷	۰/۱۸۴۲			
۱۸	۰/۱۳۱۶			
۱۹	۰/۰۵۲۶	۰/۰۲۶۳		
۱۹/۳		۰/۰۲۶۳		
۲۰	۰/۳۱۵۸			
۲۰/۱				۰/۰۵۲۶
۲۰/۳		۰/۰۵۲۶		
۲۱	۰/۱۸۴۲	۰/۰۵۲۶		۰/۰۵۲۶
۲۲	۰/۰۵۲۶	۰/۰۵۲۶		
۲۲/۱				۰/۰۵۲۶
۲۳		۰/۱۰۵۳		
۲۳/۱				۰/۲۳۶۸
۲۴		۰/۰۷۸۹		۰/۰۲۶۳
۲۴/۱		۰/۱۵۷۹		
۲۵	۰/۰۵۲۶	۰/۱۸۴۲		۰/۰۷۸۹
۲۶	۰/۰۲۶۳			۰/۰۲۶۳
۲۶/۱		۰/۱۵۷۹		
۲۶/۳		۰/۰۷۸۹		
۲۷		۰/۰۵۲۶		۰/۱۰۵۳
۲۷/۱		۰/۰۵۲۶		
۲۸				۰/۰۵۲۶
۲۹/۱				۰/۰۵۲۶
۳۲		۰/۰۲۶۳		

لوکوس‌های CSF1PO و TPOX متعلق به آلل ۱۶ با میزان ۲۱/۰۵ درصد بود (جدول ۲).
ارزش تفکیک (Power of discrimination یا PD) در لوکوس‌های CSF1PO، FGA، TPOX و

بیشترین فراوانی اللی در لوکوس D18S51 مربوط به آلل ۲۳/۱ با میزان ۲۳/۶۸ درصد و آلل ۲۵ با میزان ۱۸/۴۲ درصد، در لوکوس FGA مربوط به آلل‌های ۱۷ و ۲۱ با میزان ۱۸/۴۲ درصد و در

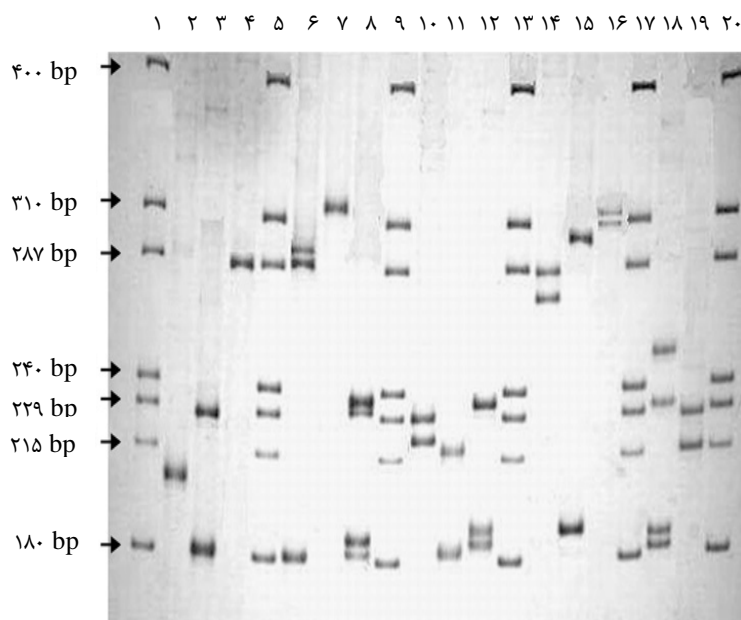
در لوکوس‌های FGA و D18S51 و کمترین را در TPOX مشاهده نمودیم (جدول ۳).
الکتروفورز ژل پلی‌اکریل‌آمید ۴ لوکوس STR در شکل ۱ نشان داده شده است.

D18S51 به ترتیب برابر ۰/۷۸۵۲، ۰/۹۱۶۶، ۰/۷۳۳۹ و ۰/۸۴۳۵ بود. در این تحقیق بیشترین PD را لوکوس‌های FGA و D18S51 داشتند (جدول ۳).
بیشترین هتروزیگوسیتی قابل انتظار را به ترتیب

جدول ۳. پارامترهای جرم‌شناسی ۴ لوکوس STR در جمعیت ۱۹ نفری مجرمین استان فارس

forensic efficiency parameters/ Locus	CSF1PO	FGA	TPOX	D18S51
H (Ob)	۰/۸۴۲۱	۰/۸۴۲۱	۱/۰۰۰۰	۰/۷۳۶۸
H (ex)	۰/۸۲۷۹	۰/۹۲۸۹	۰/۷۳۴۰	۰/۸۹۳۳
PD	۰/۷۸۵۲	۰/۹۱۶۶	۰/۷۳۳۹	۰/۸۴۳۵
P	۰/۰۰۰۰۹۴	۰/۲۳۶۴۱۷	$P \leq ۰/۰۰۱$	۰/۰۵۵۴۸۶

P: Hardy-Weinberg equilibrium, exact test based, the exact test represents statistically significant difference at the $P \leq 0.05$ level.
H (Ob): Observed heterozygosity
H (ex): Expected heterozygosity



شکل ۱. الکتروفورز ژل پلی‌اکریل‌آمید ۴ لوکوس STR

سایز مولکولی لوکوس‌های مختلف به همراه سایز DNA marker مورد آزمایش بر حسب جفت باز (base pair یا bp) بدین شرح بود:
(1:1 mixture of Roche DNA molecular size markers VI and VIII): 1, 5, 9, 13, 17, 20. 2:[FGA(204 bp)], 6:[D18S51(287 bp, 290 bp)], 7:[CSF1PO(312 bp)], 8:[TPOX(232 bp, 236 bp)], 11:[FGA(183 bp, 217 bp)], 15:[D18S51(301 bp)], 16:[CSF1PO(307 bp, 311 bp)], 18:[TPOX(233 bp, 253 bp)],

(۱۱)، Muro و همکاران (۱۲)، Egyed و همکاران (۱۳) و Monterrosa و همکاران (۱۴) نیز بیشترین میزان PD را در لوکوس FGA گزارش کردند. Lim و همکاران کمترین میزان PD را در لوکوس TPOX

بحث

نتایج این تحقیق با تحقیقات بسیاری از محققان شباهت و در پاره‌ای موارد تفاوت دارد. در مورد شاخص ارزش تفکیک در جمعیت Lim و همکاران

مشاهده کردند (۱۱). نتایج حاصل از این تحقیق‌ها با تحقیق ما مطابقت دارد.

در این پژوهش بیشترین پلی‌مورفیسم در لوکوس‌های FGA و D18S51 مشاهده شد که مشابه نتایج تحقیق Syn و همکاران (۱۵) و Vecchio و همکاران (۱۶) بود. Tong و همکاران (۱۷) و Chouery و همکاران (۱۸) پلی‌مورفیسم‌ترین لوکوس‌ها و بالاترین میزان PD را در لوکوس‌های PentaE، FGA و D18S51 مشاهده کردند. لوکوس PentaE جزء لوکوس‌های CODIS نیست. بنابراین یافته‌های آنان با تحقیق ما شباهت دارد.

Talledo و همکاران فراوانی آللی را در ۱۵ لوکوس اتوزومی STR مورد بررسی قرار دادند و از لوکوس‌های FGA و D18S51 استفاده نکردند. نتایج به دست آمده با نتایج تحقیق ما متفاوت بود (۱۹).

در این پژوهش بیشترین هتروزیگوسیتی قابل انتظار در لوکوس‌های FGA و D18S51 مشاهده شد. Skitsa و همکاران نیز بیشترین هتروزیگوسیتی قابل انتظار را در لوکوس FGA مشاهده کردند (۲۰).

در مورد فراوانی آللی نیز باید گفت که نتایج حاصل از این پژوهش با نتایج دیگر پژوهش‌ها متفاوت بود. Lim و همکاران بیشترین فراوانی آللی را در لوکوس‌های FGA، CSF1PO، TPOX و D18S51 به ترتیب در آلل‌های ۱۲، ۲۳، ۸ و ۱۴ مشاهده کردند (۱۱).

Muro و همکاران فراوانی آلل در این چهار لوکوس را به ترتیب در آلل‌های ۱۰، ۲۲، ۱۷ و ۱۱ مشاهده کردند (۱۲). در این پژوهش بیشترین فراوانی آللی به ترتیب در آلل‌های ۱، ۲۳، ۲۵، ۱۷، ۲۱ و ۱۶ مشاهده گردید. این اختلاف به دلیل توزیع فراوانی

آللی در جمعیت‌های مختلف بود. بر این اساس مهاجرت‌ها و ریشه یک جمعیت را می‌توان مورد بررسی قرار داد.

Stanciu و همکاران فراوانی آللی ۱۵ توالی ماهوارک را در منطقه‌ی والاچیا واقع در جنوب رومانی مورد مطالعه قرار دادند (۲۱). در این پژوهش ۱۱ جمعیت مورد بررسی قرار گرفت که بر اساس این ۱۵ توالی اختلاف قابل ملاحظه‌ای بین جمعیت والاچیا و جمعیت صربستان با کرووات وجود نداشت. این بدان معنی است که منطقه‌ی والاچیا به صورت ژنتیکی به صرب‌ها و کرووات بسیار بیشتر از یونان، ترکیه، ایتالیا، مجارستان، بلاروس و هلند شبیه است (۲۱).

Perez-Mirana و همکاران تنوع ژنتیکی و مهاجرت در جمعیت قطر را با استفاده از تنوع آللی STR مورد ارزیابی قرار دادند. در این تحقیق جمعیت قطر با دیگر جمعیت‌های عرب مانند سوریه، مصر از لحاظ نژادی متفاوت بود (۲۲).

با توجه به نتایج حاصل از این تحقیق و شباهت بسیار زیاد این تحقیق با دیگر تحقیقات می‌توان گفت که لوکوس‌های FGA و D18S51 به دلیل قدرت تمایز بالا در جمعیت و پلی‌مورفیسم بودن این لوکوس‌ها، می‌توانند به عنوان بهترین شاخص جهت تشخیص و تعیین هویت مجرمین و افراد جامعه در استان فارس مورد استفاده قرار گیرند.

با توجه به این که سازمان FBI در آمریکا و دیگر کشورها درصد فراوانی آللی و قدرت تمایز ۱۳ STR متعلق به CODIS را بررسی کرده و نتایج را در احداث بانک ژن و تعیین هویت افراد و مجرمین مورد استفاده قرار داده است، این روش به تدریج جایگزین

تشکر و قدردانی

نویسندگان این مقاله بر خود لازم می‌دانند از حوزه‌ی معاونت پژوهشی دانشگاه آزاد اسلامی واحد جهرم به دلیل حمایت‌های مالی و اجرایی جهت انجام این پژوهش تشکر و قدردانی نمایند.

انگشت‌نگاری شده است (۳-۴). بنابراین در کشور ما نیز بررسی توالی‌های STR در جمعیت‌ها و قومیت‌های مختلف ضروری به نظر می‌رسد. جهت نیل به این هدف باید گام‌های ضروری در جهت احداث بانک ژن در کشور برداشته شود.

References

- Weber JL, May PE. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *Am J Hum Genet* 1989; 44(3): 388-96.
- Santos SM, Budowle B, Smerick JB, Keys KM, Moretti TR. Portuguese population data on the six short tandem repeat loci--CSF1PO, TPOX, THO1, D3S1358, VWA and FGA. *Forensic Sci Int* 1996; 83(3): 229-35.
- Butler JM. *Forensic DNA typing*. 2nd ed. New York, NY: Academic Press; 2005. p. 85-90.
- Goodwin W, Linacre A, Hadi S. *An Introduction to forensic genetics*. 1st ed. London, UK: John Wiley & Sons; 2007. p. 1-30.
- Halder SK, Akhteruzzaman Sh. Allele frequency of three autosomal STR loci D16S539, D7S820 and D13S317 in a Bangladeshi population sample. *Biotechnology* 2006; 5(2): 18-182.
- Yamamoto T, Mizutani M, Uchihi R, Tanaka M, Yoshimoto T, Misawa S, et al. Allele distributions and genetic relationship with 13 CODIS core STR loci in various Asian populations in or near Japan. *International Congress Series* 2003; 1239: 117-20.
- Azari S, Ahmadi N, Tehrani MJ, Shokri F. Profiling and authentication of human cell lines using short tandem repeat (STR) loci: Report from the National Cell Bank of Iran. *Biologicals* 2007; 35(3): 195-202.
- Masibay A, Mozer TJ, Sprecher C. Promega Corporation reveals primer sequences in its testing kits. *J Forensic Sci* 2000; 45(6): 1360-2.
- Urquhart A, Kimpton CP, Downes TJ, Gill P. Variation in short tandem repeat sequences--a survey of twelve microsatellite loci for use as forensic identification markers. *Int J Legal Med* 1994; 107(1): 13-20.
- Liao G, Liu T, Ying B, Sun L, Zou Y, Wang Z, et al. Population genetic study of 15 STR loci in a Chinese population. *J Forensic Sci* 2008; 53(1): 252-3.
- Lim SE, Tan-Siew WF, Syn CK, Ang HC, Chow ST, Budowle B. Genetic data for the 13 CODIS STR loci in Singapore Indians. *Forensic Sci Int* 2005; 148(1): 65-7.
- Muro T, Fujihara J, Imamura S, Nakamura H, Yasuda T, Takeshita H. Allele frequencies for 15 STR loci in Ovambo population using AmpFISTR Identifier Kit. *Leg Med (Tokyo)* 2008; 10(3): 157-9.
- Egyed B, Furedi S, Angyal M, Balogh I, Kalmar L, Padar Z. Analysis of the population heterogeneity in Hungary using fifteen forensically informative STR markers. *Forensic Sci Int* 2006; 158(2-3): 244-9.
- Monterrosa JC, Morales JA, Garcia O. Genetic variation for 15 short tandem repeat loci in an El Salvadoran (Central America) population. *J Forensic Sci* 2006; 51(2): 451-2.
- Syn CK, Chuah SY, Ang HC, Lim SE, Tan-Siew WF, Chow ST, et al. Genetic data for the 13 CODIS STR loci in Singapore Chinese. *Forensic Sci Int* 2005; 152(2-3): 285-8.
- Vecchio C, Garofano L, Saravo L, Spitaleri S, Iacovacci G, Santacroce M, et al. Allele frequencies for CODIS loci in a Sicilian population sample. *International Congress Series* 2004; 1261: 136-8.
- Tong D, Sun H, Gao F, Lu H, Wu X. Polymorphism analysis of 15 STR loci in a large sample of the Han population in southern China. *Forensic Sci Int Genet* 2009; 4(1): e27-e29.
- Chouery E, Coble MD, Strouss KM, Saunier JL, Jalkh N, Medlej-Hashim M, et al. Population genetic data for 17 STR markers from Lebanon. *Leg Med (Tokyo)* 2010; 12(6): 324-6.
- Talledo M, Gavilan M, Choque C, Aiquipa L, Arevalo J, Montoya Y. Comparative allele distribution at 16 STR loci between the Andean and coastal population from Peru. *Forensic Sci Int Genet* 2010; 4(4): e109-e117.
- Skitsa I, Salas A, Lareu MV, Carracedo A. STR-CODIS typing in Greece. *Forensic Sci Int* 2003; 137(1): 104-6.
- Stanciu F, Stoian IM, Popescu OR. Population data for 15 short tandem repeat loci from

Wallachia Region, South Romania. Croat Med J
2009; 50(3): 321-5.
22. Perez-Miranda AM, Alfonso-Sanchez MA,

Pena JA, Herrera RJ. Qatari DNA variation at a
crossroad of human migrations. Hum Hered
2006; 61(2): 67-79.

Frequency of Short Tandem Repeat Alleles in Prisoners in Fars Province, Iran

Mohammad Zareian Jahromi MSc¹, Mohammad Kargar PhD², Mehdi Kargar³,
Sareh Reyiszadeh MSc⁴

Original Article

Abstract

Background: Microsatellites or short tandem repeats (STRs) are repeating 2-7 base-pair sequences in human genome. They are used to identify individuals in criminal investigations and court cases. This study aimed to determine the frequency of alleles, heterozygosity, and power of discrimination (PD) at four loci out of 13 loci of STRs including CSF1PO, FGA, D18S51, and TPOX in Fars Province, Iran.

Methods: In the present study, polymerase chain reaction (PCR) and polyacrylamide gel electrophoresis were used to evaluate the STRs of 19 criminals in Fars Province, Iran.

Findings: PD values for CSF1PO, FGA, TPOX and D18S51 were 0.7852, 0.9166, 0.7339, and 0.8435, respectively. The FGA and D18S51 loci had the highest PD. The most common polymorphism was observed in the FGA and D18S51 loci and the lowest was in the TPOX. The highest expected heterozygosity was observed at loci D18S51 and FGA. TPOX had the lowest heterozygosity.

Conclusion: Considering their high PD and polymorphism, FGA and D18S51 are the best loci to identify criminals in Fars Province.

Keywords: Short tandem repeats, FGA, D18S51, Criminals

Citation: Zareian Jahromi M, Kargar M, Kargar M, Reyiszadeh S. **Frequency of Short Tandem Repeat Alleles in Prisoners in Fars Province, Iran.** J Isfahan Med Sch 2013; 30(216): 2125-33

1- Lecturer, Department of Microbiology, Islamic Azad University, Jahrom Branch, Jahrom, Iran

2- Associate Professor, Department of Microbiology, Islamic Azad University, Jahrom Branch, Jahrom, Iran

3- Department of Microbiology, Islamic Azad University, Science and Research Branch, Shiraz, Iran

4- PhD Student, Department of Microbiology, Islamic Azad University, Jahrom Branch, Jahrom, Iran

Corresponding Author: Mohammad Zareian Jahromi MSc, Email: mzareian@jia.ac.ir