

مطالعه منطقه بسیار متغیر ۲ (HV2) از mtDNA جهت کاربرد در تشخیص هویت از طریق نسل مادری

دکتر سعید مروتی* - مهستی مدرسی** - دکتر علی کرمی***

*متخصص ژنتیک انسانی، استادیار مرکز تحقیقات بیولوژی مولکولی، پژوهشکده طب رزمی، دانشگاه علوم پزشکی بقیه الله (عج)

**کارشناس ارشد بیوتکنولوژی مولکولی، اداره تشخیص هویت نیروی انتظامی

***دکترای بیوتکنولوژی مولکولی، استادیار مرکز تحقیقات بیولوژی مولکولی، پژوهشکده طب رزمی، دانشگاه علوم پزشکی بقیه الله (عج)

چکیده

زمینه و هدف: DNA میتوکندریایی دارای خواصی است که می تواند در تشخیص هویت مخصوصا در مواردی که DNA هسته ای به مقدار کافی وجود ندارد مفید باشد. از جمله این ویژگی ها می توان به تعداد زیاد نسخه ها در سلول، مقاومت بیشتر در برابر تخریب و کوتاه بودن طول ژنوم اشاره کرد. در DNA میتوکندریایی منطقه ای به نام ناحیه بسیار متغیر (hypervariable) وجود دارد که خود به دو منطقه بسیار متغیر ۱ و بسیار متغیر ۲ تقسیم بندی می گردد.

روش بررسی: ۱۰ خانواده غیر وابسته در ۳ نسل متوالی (مادربزرگ، مادر، نوه) به طور تصادفی انتخاب شدند. از آنها خونگیری به عمل آمد و DNA میتوکندریایی استخراج گردید. سپس توالی نوکلئوتیدی منطقه بسیار متغیر ۲ تعیین شد.

یافته ها: ۴۹ نقطه پلی مورفیک در منطقه بسیار متغیر ۲ شناسایی شد. توالی نوکلئوتیدی منطقه بسیار متغیر ۲ و پلی مورفیسم های ایجاد شده در هر خانواده جز ۵ مورد هتروپلاسمی کاملا شبیه به یکدیگر بود. میانگین تفاوت نوکلئوتیدی در بین خانواده های غیرخویشاوند ۲/۸ نوکلئوتید تعیین شد.

نتیجه گیری: از بررسی توالی نوکلئوتیدی منطقه بسیار متغیر DNA میتوکندریایی می توان به عنوان ابزاری مؤثر جهت تعیین هویت به ویژه در مورد نمونه های اندک، شدیداً تخریب شده و قدیمی استفاده نمود.

واژگان کلیدی: DNA میتوکندریایی، منطقه بسیار متغیر ۲، پلی مورفیسم، تعیین هویت

پذیرش مقاله: ۱۳۸۵/۳/۱۷

وصول مقاله: ۱۳۸۴/۸/۸

نویسنده مسئول: تهران، صندوق پستی ۱۹۹۴۵/۵۸۱ morovvati@bmsu.ac.ir

مقدمه

نکرده است و با فرکانس بسیار زیادی حدود ۱۰ برابر DNA هسته ای تمایل به جهش دارد (شکل ۱). بر اساس تخمین محققین تفاوت نوکلئوتیدها در mtDNA در بین افراد غیر خویشاوند حدود ۱ تا ۲ نوکلئوتید به ازای هر ۱۰۰ نوکلئوتید است. میزان بالای جهش و وجود تفاوت در افراد مختلف در این ناحیه سبب شده است تا این ناحیه در تشخیص هویت مورد توجه دانشمندان علوم نظامی و پزشکی قانونی قرار گیرد (۲). در اکثر سیستم های DNA Typing از ژنوم هسته - ای استفاده می شود اما در مواردی که مقدار DNA استخراج شده از بافت هایی نظیر استخوان، دندان و یا مو بسیار کم باشد یا در مواردی که نمونه بیولوژیک قدیمی و تخریب شده باشد، احتمال DNA Typing توسط mtDNA نسبت به سایر شاخص های پلی مورفیک هسته ای نظیر مارکرهای STR بسیار بیشتر است. از آنجا که تا هزاران نسخه از ژنوم mtDNA در یک سلول منفرد می تواند وجود داشته

میتوکندری اندامکی سیتوپلاسمی است که در سیتوپلاسم همه سلول های یوکاریوتی وجود دارد. این اندامک که قادر به تولید انرژی برای سلول است دارای DNA حلقوی اختصاصی و مستقل از DNA هسته ای به طول ۱۶۵۶۹ جفت باز و ۳۷ ژن است که محصولاتی را در فرآیند فسفریلاسیون اکسیداتیو کد می کند. به حسب سن و نوع سلول، هر میتوکندری واجد یک یا چند مولکول DNA حلقوی است (۱). DNA میتوکندری (mtDNA)؛ شبیه مولکول DNA در پروکاریوت ها، غنی از سیتوزین و گوانین است و پایداری زیادی در برابر گرما دارد. mtDNA حاوی ناحیه بسیار متغیر (Hypervariable) به نام Displacement-loop یا D-loop است که پروتئینی کد

در تشخیص هویت در کشور ما چندان روشن نیست. در این مطالعه ناحیه بسیار متغیر دو (HV۲) از mtDNA را در سه نسل متوالی مادری از ۱۰ خانواده غیر وابسته مورد بررسی قرار داده‌ایم و به مقایسه آن با رفرنس آندرسون (۵) و دیگر مطالعات انجام شده در این زمینه در سایر کشورها پرداخته‌ایم تا در صورت دارا بودن ارزش کاربردی در تشخیص هویت از این تکنیک در کنار مارکرهای STR برای تعیین هویت استفاده شود.

روش بررسی

در این تحقیق سه نسل متوالی مادری از ۱۰ خانواده غیر خویشاوند به طور تصادفی انتخاب شدند و پس از توضیح اهداف تحقیق و اخذ رضایت کتبی از آنها در مطالعه وارد گردیدند.

از هر یک از افراد انتخاب شده (مادربزرگ، مادر و نوه) دو میلی-لیتر خون وریدی محیطی گرفته شد و درون میکروتیوب‌های حاوی پنج میلی گرم EDTA ریخته شد. به همین ترتیب از هر یک از ۱۰ خانواده انتخاب شده، سه نسل مادری متوالی انتخاب شد و نمونه گیری از ۳۰ نمونه مذکور صورت پذیرفت.

DNA نمونه های خون مذکور به روش استاندارد فنل کلروفرم (۶، ۷) استخراج شد و سپس وجود آنها بر روی ژل آگارز تایید و غلظت و خلوص آن توسط روش اسپکتروفتومتری تعیین گردید.

با استفاده از منابع و اطلاعات موجود، پرایمرهای مناسب برای قطعه مورد نظر یعنی قطعه HV۲ طراحی، انتخاب و تهیه گردید که سکانس آنها به شرح ذیل می باشد:

F 8-29 (5'-GGTCTATCACCTATTAACCAC-3')

and

R 429-408(CTGTAAAAAGTGCATACCGCCA)

روش PCR برای تکثیر قطعه HV۲ اپتیمایز شد. در نتیجه

PCR با مواد و سیکل حرارتی زیر انجام شد و قطعاتی به طول ۴۲۰ نوکلئوتید تکثیر گردیدند:

Buffer 10X 2.5µl, dNTP 1 µl, primer R µl, primer F µl, Mgcl2 0.6 µl

Taq polymerase gold 0.3 µl, Sample DNA 2 µl, dH2O 16.6 µl, Total Volume 25 µl

Initiation denaturation-3min-95c (الف)

Denaturation-1min-94c, Annealing-1min-57c, (ب)

Extension-1min-72c, ×30 cycles

Final Extension-10min-72c (ج)

۳۰ نمونه استخراج شده فوق الذکر به روش اپتیمایز شده فوق

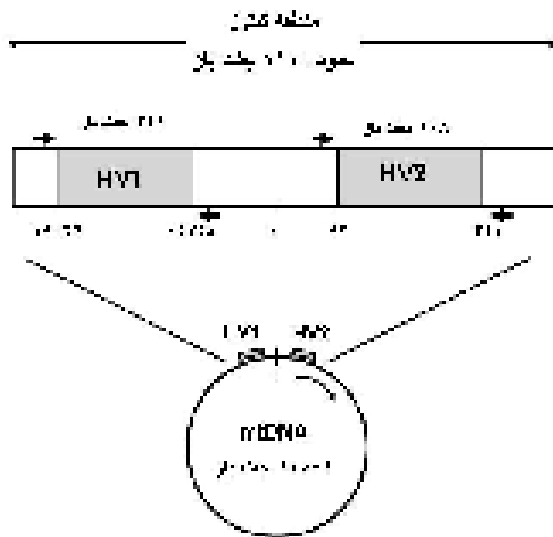
بوسیله PCR تکثیر شدند.

سپس محصول PCR حاصل از قطعه HV۲ از ۳۰ نمونه

مورد بررسی به روش BigDye ترمیناتور (Applied

Biosystems) و با دستگاه سکونسر ژنتیکی ABI PRISM

مدل ۳۷۷ تعیین توالی گردید.



شکل ۱- نواحی HV۱ و HV۲ در mtDNA

باشد، mtDNA به علت فراوانی و اندازه نسبتاً کوچکش در مقایسه با DNA هسته‌ای، آخرین DNA باقیمانده قابل type کردن در نمونه‌های تخریب شده، قدیمی و نمونه‌های جزیی به شمار می‌رود (۳). mtDNA را از سلول‌های مرده تار مو، استخوان‌ها و دندان می‌توان استخراج کرد. در حالیکه برای انجام DNA Typing هسته‌ای از مو حتماً به ریشه مو نیاز است. ضمن اینکه استخوان‌های قدیمی، غلاف مو و ناخن‌های چیده شده معمولاً برای DNA Typing هسته‌ای، نمونه‌های قابل اطمینانی نیستند. به علت فراوان بودن میتوکندری در درون سلول‌ها اگر نمونه های بیولوژیک بسیار تخریب شده باشند باز هم mtDNA به قدر کافی وجود دارد که بتوان توالی نوکلئوتیدهای آن را بدست آورد. نکته دیگر اینکه صفات اجدادی پدری را توسط شاخص‌های کروموزوم Y و صفات اجدادی مادری را از طریق توالی mtDNA می‌توان ردیابی کرد. چرا که کروموزوم Y منحصرأ از پدر به پسر منتقل می‌شود و وراثت ژن‌های میتوکندری نیز منحصرأ از طریق مادر صورت می‌گیرد. این خصوصیت mtDNA که در طول نسل‌های متمادی کم و بیش دست نخورده به ارث می‌رسد و نوترکیبی ژنتیکی سبب تنوع جدید در آن نمی‌شود، در ردیابی خانواده‌ها و نسل‌های خویشاوند مفید است. اگرچه جهش در mtDNA می‌تواند اختلافات جدیدی را در میان اعضای یک خانواده بوجود آورد اما مقدار این تفاوت‌ها زیاد نیست. لذا از نظر تئوری mtDNA یک فرد باید با مادر و خویشاوندان مادری‌اش یکسان باشد. از این روش پیش از این در شناسایی استخوان‌های بسیار قدیمی سربازان گمنام جنگ ویتنام (۴) و نیز در شناسایی بقایای جسد تزار روسیه نیکلاس دوم استفاده شده است. از آنجا که در این خصوص در کشور ما مطالعه‌ای صورت نپذیرفته و میزان تفاوت‌های احتمالی در توالی mtDNA در افراد خویشاوند و غیرخویشاوند بررسی نگردیده است، ارزش کاربردی آن

یافته ها

بحث

همانطور که در جدول ۱ آمده است پلی مرفیسم های ایجاد شده در منطقه HV۲ از ژنوم میتوکندری در ۱۰ خانواده غیر خویشاوند مورد مطالعه، بر حسب شماره نوکلئوتید و تغییرات حاصل در بازهای آلی در سه نسل متوالی مادری نشان داده شده است. بیشترین تغییرات در خانواده های شماره ۱ و ۸ مشهود است که ۷ مورد پلی مرفیسم در آنها مشاهده گردید و کمترین میزان تغییرات در خانواده های شماره ۱۰ و ۲ به چشم می خورد که دارای ۳ مورد پلی مرفیسم می باشند (شکل ۲، پلی مرفیسم مشاهده شده در مادر بزرگ خانواده شماره ۱ و نوه در خانواده شماره ۳ را نشان می دهد).

بدیهی است هرچه بار تغییرات و تعداد پلی مرفیسم های ایجاد شده در یک خانواده نسبت به سکانس اندرسون بیشتر باشد بهتر می توان به شناسایی و ارتباط توارث مادری از این طریق پی برد. نکته حائز اهمیت در توزیع فراوانی تغییرات در قطعه HV۲ در این جامعه آماری این بود که در منطقه HV۲ در خانواده های شماره ۶ و ۸ پدیده هتروپلاسمی مشاهده گردید. بدین مفهوم که تعیین توالی منطقه HV۲ در خانواده ۶ نشان داد که در مادر بزرگ در نوکلئوتید شماره ۱۴۶ تغییر تیمین به سیتوزین صورت گرفته است ولی این تغییر به میزانی بوده است که هر دو باز آلی تیمین و سیتوزین مشاهده می شود ولی در مادر و نوه مشاهده نمی شود.

همینطور در نوکلئوتید شماره ۱۵۱ باز آلی تیمین به سیتوزین تغییر کرده است ولی این تغییر در مادر بزرگ به صورت هتروپلاسمی دیده می شود و در مادر و نوه فقط تغییر تیمین به سیتوزین دیده می شود.

در مورد خانواده هشتم نیز هتروپلاسمی در نوکلئوتیدهای شماره ۱۴۶ و ۱۵۲ و ۲۹۵ در نوه دیده شد ولی در مادر بزرگ و مادر هتروپلاسمی در نوکلئوتیدهای فوق الذکر به وضوح قابل مشاهده نیست.

این مطلب می تواند ناشی از موتاسیون جدید در نوه باشد و یا هتروپلاسمی در درصد های بسیار پایینی در مادر بزرگ و مادر وجود داشته، تصادفاً به نوه انتقال یافته و در درصد های بالاتری قابل مشاهده شده باشد (۸، ۹).

در جدول ۲ مناطق HV۲ در ده خانواده مورد مطالعه بصورت دو به دو با یکدیگر مقایسه شده و تعداد نوکلئوتیدهای متفاوت در این مناطق در آنها تعیین گردیده است. این بررسی نشان می دهد که میانگین تفاوت نوکلئوتیدی در منطقه HV۲ در این ۱۰ خانواده ۲/۸ نوکلئوتید است. لذا در بررسی رابطه خویشاوندی میان دو نمونه مجهول از طریق بررسی مناطق HV۲ چنانچه این دو فرد غیر خویشاوند باشند می توان انتظار داشت که حدود ۲/۸ نوکلئوتید تفاوت در سکانس دو فرد مورد نظر وجود داشته باشد.

میتوکندری ها در خارج از هسته یعنی در سیتوپلاسم قرار دارند که خود دارای DNA ای متمایز از DNA هسته ای می باشند. وجه تمایز DNA میتوکندری با DNA هسته ای در موارد ذیل می باشد: mtDNA به صورت حلقوی و بسته دیده می شود در صورتی که DNA هسته ای به صورت خطی است. mtDNA از طریق مادر به ارث می رسد و به جز موارد موتاسیون و تغییرات هتروپلاسمی، ترتیب و توالی DNA میتوکندری در هر فرد مشابه توالی DNA میتوکندری اقوام مادری او می باشد (۱۰). در mtDNA نوترکیبی ایجاد نمی شود در نتیجه ردیابی آنها در نسل های متوالی ساده تر است (۱۱). mtDNA کوچک بوده، تا هزاران نسخه از آن در هر سلول یافت می شود. ثبات کم پلی مرازهای DNA میتوکندری و عدم وجود مکانیسم بازسازی و ترمیم در آن باعث جهش زیاد در ژنوم میتوکندری در مقایسه با ژنوم هسته ای می شود. به همین دلیل DNA میتوکندری در برخی از مناطق تا حدود ۱۰ برابر بیش از DNA هسته ای جهش و تغییر نشان می دهد. این خصوصیات سبب شده mtDNA در تحقیقات جنایی و قضایی بسیار حائز اهمیت باشد. در مواردی که نیاز است از mtDNA برای تعیین هویت استفاده شود نواحی استاندارد مورد استفاده در دنیا مناطق HV۱ و HV۲ می باشند زیرا این نواحی دارای بالاترین میزان تغییرات نوکلئوتیدی در افراد مختلف هستند. در بررسی های انجام شده مشخص شده است که مثلاً در میان نژاد قفقازی های غیر خویشاوند، به طور متوسط ۸ نوکلئوتید متفاوت در این ناحیه دیده می شود (۱۲)، این میزان در ساکنین اروپای مرکزی از جمله آلمان، سوئیس و اتریش حدود ۸/۴۷ (۱۴، ۱۳)، در نژاد آفریقایی در حدود ۱۵ (۱۵) و در میان مردم ژاپن ۷/۶۹ نوکلئوتید (۱۶) گزارش شده است. در این خصوص گزارشی از تفاوت نوکلئوتیدها در ناحیه HV۲ در میان مردم ایران در منابع یافت نشد.

نتیجه گیری

در این مطالعه منطقه HV۲ از ژنوم میتوکندری در ۱۰ خانواده غیر خویشاوند مورد بررسی و مطالعه قرار گرفت و همانطور که انتظار می رفت توالی نوکلئوتیدی در اعضای یک خانواده کاملاً یکسان بودند. همچنین توالی نوکلئوتیدی این مناطق به صورت ۲ به ۲ بین خانواده های غیر خویشاوند مورد مقایسه و مطالعه قرار گرفت و مشخص گردید که به طور متوسط میان هر ۲ خانواده مورد مطالعه غیر خویشاوند در ناحیه HV۲، ۲/۸ نوکلئوتید تفاوت وجود دارد. از نتایج حاصل از این مطالعه می توان چنین استنتاج کرد که با بررسی این ناحیه انتظار می رود به طور متوسط حدود ۲/۸ نوکلئوتید اختلاف میان ۲ فرد غیر خویشاوند ایرانی وجود داشته باشد. این نتیجه بسیار نزدیک به

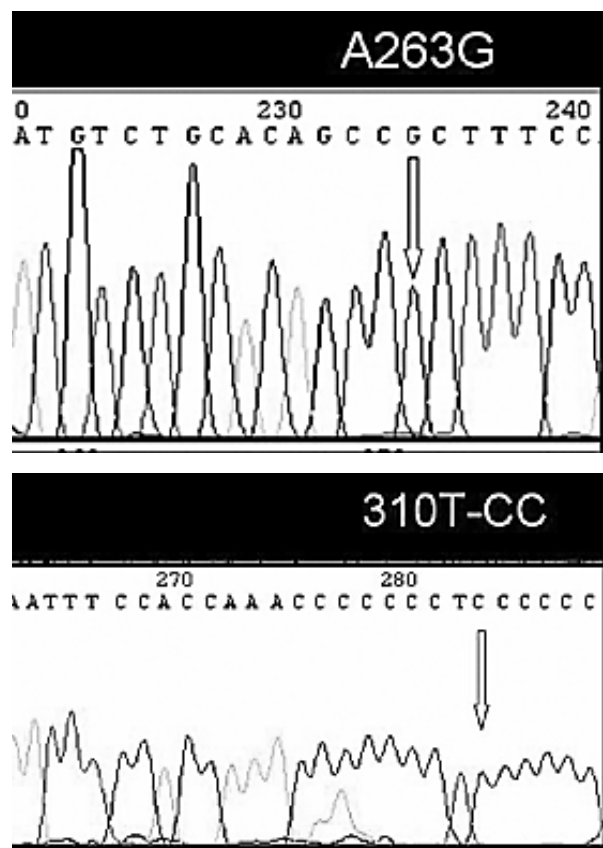
جدول ۱- تغییرات ایجاد شده در منطقه HV₂ در ۱۰ خانواده غیر خویشاوند بر حسب شماره نوکلئوتید در سه نسل متوالی مادری

خانواده	نسل ۱			نسل ۲			نسل ۳		
	شماره نوکلئوتید	مرجع	تغییر	شماره نوکلئوتید	مرجع	تغییر	شماره نوکلئوتید	مرجع	تغییر
۱	۷۳	A	G	۷۳	A	G	۷۳	A	G
	۱۹۹	T	C	۱۹۹	T	C	۱۹۹	T	C
	۲۰۴	T	C	۲۰۴	T	C	۲۰۴	T	C
	۲۵۰	T	C	۲۵۰	T	C	۲۵۰	T	C
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T
۲	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T
	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T
۳	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۲۳۴	A	G	۲۳۴	A	G	۲۳۴	A	G
	۱۹۵	T	C	۱۹۵	T	C	۱۹۵	T	C
	۷۳	A	G	۷۳	A	G	۷۳	A	G
	۱۹۵	T	C	۱۹۵	T	C	۱۹۵	T	C
۴	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T
	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۱۹۵	T	C	۱۹۵	T	C	۱۹۵	T	C
	۷۳	A	G	۷۳	A	G	۷۳	A	G
۵	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۱۶۱	-	G-ins	۱۶۱	-	G-ins	۱۶۱	-	G-ins
	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۱۴۶	T	T	۱۴۶	T	T	۱۴۶	T	T
	۷۳	A	G	۷۳	A	G	۷۳	A	G
۶	۱۵۱	T	T/C	۱۵۱	T	T/C	۱۵۱	T	T/C
	۱۵۲	T	C	۱۵۲	T	C	۱۵۲	T	C
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T
	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
۷	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T
	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۱۴۶	T	T/C	۱۴۶	T	T/C	۱۴۶	T	T/C
	۷۳	A	G	۷۳	A	G	۷۳	A	G
	۱۵۲	T	C	۱۵۲	T	C	۱۵۲	T	C
۸	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۲۹۵	C	T/C	۲۹۵	C	T/C	۲۹۵	C	T/C
	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T
	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۲۹۵	C	T	۲۹۵	C	T	۲۹۵	C	T
۹	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T
	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۲۹۵	C	T	۲۹۵	C	T	۲۹۵	C	T
	۷۳	A	G	۷۳	A	G	۷۳	A	G
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
۱۰	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC	۳۱۰	T	T-CC
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۷۳	A	G	۷۳	A	G	۷۳	A	G
	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G	۲۶۳	A	G
	۲۹۵	C	T	۲۹۵	C	T	۲۹۵	C	T
	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T	۳۰۹	C	CC-T

جدول ۲- مقایسه منطقه HV۲ در ۱۰ خانواده مورد مطالعه به صورت ۲ به ۲ و تعیین تعداد نوکلئوتیدهای متفاوت در آنها

خانواده	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	میانگین
۱	-	۴	۶	۴	۵	۵	۳	۶	۴	۳	۴
۲	۴	-	۴	۲	۳	۳	۱	۴	۲	۱	۲/۴
۳	۶	۴	-	۲	۳	۵	۳	۶	۴	۲	۳/۵
۴	۴	۲	۲	-	۳	۳	۱	۴	۱	۲	۲/۲
۵	۵	۳	۳	۳	-	۴	۲	۵	۳	۱	۲/۹
۶	۵	۳	۵	۳	۴	-	۲	۳	۳	۳	۳/۱
۷	۳	۱	۳	۱	۲	۲	-	۳	۱	۱	۱/۷
۸	۶	۴	۶	۴	۵	۳	۳	-	۲	۴	۳/۷
۹	۴	۲	۴	۱	۳	۳	۱	۲	-	۲	۲/۲
۱۰	۳	۱	۲	۲	۱	۳	۱	۴	۲	-	۱/۹
میانگین کل											۲/۸

نتایج حاصل از مطالعه بر روی نژاد قفقازی‌ها می‌باشد. بنابر این به نظر می‌رسد که بررسی و تعیین توالی این منطقه از ژنوم میتوکندری جهت تعیین هویت در کشور بسیار مفید و حائز اهمیت باشد. چرا که انتظار می‌رود در زمان بررسی رابطه خویشاوندی، چنانچه ۲ نمونه مجهول مورد نظر غیر خویشاوند باشند حدود ۲/۸ نوکلئوتید تفاوت در مناطق HV۲ آنها مشاهده گردد، در حالیکه اگر ۲ نمونه مجهول خویشاوند باشند انتظار داریم به جز موارد نادر موتاسیون و هتروپلاسمی هیچگونه تفاوتی در نوکلئوتیدهای این منطقه آنها مشاهده نگردد.



شکل ۲- دو نمونه از پلی مرفیسم‌های مشاهده شده در خانواده شماره ۱ و خانواده شماره ۳

References

- 1- Rousslet F, mangin P. mtDNA polymorphisms: a study of 50 French Caucasian individuals and application to forensic casework. *Int J Legal Med.* 1998; 111:292-8.
- 2- Lutz S, Weisser HJ, Heizmann J, Pollak S. Location and frequency of polymorphic positions in the mtDNA control region of individuals from Germany. *Int J Legal Med.* 1998; 111:67-77.
- 3- Pfeiffer H, Steighner R, Fisher R, Mornstad H, Yoon CL, Holland MM. mtDNA extraction and typing from isolated dentin-experimental evaluation in a Korean population. *Int J Legal Med.* 1998; 111:309-13.
- 4- Holland MM, Fisher DL, Mitchell LG, Rodriquez WC, Canik JJ, Merril CR, et al. mtDNA sequence analysis of human skeletal remains: Identification of remains from the Vietnam war. *Journal of Forensic Sciences.* 1993; 38(3): 542-53.
- 5- Anderson S, Bankier AT, Barrell BG, de Bruijn MH, Coulson AR, Drouin J, et al. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature.* 1981; 290:457-64.
- 6- Kochl S, Niederstatter H, Parson W. DNA extraction and quantitation of forensic samples using the phenol-chloroform method and real-time PCR. *Methods Mol Biol.* 2005; 297:13-30.
- 7- Boom R, Sol CJ, Salimans MM, Jansen CL, Wertheim-van Dillen PM, van der Noordaa J. Rapid and simple method for purification of nucleic acids. *J Clin Microbiol.* 1990; 28(3):495-503.
- 8- Behar DM, Hammer MF, Garrigan D, Villems R, Bonne-Tamir B, Richards M, et al. mtDNA evidence for a genetic bottleneck in the early history of the Ashkenazi Jewish population. *Eur J Hum Genet.* 2004; 12(5):355-64.
- 9-Marchington DR, Hartshorne GM, Barlow D, Poulton J. Homopolymeric tract heteroplasmy in mtDNA from tissues and single oocytes: support for a genetic bottleneck. *Am J Hum Genet.* 1997; 60(2):408-16.
- 10-Holland MM, Parson TJ. Mitochondrial DNA sequences analysis-validation and use for forensic casework. *Forensic Sci Rev.* 1999; 11:21-49.
- 11-Koyama H, Iwasa M, Ohtani S, Ohira H, Tsuchimochi T, Maeno Y, et al. Personal identification from human remains by mitochondrial DNA sequencing. *Am J Forensic Med.* 2002; 23(3):272-6.
- 12-Carracedo A, Bar W, Linclon PJ, Gill P, Mayr W, Morling N, et al. Guidelines for mitochondrial DNA typing. *Forensic Sci Int.* 110(2000);79-85.
- 13-Wittig H, Augustin C, Baasner A, Bulnheim U, Dimo-Simonin N, Edelmann J, et al. mtDNA in the central European population: Human identification with the help of the forensic mtDNA D-Loop base database. *Forensic Science International.* 2000; 113: 113-118.
- 14-Pfeiffer H, Brinkmann B, Huhne J, Rolf B, Morris AA, Steighner R, et al. Expanding the forensic German mitochondrial DNA control region database:genetic diversity as a function of sample size and microgeography. *Int J Legal Med.* 1999; 112:291-8.
- 15-Brandstatter A, Peterson CT, Irwin JA, Mpoke S, Koeck DK, Parson W, et al. Mitochondrial DNA control region sequences from Nairobi (Kenya): inferring phylogenetic parameters for the establishment of a forensic database. *Int J Legal Med.* 2004; 118:294-306.
- 16-Imaizumi K, Parson TJ, Yoshino M, Holland MM. A new database of mitochondrial DNA hypervariable region I and II sequences from 162 Japanese individuals. *Int J Legal Med.* 2002; 116:68-73.