



# Report on the Use of Autosomal STR Markers in Resolving a Kinship Case

## ARTICLE INFO

### Article Type

Case Report

### Authors

Alipourtabrizi A.\*<sup>1</sup> MD,  
Hedjazi A.<sup>1</sup> MD,  
Shohoudifar Sh.<sup>1</sup> MSc,  
Sajadian M.<sup>1</sup> MSc,  
Hoseyni S.S.<sup>1</sup> MSc

### How to cite this article

Alipourtabrizi A, Hedjazi A, Shohoudifar Sh, Sajadian M, Hoseyni S.S. Report on the Use of Autosomal STR Markers in Resolving a Kinship Case. Scientific Journal of Forensic Medicine. 2020;26(3):173-177.

## ABSTRACT

**Aims** Genetic identification is now a standard and efficient method for identifying individuals and investigating claimed kinship cases. The aim of this study was to investigate the relationship between Y-STR and autosomal STR markers.

**Materials & Methods** This case report is according to a claimed kinship that was done with available sampling of 7 relatives referred to forensic medicine in 2020. These members were 2 men and 2 women without identity cards and 3 men with identity cards claiming the uncle-nephew and aunt-nephew relationships. After authentication and obtaining the complete biographies of the nominees, the genealogy was drawn. Blood samples were analyzed using autosomal STR and Y-STR markers by Yfiler™ Plus and GlobalFiler™ Express kits and were electrophoresed with ABI 3500 genetic analyzer. Since to prove the claimed relative relationship, the common father of the grandfather's child must be common, so the allelic inheritance between them was examined.

**Findings** The results of the Y-STR indicated that the alleged uncle-nephew relationship was not ruled out. However, the results of autosomal STR markers indicated the status of Amelogenin Y-null in the profiles of all males in the pedigree. Comparison of the obtained genetic profiles showed that there was no inheritance of the obligatory paternal allele in the 4 loci D8S1179, D2S441, THO1 and D10S1248 between A and H, which definitely negated the existence of a father-son relationship between the two individuals; Hence, the alleged uncle-nephew and aunt-nephew relationship was rejected.

**Conclusion** Autosomal STR markers should be used to examine complex relative relationships, and the use of Y-STR markers should be limited to genetic testing of male specimens in rape evidence, crime scenes, and non-paternity cases.

**Keywords** DNA Fingerprinting; Y-Chromosome; Short Tandem Repeats; Paternity; Kinship Network; Forensic Genetic

<sup>1</sup>Legal Medicine Research Center, Legal Medicine Organization, Tehran, Iran

### \*Correspondence

Address: Legal Medicine Organization Islamic Republic of Iran, Pole-e-Khaki Cross Roads, Sanabad St., Mashhad, Iran. Postal Code: 9138615916.

Phone: +98 (51) 38523009

Fax: +98 (51) 384542100

arash\_alipour@yahoo.com

### Article History

Received: September 09, 2020

Accepted: September 15, 2020

ePublished: September 20, 2020

## CITATION LINKS

[1] Choice of population database for forensic DNA profile analysis [2] The finding of Y-STR microdeletion involving DYS448, DYS392, DYS549 and DYS385a/b markers in a paternity case with deceased alleged father [3] Forensic use of Y-chromosome DNA: A general overview [4] Developmental validation of GlobalFiler™ PCR amplification kit: A 6-dye multiplex assay designed for amplification of casework samples [5] A new future of forensic Y-chromosome analysis: Rapidly mutating Y-STRs for differentiating male relatives and paternal lineages. Forensic Sci Int Genet [6] How convincing is a matching Y-chromosome profile? [7] Sequence variation of a hypervariable short tandem repeat at the D1S1656 locus [8] Sibling assessment based on likelihood ratio and total number of shared alleles using 21 short tandem repeat loci included in the GlobalFiler™ kit [9] The benefits and limitations of expanded Y-chromosome short tandem repeat (Y-STR) loci [10] Genetic profile of 17 Y-chromosome STR haplotypes in East of Iran

## گزارش استفاده از نشانگر STR اتوزومی در حل یک پرونده رابطه خویشاوندی

### آرش علیپور تبریزی<sup>۱</sup> MD

مرکز تحقیقات پزشکی قانونی، سازمان پزشکی قانونی کشور، تهران، ایران

### آریا حجازی MD

مرکز تحقیقات پزشکی قانونی، سازمان پزشکی قانونی کشور، تهران، ایران

### شادی شهودی فر MSc

مرکز تحقیقات پزشکی قانونی، سازمان پزشکی قانونی کشور، تهران، ایران

### مریم سجادیان MSc

مرکز تحقیقات پزشکی قانونی، سازمان پزشکی قانونی کشور، تهران، ایران

### سمانه حسینی MSc

مرکز تحقیقات پزشکی قانونی، سازمان پزشکی قانونی کشور، تهران، ایران

### چکیده

**اهداف:** شناسایی ژنتیکی یک روش استاندارد و کارآمد برای شناسایی افراد و بررسی موارد ادعای خویشاوندی است. هدف از این پژوهش، بررسی رابطه خویشاوندی به کمک نشانگرهای Y-STR و STR اتوزومی بود.

**مورد و روش‌ها:** این گزارش موردی مربوط به یک پرونده رابطه خویشاوندی است که با نمونه‌گیری در دسترس ۷ عضو خویشاوند مراجعه‌کننده به پزشکی قانونی در سال ۱۳۹۹ انجام شد. این اعضا، ۲ مرد و ۲ زن فاقد شناسنامه و ۳ مرد واجد شناسنامه با ادعای نسبت عموبرادرزاده و عمه‌برادرزاده بودند. پس از احراز هویت و اخذ شرح حال کامل افراد معرفی‌شده، شجره‌نامه رسم شد. نمونه خون افراد به‌کمک نشانگرهای STR اتوزومی و Y-STR با استفاده از کیت‌های Yfiler™ Plus و GlobalFiler™ Express مورد بررسی قرار گرفت و با دستگاه ژنتیک‌آنالیزر ABI 3500® الکتروفورز شدند. از آنجا که برای اثبات رابطه نسبی مورد ادعا، بایستی پدر مشترک فرزند پدر بزرگ مشترک باشد، لذا وراثت آلی بین ایشان مورد بررسی قرار گرفت.

**یافته‌ها:** نتایج نشانگر Y-STR، بیانگر عدم رد رابطه نسبی عموبرادرزادگی مورد ادعا بود. اما نتایج بررسی نشانگر STR اتوزومی، نشان‌دهنده وضعیت Amelogenin Y-null در پروفایل‌های همه افراد مذکر شجره‌نامه بود. مقایسه پروفایل‌های ژنتیکی به‌دست‌آمده، بیانگر عدم وراثت آلی اجباری پدری در ۴ لکوس D10S1248، TH01، D2S441، D8S1179 و A و H بود که به‌طور قطع وجود رابطه پدری-فرزندی بین این ۲ فرد را نفی کرد؛ از این رو، رابطه نسبی عموبرادرزاده و عمه‌برادرزاده مورد ادعا رد شد.

**نتیجه‌گیری:** برای بررسی روابط نسبی پیچیده بایستی از نشانگر STR اتوزومی استفاده کرد و به‌کارگیری نشانگرهای Y-STR می‌بایست تنها به بررسی ژنتیکی نمونه‌های مردانه در تجاوزات جنسی، صحنه‌های جرم و موارد رد رابطه ابوت محدود شود.

**کلیدواژه‌ها:** انگشت‌نگاری ژنتیکی، کروموزم Y، توالی‌های کوتاه تکراری، ابوت، رابطه خویشاوندی، ژنتیک قانونی

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۶/۱۹

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۶/۲۵

نویسنده مسئول: arash\_alipour@yahoo.com

### مقدمه

تشخیص هویت ژنتیکی، یکی از روش‌های امروزی شناسایی هویت افراد بر مبنای علم ژنتیک است که از مزایای متعددی نسبت سایر روش‌های تشخیص هویت مانند بررسی اثر انگشتان،

انسان‌شناسی، بررسی الگوی عنیبه چشم و بررسی فرمول دندان‌برخوردار است. مهم‌ترین مزیت این روش، امکان بررسی هویت بستگان نزدیک و خویشاوندان نسبی با دردست‌داشتن داده‌های هویت ژنتیکی فرد است؛ حال آنکه در سایر روش‌ها، پس از دستیابی به داده‌های هویتی، تنها هویت خود فرد مورد نظر قابل بررسی خواهد بود. با توجه به‌دقت متد تشخیص هویت ژنتیکی و مزیت ذکرشده، این متد به‌عنوان روش استاندارد طلایی به‌منظور تعیین هویت و بررسی رابطه خویشاوندی بین افراد پذیرفته شده است.

نشانگرهای انتخابی برای بررسی هویت ژنتیکی توالی‌های دارای تکرارهای کوتاه (STR) هستند که به تعداد زیاد و در سراسر ژنوم گسترده شده‌اند. به‌منظور استانداردسازی و امکان تبادل نتایج آزمایش‌ها، آزمایشگاه‌های تشخیص هویت ژنتیکی در سراسر دنیا مبادرت به استفاده از کیت‌های استاندارد تجاری تشخیص هویت ژنتیکی مبتنی بر نشانگرهای STR اتوزومی می‌نمایند<sup>[1]</sup>. وراثت آل‌های این نشانگرهای STR اتوزومی از قوانین مندل تبعیت می‌کنند، بدین صورت که هر یک از جفت آل‌های یک نشانگر اتوزومی، از یکی از والدین و آل دوم از والد دیگر به فرزند به ارث می‌رسند. با توجه به تنوع آل‌ها در یک لکوس ژنتیکی و نیز استفاده همزمان از لکوس‌های متعدد در فرآیند تشخیص هویت ژنتیکی، با محاسبات آماری می‌توان نشان داد که صرف‌نظر از دوقلوهای همسان، پروفایل ژنتیکی یک فرد، یگانه و تنها منحصر به همان فرد است.

علاوه بر نشانگرهای STR اتوزومی، نشانگرهای Y-STR نیز که همگی روی کروموزم جنسی Y در مردان واقع شده‌اند، برای بررسی پرونده‌های تشخیص هویت، به‌عنوان نمونه مرجع در پرونده‌هایی که در آنها، نمونه پدر در دسترس نیست و بررسی نمونه‌های تجاوزات جنسی که در آن تعیین هویت بخش مردانه نمونه حائز اهمیت است، به‌کار می‌روند. آل‌های نشانگرهای Y-STR همگی و به‌صورت یک‌جا از پدر به فرزندان مذکر به ارث می‌رسند؛ لذا هاپلو تایپ Y-STR یک فرد یگانه نبوده و در تمام خویشاوندان نسبی با واسطه شجره‌نامه مشترک پدری مشابه است<sup>[2,3]</sup>.

توسعه نشانگرهای تشخیص هویت ژنتیکی STR و Y-STR، منجر به تولید کیت‌های کارآمد PCR چندگانه شده است. کیت GlobalFiler™ Express شامل ۲۱ نشانگر STR اتوزوم و ۳ نشانگر کمکی برای تعیین جنسیت است که با استفاده از انتخاب نشانگرهای واجد چندشکلی بالا، افزایش سرعت فرآیند PCR، به‌کارگیری ۶ رنگ فلورسانس در کنار استفاده از متد الکتروفورز موئینه‌ای روش بهره‌روز و کارآمد در فرآیند تشخیص هویت ژنتیکی محسوب می‌شود<sup>[4]</sup>. کیت Yfiler™ Plus نیز که مبتنی بر ۲۷ نشانگر Y-STR است، متشکل بر ۲۱ نشانگر معمول Y-STR و ۶ نشانگر Y-STR با جهش‌پذیری سریع است که وجود این نشانگرها این ویژگی را به کیت Yfiler™ Plus می‌دهد که توان افتراق بین نسل‌های متفاوت شجره پدری را داشته باشد<sup>[5]</sup>.

پس از بررسی تمامی نمونه‌های افراد معرفی‌شده با کیت Yfiler™ Plus مشاهده شد که داده‌های هاپلوتایپی به‌دست‌آمده از نمونه‌های هر ۵ مرد به‌طور کامل با هم مطابقت داشتند.

بررسی‌های تکمیلی نتایج به‌دست‌آمده از بررسی Y-STRها، نشان‌دهنده وجود یک حذف کروموزمی دربرگیرنده ۶ لکوس Y-STR به طول بیش از ۳ میلیون جفت‌باز بود که در هر ۵ مرد به‌صورت مشابهی قابل ردیابی بود. نتایج، بیانگر عدم رابطه نسبی عمو-برادری‌بودگی مورد ادعا بود که با در نظر گرفتن مطابقت کامل در لکوس‌های با جهش‌پذیری بالا و نیز وجود حذف کروموزمی نادر و مشترک، این احتمال بیشتر از تطابق کامل هاپلوتایپی در ۲۷ منطقه ارزیابی شد (جدول ۱).

جدول ۱) هاپلوتایپ‌های به‌دست‌آمده از بررسی ژنتیکی نمونه‌های معرفی‌شدگان با کمک کیت Yfiler™ Plus

نشانگر Y-STR	P	O	N	F	G
DYS576	*	*	*	*	*
DYS389I	۱۲	۱۲	۱۲	۱۲	۱۲
DYS635	۲۱	۲۱	۲۱	۲۱	۲۱
DYS389II	۲۸	۲۸	۲۸	۲۸	۲۸
DYS627	*	*	*	*	*
DYS460	۱۲	۱۲	۱۲	۱۲	۱۲
DYS458	*	*	*	*	*
DYS19	۱۷	۱۷	۱۷	۱۷	۱۷
YGATA-H4	۱۱	۱۱	۱۱	۱۱	۱۱
DYS448	۱۸	۱۸	۱۸	۱۸	۱۸
DYS391	۱۰	۱۰	۱۰	۱۰	۱۰
DYS456	۱۳	۱۳	۱۳	۱۳	۱۳
DYS390	۲۵	۲۵	۲۵	۲۵	۲۵
DYS438	۹	۹	۹	۹	۹
DYS392	۱۱	۱۱	۱۱	۱۱	۱۱
DYS518	۳۷	۳۷	۳۷	۳۷	۳۷
DYS570	*	*	*	*	*
DYS437	۱۵	۱۵	۱۵	۱۵	۱۵
DYS385	۱۸-۱۴	۱۸-۱۴	۱۸-۱۴	۱۸-۱۴	۱۸-۱۴
DYS449	*	*	*	*	*
DYS393	۱۲	۱۲	۱۲	۱۲	۱۲
DYS439	۱۲	۱۲	۱۲	۱۲	۱۲
DYS481	*	*	*	*	*
DYF387S1	۳۸-۳۷	۳۸-۳۷	۳۸-۳۷	۳۸-۳۷	۳۸-۳۷
DYS533	۱۰	۱۰	۱۰	۱۰	۱۰

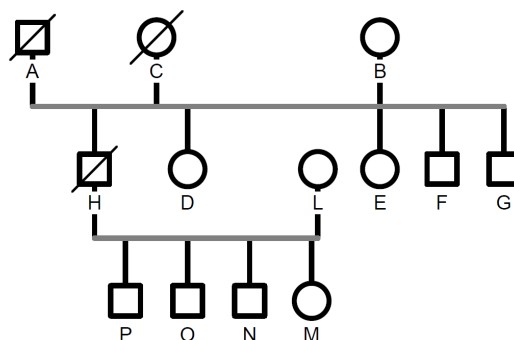
نتایج بررسی نشانگرهای STR اتوزومی، نشان‌دهنده وضعیت Amelogenin Y-null در پروفایل‌های همه افراد مذکر شجره‌نامه بود. مقایسه پروفایل‌های ژنتیکی به‌دست‌آمده، بیانگر عدم وراثت آلل اجباری پدری در ۴ لکوس D8S1179، D2S441، D10S1248 و THO1 و بین A و H بود که به‌طور قطع وجود رابطه پدری-فرزندی بین این ۲ فرد را نفی کرد؛ از این رو، رابطه نسبی عمو-برادری‌بودگی و عمه-برادری‌بودگی مورد ادعا رد شد (جدول ۲).

افرادی از طرف مرجع قضایی به‌منظور بررسی ژنتیکی به آزمایشگاه پزشکی قانونی برای شناسایی هویت و صدور شناسنامه، معرفی شدند و هدف از این تحقیق، بررسی رابطه خویشاوندی آنها به‌کمک نشانگرهای Y-STR و STR اتوزومی بود.

## مواد و روش‌ها

این گزارش مورد با نمونه‌گیری در دسترس از ۷ عضو خویشاوند مراجعه‌کننده به پزشکی قانونی در ارتباط با یک پرونده رابطه خویشاوندی در سال ۱۳۹۹ انجام شد. این اعضا، ۲ مرد و ۲ زن فاقد شناسنامه و ۳ مرد واجد شناسنامه با ادعای نسبت عمو-برادری‌بودگی و عمه-برادری‌بودگی بودند.

پس از احراز هویت و اخذ شرح حال کامل افراد معرفی‌شده و تطبیق عکس‌های الصاقی به معرفی‌نامه مرجع قضایی با چهره معرفی‌شدگان، مشخص شد که ۲ مرد فاقد شناسنامه (F و G) برادری (H) داشتند که چندین سال پیش فوت کرده و ۳ فرزند داشت (P، O، N) و ۲ زن (E و D)، مدعی بودند که فرزندان دختر A و B و خواهران F و G هستند که درخواست صدور اوراق هویتی داشتند. A پدر مشترک H، D، E، F و G بود که سال‌ها پیش فوت کرده بود. ضمناً مادر H نیز فوت کرده بود و نمونه‌ای از ایشان در دسترس نبود (شکل ۱).



شکل ۱) شجره‌نامه رسم‌شده روابط نسبی مورد ادعا

نمونه‌های خون افراد به‌کمک نشانگرهای STR اتوزومی و Y-STR با استفاده از کیت‌های Yfiler™ Plus (Life Technologies)؛ GlobalFiler™ Express (Life Technologies)؛ و (آمریکا) ABI (آمریکا) مورد بررسی قرار گرفتند و با دستگاه ژنتیک‌آنالایزر ABI 3500® (Life Technologies، آمریکا) الکتروفورز شدند. از آنجا که برای اثبات رابطه نسبی مورد ادعا، بایستی پدر مشترک فرزند پدربزرگ مشترک باشد، لذا وراثت آلی بین ایشان مورد بررسی قرار گرفت.

## یافته‌ها

با توجه به فوت پدر و پدربزرگ مشترک، پروفایل ژنتیکی آنها با کمک وراثت مندلی آلل‌ها از مادر مشترک ایشان بازسازی شد.

STR نشانگر	A	H	L	B	G	D	E	F	M	N	P	O
D3S1358	۱۸-۱۶	۱۸-۱۵	۱۷-۱۶	۱۸-۱۵	۱۶-۱۵	۱۸-۱۵	۱۸-۱۵	۱۸-۱۸	۱۸-۱۶	۱۶-۱۵	۱۸-۱۶	۱۸-۱۷
VWA	۱۸-۱۷	۱۸-۱۷	۱۸-۱۵	۱۸-۱۵	۱۸-۱۷	۱۸-۱۸	۱۷-۱۵	۱۸-۱۵	۱۸-۱۷	۱۸-۱۸	۱۸-۱۸	۱۸-۱۷
D16S539	۹-۱۲	۱۳-۱۱	۱۳-۱۲	۱۱-۸	۱۲-۸	۱۲-۸	۱۲-۱۱	۱۲-۸	۱۲-۱۱	۱۳-۱۲	۱۳-۱۳	۱۲-۱۱
CSF1PO	۹-۱۰	۹-۱۲	۱۰-۱۰	۱۳-۱۱	۱۱-۱۰	۱۳-۱۰	۱۱-۱۰	۱۱-۱۰	۱۲-۱۰	۱۲-۱۰	۱۲-۱۰	۱۲-۱۰
TPOX	۱۱-۸	۹-۸	۱۰-۸	۱۲-۱۱	۱۱-۱۱	۱۲-۸	۱۲-۱۱	۱۲-۱۱	۸-۸	۸-۸	۸-۸	۸-۸
Y-InDel	۲	۲	۲	*	۲	*	*	۲	*	۲	۲	۲
AMEL	۲-۲	۲-۲	XX	XX	XX	XX	XX	XX	XX	XX	XX	XX
D8S1179	۱۶-۱۳	۱۴-۱۱	۱۶-۱۱	۱۴-۱۱	۱۴-۱۳	۱۳-۱۱	۱۶-۱۱	۱۳-۱۱	۱۶-۱۱	۱۶-۱۴	۱۶-۱۴	۱۱-۱۱
D21S11	۳۳/۲-۳۲/۲	۳۲/۲-۳۰/۳	۳۳/۲-۳۲/۲	۲۹-۲۹	۳۲/۲-۲۹	۳۳/۲-۲۹	۳۲/۲-۲۹	۳۲/۲-۲۹	۳۲/۲-۳۰	۳۲/۲-۳۲/۲	۳۲/۲-۳۰	۳۳/۲-۳۲/۲
D18S51	۹-۱۷	۱۶-۱۴	۱۷-۱۲	۱۹-۱۵	۱۷-۱۵	۱۷-۱۵	۱۹-۱۷	۱۹-۱۷	۱۶-۱۲	۱۴-۱۲	۱۶-۱۲	۱۷-۱۴
DYS391	۱۰	۱۰	*	*	۱۰	*	*	۱۰	*	۱۰	۱۰	۱۰
D2S441	۱۲-۱۱	۱۴-۱۳	۱۴-۱۲	۱۴-۱۲	۱۲-۱۱	۱۲-۱۲	۱۲-۱۲	۱۴-۱۲	۱۴-۱۳	۱۴-۱۴	۱۴-۱۴	۱۴-۱۲
D19S433	۱۷-۱۵	۹-۱۳	۱۵-۱۳	۱۳-۱۳	۱۷-۱۳	۱۷-۱۳	۱۵-۱۳	۱۵-۱۳	۱۵-۱۳	۱۵-۱۳	۱۳-۱۳	۱۳-۱۳
TH01	۸-۶	۹-۷	۸-۷	۹-۹	۹-۸	۹-۸	۹-۶	۹-۶	۹-۸	۷-۷	۷-۷	۸-۷
FGA	۲۲-۲۱	۹-۲۳	۲۲/۲-۲۱	۲۳-۲۲	۲۳-۲۲	۲۲-۲۲	۲۲-۲۱	۲۲-۲۱	۲۳-۲۱	۲۳-۲۲/۲	۲۳-۲۲/۲	۲۳-۲۱
D22S1045	۱۵-۱۱	۹-۱۱	۱۷-۱۱	۱۵-۱۱	۱۱-۱۱	۱۵-۱۵	۱۵-۱۵	۱۱-۱۱	۱۱-۱۱	۱۷-۱۱	۱۷-۱۱	۱۱-۱۱
D5S818	۱۳-۱۲	۹-۱۱	۱۲-۱۰	۱۳-۱۱	۱۲-۱۱	۱۳-۱۳	۱۳-۱۳	۱۲-۱۱	۱۱-۱۰	۱۲-۱۱	۱۲-۱۱	۱۱-۱۰
D13S317	۹-۱۲	۱۲-۱۱	۱۲-۱۲	۱۲-۱۰	۱۲-۱۲	۱۲-۱۲	۱۲-۱۲	۱۲-۱۲	۱۲-۱۱	۱۲-۱۲	۱۲-۱۲	۱۲-۱۱
D7S820	۱۳-۱۰	۱۱-۱۰	۱۳-۱۰	۱۰-۸	۱۰-۱۰	۱۳-۸	۱۳-۸	۱۰-۱۰	۱۰-۱۰	۱۰-۱۰	۱۱-۱۰	۱۳-۱۱
SE33	۳۰/۲-۱۸	۳۰/۲-۲۰	۱۹-۱۸	۲۸/۲-۱۸	۳۰/۲-۲۸/۲	۱۸-۱۸	۳۰/۲-۲۸/۲	۱۸-۱۸	۲۰-۱۹	۳۰/۲-۱۹	۳۰/۲-۱۸	۲۰-۱۸
D10S1248	۱۶-۱۴	۱۵-۱۲	۱۴-۱۴	۱۵-۱۵	۱۶-۱۵	۱۵-۱۴	۱۵-۱۴	۱۵-۱۴	۱۴-۱۲	۱۴-۱۲	۱۴-۱۲	۱۵-۱۴
D1S1656	۱۶-۱۱	۱۶-۸	۱۶-۱۱	۱۵-۱۴	۱۶-۱۴	۱۶-۱۴	۱۴-۱۱	۱۴-۱۱	۱۶-۱۱	۱۶-۱۶	۱۶-۱۶	۱۱-۸
D12S391	۹-۲۳	۹-۲۳	۲۳-۲۲	۲۰-۱۸	۲۳-۲۰	۲۳-۲۰	۲۳-۱۸	۲۳-۱۸	۲۳-۲۳	۲۳-۲۲	۲۳-۲۲	۲۳-۲۳
D2S1338	۹-۲۰	۱۸-۱۹	۲۴-۲۱	۲۴-۱۶	۲۴-۲۰	۲۰-۱۶	۲۴-۲۰	۲۴-۲۰	۲۴-۱۹	۲۴-۱۹	۲۱-۱۸	۲۱-۱۹

افراد، ارجحیت دارد[7]. در این راستا می‌بایست از دو رویکرد محاسباتی نسبت درست‌نمایی (Likelihood Ratio) و تعداد کلی آلل‌های مشترک (Total Number of Shared Alleles) برای ارزیابی رابطه نسبی استفاده نمود[8].

به‌کارگیری نشانگرهای Y-STR در حل پرونده‌های قضایی، بایستی محدود به بررسی تجاوزات جنسی، پروفایل‌های مخلوط و موارد رد رابطه نسبی باشد. لذا محاسبه فراوانی هاپلوتایپی در جمعیت منطقه به‌کمک بانک هویت ژنتیک ایرانیان و در نظر گرفتن فواید و ویژگی‌های نشانگرهای Y-STR با جهش‌پذیری بالا، پیش از انتخاب این نشانگرها باید مدنظر قرار گیرد[9,10].

### نتیجه‌گیری

برای بررسی روابط نسبی پیچیده بایستی از نشانگر STR اتوزومی استفاده کرد و به‌کارگیری نشانگرهای Y-STR می‌بایست تنها به بررسی ژنتیکی نمونه‌های مردانه در تجاوزات جنسی، صحنه‌های جرم و موارد رد رابطه ابوت محدود شود.

**تشکر و قدردانی:** از جناب آقای دکتر رضا رئوفیان، ریاست محترم بانک ژنتیک ایران تشکر می‌شود.

**تاییدیه اخلاقی:** موردی از سوی نویسندگان ذکر نشده است.

**تعارض منافع:** موردی از سوی نویسندگان ذکر نشده است.

**سهم نویسندگان:** آرش علیپور تبریزی (نویسنده اول)، پژوهشگر اصلی/نگارنده بحث (۶۵٪)؛ آریا حجازی (نویسنده دوم)، نگارنده

تناقض نتایج به‌دست‌آمده از بررسی نشانگرهای Y-STR و STR اتوزومی و قطعیت رد رابطه پدری-فرزندی مورد ادعا نشان‌دهنده عدم کارایی نشانگرهای Y-STR در بررسی دقیق رابطه نسبی با واسطه شجره پدری بود. با وجود قراردادن نشانگرهای کمکی Y-STR با قابلیت جهش‌پذیری بالا و وجود حذف کروموزمی نادر مشترک بین عموها و برادرزادگان مورد ادعا، رابطه نسبی عمو-برادرزادگی بین ایشان رد شد.

### بحث

یکی از اصول ضروری در پرونده‌های بررسی رابطه نسبی و اتخاذ رویکرد صحیح، اخذ شرح حال دقیق و ترسیم شجره خانوادگی است. این نکته باید مد نظر قرار گیرد که در بررسی شجره‌های نسبی غیر از درجه یک، حتماً از نشانگرهای اتوزوم استفاده کرد و پاسخگویی با نشانگرهای گونوزومال می‌تواند توأم با خطا در نتیجه‌گیری و صدور احکام قضایی نادرست شود، لذا ارزش مطابقت بین ۲ هاپلوتایپ Y-STR می‌بایست به‌درستی برای مرجع قضایی تبیین شود[6].

برای بررسی و اظهار نظر دقیق راجع به رابطه‌های نسبی پیچیده بالاخص در جوامعی که نرخ ازدواج‌های خویشاوندی و قومی بالا است، استفاده از کیت‌های دارای ۲۱ نشانگر STR اتوزومی مثل GlobalFiler™ Express بر کیت‌های معمول که واجد ۱۵ نشانگر STR اتوزومی هستند، به‌دلیل ارتقای توان تمایزدهی بین

Ralf A, et al. A new future of forensic Y-chromosome analysis: Rapidly mutating Y-STRs for differentiating male relatives and paternal lineages. *Forensic Sci Int Genet.* 2012;6(2):208-18.

6- Andersen MM, Balding DJ. How convincing is a matching Y-chromosome profile? *PLoS Genet.* 2017;13(11):e1007028.

7- Lareu MV, Barral S, Salas A, Pestoni C, Carracedo A. Sequence variation of a hypervariable short tandem repeat at the D1S1656 locus. *Int J Legal Med.* 1998;111:244-7.

8- Inoue H, Manabe S, Fujii K, Iwashima Y, Miyama S, Tanaka A, et al. Sibling assessment based on likelihood ratio and total number of shared alleles using 21 short tandem repeat loci included in the GlobalFiler™ kit. *Legal Med.* 2016;19:122-6.

9- Henry J, Claire H, Simon C, Linacre A. The benefits and limitations of expanded Y-chromosome short tandem repeat (Y-STR) loci. *Forensic Sci Int Genet Suppl Ser.* 2015;5:e28-30.

10- Tabrizi AA, Hedjazi A, Kerachian MA, Honarvar Z, Dadgarmoghaddam M, Raoofian R. Genetic profile of 17 Y-chromosome STR haplotypes in East of Iran. *Forensic Sci Int Genet.* 2015;14:E6-7.

روش‌شناس (۱۵٪): شادی شهودی فر (نویسنده سوم)، نگارنده مقدمه (۱۰٪): مریم سجادیان (نویسنده چهارم)، پژوهشگر اصلی (۵٪): سمانه حسینی (نویسنده پنجم)، پژوهشگر کمکی (۵٪)  
**منابع مالی:** موردی از سوی نویسندگان ذکر نشده است.

#### منابع

1- Steele CD, Balding DJ. Choice of population database for forensic DNA profile analysis. *Sci Justice.* 2014;54(6):487-93.

2- Beltramo J, Pena MA, Lojo MM. The finding of Y-STR microdeletion involving DYS448, DYS392, DYS549 and DYS385a/b markers in a paternity case with deceased alleged father. *Forensic Sci Int Genet Suppl Ser.* 2015;5:e141-3.

3- Kayser M. Forensic use of Y-chromosome DNA: A general overview. *Hum Genet.* 2017;136:621-35.

4- Wang DY, Gopinath S, Lagacé RE, Norona W, Hennessy LK, Short ML, et al. Developmental validation of GlobalFiler™ PCR amplification kit: A 6-dye multiplex assay designed for amplification of casework samples. *Forensic Sci Int Genet.* 2015;19:148-55.

5- Ballantyne KN, Keerl V, Wollstein A, Choi Y, Zuniga SB,