ResearchGate

See discussions, stats, and author profiles for this publication at: https://www.researchgate.net/publication/286310068

Genetic identification by NoorGIS software to identify martyrs in military accidents

Article *in* Journal of Military Medicine · December 2014

CITATION
1

READS
52

4 authors, including:

Abbas Tavallaii
Baqiyatallah University of Medical Sciences
40 PUBLICATIONS **585** CITATIONS
SEE PROFILE

Mahmood Tavallaie
Baqiyatallah University of Medical Sciences
105 PUBLICATIONS **575** CITATIONS
SEE PROFILE

Some of the authors of this publication are also working on these related projects:

Molecular pathways Identification for Genetherapy in Mustard Lung veterans View project

Decreased expression of bioinformatically predicted piwil2-targetting microRNAs, miR-1267 and miR-2276 in breast cancer View project

All content following this page was uploaded by Mahmood Tavallaie on 04 April 2017.

The user has requested enhancement of the downloaded file.

Journal of Military Medicine
Winter 2014 ,Volume 15, Issue 4
Pages: 267-271

Genetic identification by NoorGIS software to identify martyrs in military accidents

Ali Miri[1] MSc, Mohsen Rabdost Motlagh[1] BSc, Ali Tavallaie[1] BSc
Mahmood Tavallaie[*1] PhD

[1] Human Genetic Research Center, Baqiyatallah University of medical sciences, Tehran, Iran

Abstract

Aims: Due to large sized genetic database of population in a given society, researchers face serious problem to analyze genetic data and provide accurate genetic identification. Variation in molecular markers such as SNPs, mtDNAs, STRs and Y-chromosome are utilized for different purposes, including genetic identification. In our country due to natural disasters and imposed war, the use of this technology was considered and according to the requirements, an optimal database was designed that has the capability of analyzing genetic data.

Methods: After obtaining individual genetic information, a software was designed for the analysis of genetic information as well as to serve as a common genetic database which contained application-specific local data search capabilities, characterization of individual genetic information, and its application. The software was named as NoorGIS.

Results: By use of NoorGIS software, it was possible to study and compare genetic relationship between individuals and a given population, investigate personal genetic information, process obtained genetic information by employing genetic similarities and information and also enhancing the capabilities of the software to achieve favorable outcomes in genetic identification. This software was assessed at the Human Genetics Research Center and successfully used to genetically identify unknown martyrs of the imposed Iraq-Iran war and military accidents.

Conclusion: With this comprehensive software, personal and genetic data can be stored and utilized for the identification purposes. The results are also approved from the scientific and legal aspects.

Keywords: forensic genetics, database, short tandem repeats, software

[*]Corresponding author: Tavallaie M. Email: mahtavalla@bmsu.ac.ir

مجله طب نظامی
دوره ۱۵، شماره ٤، زمستان ۱۳۹۲
صفحات: ۲۷۱-۲٦۷

بهره‌گیری از نرم‌افزار تعیین هویت ژنتیکی NoorGIS به منظور شناسایی شهدای حوادث نظامی

علی میری[۱] MSc، محسن ربدوست مطلق[۱] BSc ، علی تولایی[۱] BSc، محمود تولایی[۱*] PhD

[۱] مرکز تحقیقات ژنتیک انسانی،دانشگاه علوم پزشکی بقیه ا...(عج)، تهران، ایران

چکیده

اهداف: نظر به اجرای بانک داده‌های ژنتیکی در حجم انبوهی از جمعیت یک جامعه، محققین حوزه ژنتیک را در تجزیه و تحلیل داده‌های ژنتیکی با مشکل جدی روبرو می‌سازد. تنوع در شاخص‌های مولکولی نظیر Strs، mtDNAs، SNPs و Y-Chromosome با اهداف متفاوت از جمله، تعیین هویت ژنتیکی بهره‌برداری می‌شود. در کشور ما با توجه به حوادث قهری و طبیعی و همچنین جنگ تحمیلی، استفاده از این فناوری را مورد توجه قرار داده و حسب نیاز، طراحی بانک داده مطلوب با قابلیت تجزیه و تحلیل داده‌های ژنتیکی صورت گرفته است.
روش‌ها: پس از دستیابی به اطلاعات ژنتیکی افراد، نرم‌افزاری به منظور تجزیه و تحلیل اطلاعات ژنتیکی و نیز به عنوان یک پایگاه داده ژنتیکی شامل ویژگی‌های خاص بومی با قابلیت جستجو داده‌های فردی و ژنتیکی طراحی گردید. این نرم‌افزار، NoorGIS نام‌گذاری شد.
یافته‌ها: با استفاده از نرم‌افزار NoorGIS، امکان مطالعه و مقایسه ارتباط ژنتیکی بین افراد در یک جمعیت، جستجوی اطلاعات ژنتیکی، فرآیند دستیابی به تشابه بین اطلاعات ژنتیکی و همچنین قابلیت نرم‌افزار در دستیابی به نتایج مطلوب با استفاده از اطلاعات ژنتیکی فراهم گردید. به‌کارگیری این نرم‌افزار در مرکز تحقیقات ژنتیک انسانی با موفقیت صورت گرفت و منجر به شناسایی ژنتیکی شهدای گمنام از جنگ تحمیلی ایران و عراق و حوادث نظامی گردید.
نتیجه‌گیری: با استفاده از این نرم‌افزار جامع، می‌توان داده‌های فردی و ژنتیکی را به منظور تعیین هویت، ذخیره‌سازی و به‌کارگیری نمود. همچنین نتایج حاصل از نظر علمی و حقوقی مورد تأیید است.

کلیدواژه‌ها: تعیین هویت ژنتیکی، بانک داده، تکرارهای پشت سر هم کوتاه، نرم‌افزار

*نویسنده مسئول: محمود تولایی. پست الکترونیک: mahtavalla@bmsu.ac.ir
دریافت مقاله: ۱۳۹۱/۱۰/۲۶ پذیرش مقاله: ۱۳۹۲/۹/۲۰

مقدمه

پدیده‌های طبیعی مانند زلزله، سیل، سونامی و یا حوادثی مانند سقوط هواپیما، جنگ‌ها، انفجارات و سایر موارد نظیر آن، معمولاً خساراتی را به جوامع انسانی تحمیل می‌نمایند که در این بین، کشور ما نیز مستثنی نمی‌باشد. در هنگام بروز چنین حوادثی، شناسایی و تعیین هویت جان‌باختگان، مهم‌ترین مرهم بر زخم بازماندگان آن‌هاست.

امروزه موضوع تعیین هویت از حیث موضوعات قضایی نیز در کشور مورد توجه زیاد قرار گرفته است. تعیین هویت ژنتیکی با روش‌های مولکولی انگشت‌نگاری DNA (Finger Printing DNA) با اهداف مختلف در سراسر جهان مورد بهره‌برداری قرار می‌گیرد [۱, ۲]. در این روش می‌توان از شاخص‌های مولکولی نظیر تکرارهای پشت سر هم کوتاه (STRs)، DNA میتوکندری، چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی (SNPs) و کروموزوم Y استفاده کرد [۳, ۴].

در مطالعات ژنتیکی بهره‌گیری از تکرارهای پشت سر هم کوتاه در سراسر ژنوم موجودات زنده که با تنوع قابل‌قبول شناسایی گردیده‌اند، یک روش قابل اتکا، در حوزه تعیین هویت هستند. لحاظ کردن چندین لوکوس به طور هم زمان سبب ایجاد یک ترکیب منحصربه‌فرد برای هر شخص خواهد شد. این جایگاه‌ها با ترکیب متنوع در کیت‌های مختلف تجاری مورد توجه قرار گرفته‌اند اما یک حالت بسیار متداول آن ۱۵ لوکوس STR شامل D8S1179 ، D7S820 ،D21S11 ،CSF1PO ،D3S1358 ،TH01 ،D13S317 ،D16S539 ،D2S1338 ،D19S433 ،vWA ،TPOX ،D18S51 ،D5S818 و FGA به همراه یک شاخص جنسیتی (Amelogenin) را شامل می‌شوند [۱].

حجم بالای داده‌های ژنتیکی، استفاده از رایانه جهت ایجاد پایگاه داده‌های مرجع و تجزیه و تحلیل داده‌ها را اجتناب‌ناپذیر نموده است (جدول ۱). در شرایط ویژه که لازم است داده‌های ژنتیکی یک فرد در یک بررسی ژنتیک جمعیت مورد تجزیه و تحلیل قرار گیرد، بهره‌گیری از نرم‌افزارهای دارای قابلیت جستجوی همزمان در تعداد کثیری مؤلفه ضروری می‌باشد.

در کشورهای پیشرو در عرصه ژنتیک تا کنون نرم‌افزارهای متنوعی نظیر: CODIS در امریکا تحت مدیریت FBI، LIMS-GPC در اسپانیا، MDKAP، DNA-View، PATPCR و CEPOL software در کشورهای مختلف، مورد بهره‌برداری قرار گرفته است [۵] و برخی از این موارد به صورت تجاری نیز در اختیار کشورهای دیگر قرار می‌گیرد (جدول ۲).

توسعه کاربردهای علم ژنتیک نیازمند بهره‌گیری از نرم‌افزارهای قدرتمند و مناسب است. اتکای مطلق به نرم‌افزارهای تجاری موجود نیز با مشکلاتی همراه می‌باشد که از آن جمله می‌توان به عدم حفظ اطلاعات جمعیتی کشورها به دلیل ارتباط روی خط (online) با منبع مرکزی در کشور بیگانه، هزینه‌های بسیار بالای خرید چنین نرم‌افزارهایی و عدم در اختیار داشتن بانک مرجع جهت بهره‌برداری‌های بومی می‌باشد. همین مسئله انگیزه متخصصین داخلی برای تولید نرم‌افزار مناسب با بهره‌گیری از الگوریتم‌های اختصاصی و طراحی ویژه را موجب گردیده است.

جدول ۱. حجم بالای اطلاعات ژنتیکی حاصل از حوادث گوناگون [۵]

حوادث	نوع/مکان/زمان	تعداد قربانیان	بقایای تعیین هویت شده به وسیله DNA	چالش‌ها
سقوط هواپیما	سقوط هواپیما /فرانسه/۱۹۹۲ میلادی	۸۷	۱۷	تعداد کم نشانگرها
بمب‌گذاری	انفجار /بوینس آیرس/۱۹۹۴ میلادی	بیش از ۱۰۰	۷۰	//
سقوط هواپیما	سقوط هواپیما /سوییس/۱۹۹۸ میلادی	۲۲۹	۱۲۷۷	حجم زیاد مقایسه بین طرح‌واره‌های ژنتیکی
بلایای طبیعی	سونامی آسیای جنوبی/دسامبر ۲۰۰۴	بیش از ۲۰۰۰۰۰	؟	حجم زیاد مقایسه بین طرح‌واره‌های ژنتیکی

جدول ۲. نرم‌افزارهای بیوانفورماتیکی بکارگرفته شده در تعیین هویت ژنتیکی [۵]

حوادث	تعداد بقایای مطابقت داده شده	نشانگرهای DNA	ابزارهای بیوانفورماتیکی
حادثه Waco تکزاس امریکا ۱۹۹۳ میلادی	۳۰۰۰	STR, HLA	نامشخص
سقوط هواپیما نروژ ۱۹۹۶ میلادی	۳۶۰۰۰	3STR, VNTR	Excel, Pater
مرکز تجارت جهانی نیویورک ۱۱ سپتامبر ۲۰۰۱	۲۲۰۰۰۰۰۰۰	13STR+AMEL	CODIS, DNA-View, MDKAP
بمب‌گذاری قطار مادرید ۲۰۰۴ میلادی	۲۰۰۰۰	Identifiler (15STR+AMEL)	PATPCR, CEPOL, CODIS Software

روش‌ها

جهت دستیابی به اطلاعات ژنتیکی افراد از نمونه‌های در اختیار، با بهره‌گیری از روش‌های آزمایشگاهی، می‌بایست طرحواره ژنتیک تهیه گردد که در ذیل به این روش‌ها اشاره می‌گردد:

۱-استخراج DNA: تخلیص DNA از نمونه‌های زیستی به روش‌های متعددی انجام می‌پذیرد [۶-۸] که در اینجا از روش نمک کلروفرم (salting out) استفاده شده است.

۲-کنترل کیفی: کنترل کیفیت DNA نمونه‌ها با گرفتن جذب نوری با دستگاه نانوفتومتر و انجام الکتروفورز با ژل آگاروز تعیین می‌گردد.

۳- واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR): با استفاده از کیت AmpF/STR Identifiler محصول شرکت Applied Biosystems [۹] در جایگاه‌های ژنتیکی اختصاصی مورد مطالعه، تزاید ژنی از طریق واکنش زنجیره‌ای پلیمرازی تهیه میگردد [۱۰-۱۲].

۴- تهیه طرحواره ژنتیکی از نمونه‌ها: با استفاده از سیستم الکتروفورز موئینه و دستگاه ژنتیک آنالایزر 3130xl ساخت شرکت Applied Biosystems (شکل ۱).

۵-تحلیل اطلاعات: با استفاده از نرم‌افزارهای GeneMapper , PowerStats(version 3.2) GENEPOP در ابتدا داده‌ها در نرم‌افزار Gene Mapper ID مورد تجزیه و تحلیل [۱۳, ۱۴] و سپس داده‌ها توسط نرم‌افزارهای PowerStats وGENEPOP [۱۵] مورد بررسی آماری قرار می‌گیرد.

پس از دستیابی به اطلاعات ژنتیکی افراد، به منظور تجزیه و تحلیل داده‌ها علاوه بر نرم‌افزارهای ژنتیکی و بانک اطلاعات ژنتیکی متداول [۱۶, ۱۷]، در اختیار داشتن نرم‌افزار بومی خاص که دارای قابلیت‌های جستجوی داده‌ها و تطبیق اطلاعات ژنتیکی و فردی باشد، ضروری است. این قابلیت‌ها در حال حاضر در نرم‌افزار NoorGIS قابل بهره‌برداری است.

نتایج

این نرم‌افزار بومی با توجه به کثرت اطلاعات ژنتیکی به وجود آمده توانسته در بهره‌گیری از این اطلاعات کمک شایانی به کاربران حوزه تعیین هویت ژنتیکی داشته باشد. قابلیت‌های فراوان این نرم‌افزار در بعضی موارد آن را از سایر نرم‌افزارهای موجود متمایز می‌کند. امکانات ذیل از قابلیت‌های این نرم‌افزار بومی می‌باشد:

- امکان مدیریت ثبت و ذخیره بدون محدودیت شامل انواع داده‌ها به صورت فایل‌های Tab، Comma، JPEG و... مربوط به رخدادهای طبیعی و یا تعمدی (شکل ۲)

-امکان جستجوی اطلاعات از بانک داده‌های فردی و ژنتیکی

-امکان جستجوی اطلاعات از بانک داده‌های قبل از حادثه (AM) و پس از حادثه (PM)

-امکان پردازش اطلاعات فردی و ژنتیکی از طریق گزینه تطبیق اطلاعات بدون محدودیت و نمایش میزان تشابه (شکل ۳)

-امکان بررسی نژادی و قومیتی فرد مجهول‌الهویه با بهره‌گیری از داده‌های علمی موجود. در این نرم‌افزار به لحاظ دقت آزمایشات ژنتیکی موضوع تطبیق ژنتیکی به عنوان موضوع محوری مطرح است که با فیلترینگ‌های متنوع، میزان تطابق لوکوس‌های STR، میزان تطابق آللی به طور مجزا و تعیین درصد تشابه فراهم شده است.

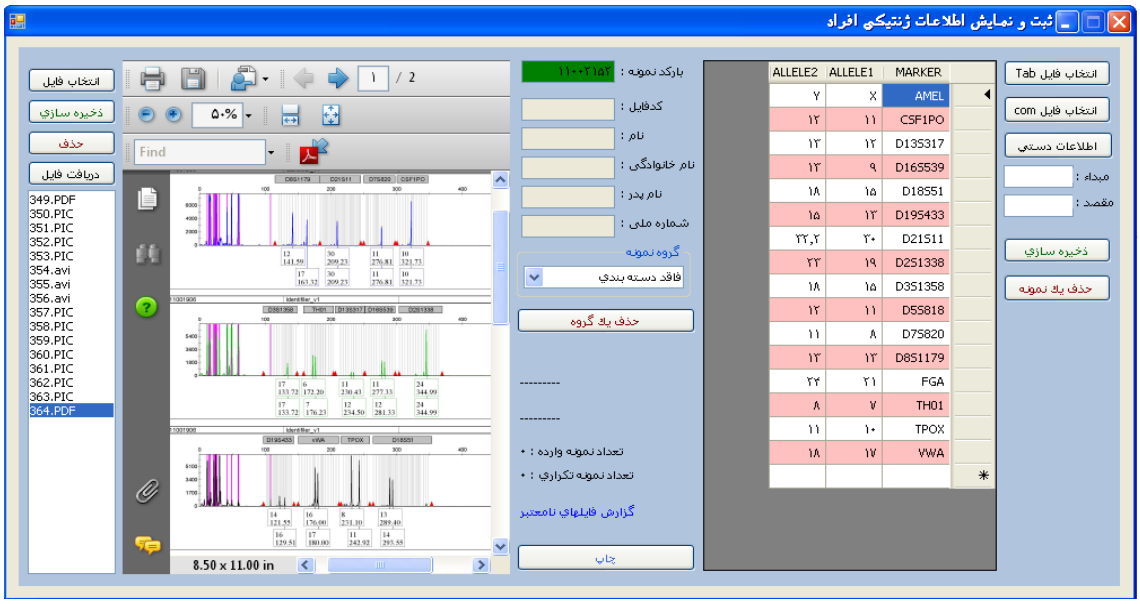
-امکان بررسی ارتباط خویشاوندی بین نمونه هدف با سایر افراد و همزمان تطابق اطلاعات فردی

-امکان ایجاد و ثبت گروه‌ها و پرونده‌های متفاوت در حوادث گوناگون با بانک داده‌های جداگانه.

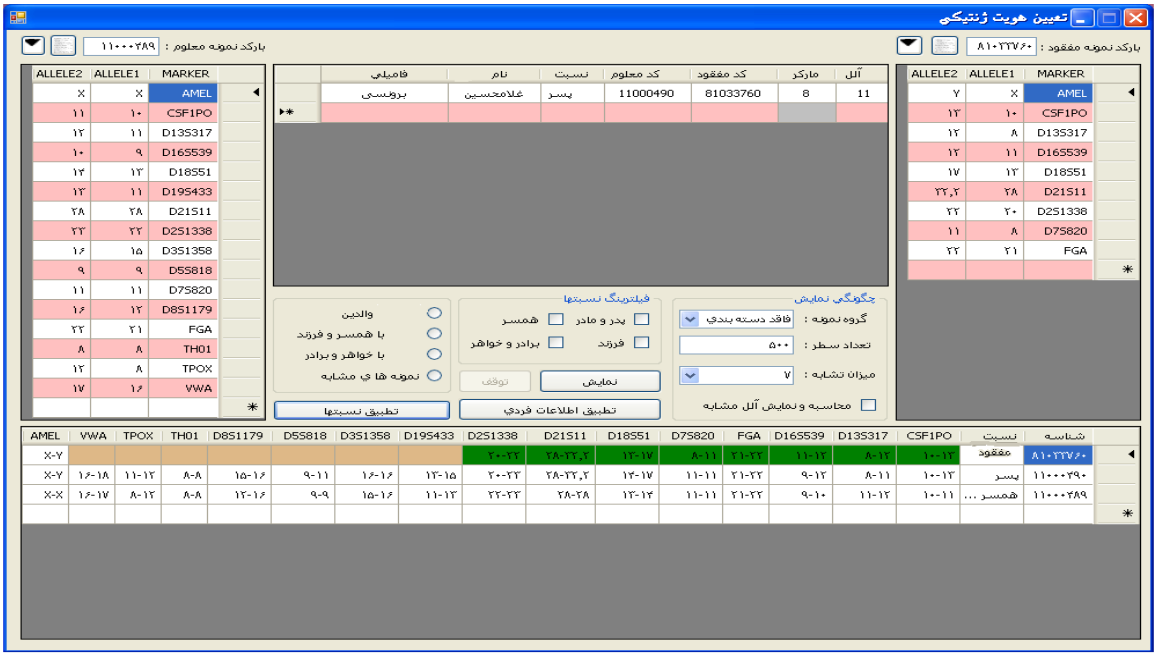
-بخش ویژه تحقیقاتی و استخراج اطلاعات پیرامون مباحث ژنتیک جمعیت‌ها و قومیت‌ها

-قسمت تنظیمات و راهنما با امکان ایجاد تغییرات در پارامترهای انتخابی نرم‌افزار

شکل ۱. نمونه‌ای از یک طرحواره ژنتیکی



شکل ۲. صفحه مربوط به ثبت و نمایش اطلاعات ژنتیکی و سایر اطلاعات تصویری از نمونه‌ها



شکل ۳. صفحه مربوط به تطبیق اطلاعات ژنتیکی و نمایش میزان تشابه آللی و مارکر

بحث

در شرایط ویژه که لازم است داده‌های ژنتیکی یک فرد در یک بررسی ژنتیک جمعیت مورد تجزیه و تحلیل قرار گیرد، بهره‌گیری از نرم‌افزارهای دارای قابلیت جستجوی همزمان در تعداد کثیری مؤلفه ضروری می‌باشد. در کشورهای پیشرو در عرصه ژنتیک، تا کنون نرم‌افزارهای متنوعی مورد بهره‌برداری قرار گرفته است و برخی از این موارد به صورت تجاری نیز در اختیار کشورهای دیگر قرار می‌گیرد. در کشور ما نیز توسعه کاربردهای علم ژنتیک نیازمند بهره‌گیری از نرم‌افزارهای قدرتمند و مناسب است. اتکا به نرم‌افزارهای تجاری موجود نیز با مشکلاتی همراه می‌باشد که از آن جمله می‌توان به عدم حفظ اطلاعات جمعیتی کشور به دلیل ارتباط online با منبع مرکزی در کشور بیگانه و موضوع دیگر، هزینه‌های بسیار بالای خرید چنین نرم‌افزارهایی می‌باشد. این نیاز منجر به تلاش متخصصین داخلی برای تولید نرم‌افزار مناسب با بهره‌گیری از الگوریتم‌های اختصاصی و طراحی ویژه گردید.

نتیجه‌گیری

با توجه به شرایط و نیاز بوجود آمده در کشور، پیرامون ذخیره‌سازی اطلاعات، تجزیه و تحلیل و انطباق داده‌ها، در این طرح با استفاده از طراحی یک نرم‌افزار جامع، سایر اطلاعات فردی (شامل: مشخصات سجلی، تصویر، اسناد و...) و اطلاعات ژنتیکی مورد تجزیه و تحلیل قرارگرفته و نتایج تأییدشده علمی و حقوقی ارائه گردید. مراحل بررسی و ارزیابی این نرم‌افزار در مرکز ژنتیک انسانی دانشگاه علوم پزشکی بقیه ا...(عج) مورد استفاده قرار گرفته است و

تا کنون تعدادی از پیکرهای مطهر شهدای گمنام جنگ تحمیلی، بدین ترتیب مورد شناسایی ژنتیکی قرار گرفته است. امید است با اقدامات موثری از این دست، شاهد قرارگیری علم در خدمت اخلاق و ایمان و نیاز کشور باشیم.

تشکر و قدردانی: از پشتیبانی‌های مرکز حمایت از مخترعین، مبتکرین و نوآوران سازمان بسیج علمی، پژوهشی و فناوری که بخشی از پشتیبانی طرح را تقبل نمودند، کمال تشکر داریم.

منابع

1. Edwards A, Hammond HA, Jin L, Caskey CT, Chakraborty R. Genetic variation at five trimeric and tetrameric tandem repeat loci in four human population groups. Genomics. 1992;12(2):241-53.
2.Chakraborty R, Smouse P, Neel J. Population amalgamation and genetic variation: observations on artificially agglomerated tribal populations of Central and South America. Am J Hum Genet. 1988; 43(5):709.
3. Oota H, Saitou N, Matsushita T, Ueda S. A genetic study of 2,000-year-old human remains from Japan using mitochondrial DNA sequences. Am J Phys Anthropol. 1995;98(2):133-45.
4. Budowle B, Moretti TR, Baumstark AL, Defenbaugh DA, Keys KM. Population Data on the Thirteen CODIS Core Short Tandem Repeat Loci in African-Americans, US Caucasians, Hispanics, Bahamians, Jamaicans, and Trinidadians. J Forensic Sci. 1999;44:1277-86.
5. Alonso A, Martín P, Albarrán C, De Simon P, Iturralde M, Fernandez-Rodriguez A, et al. Challenges of DNA profiling in mass disaster investigations. Croat Med J. 2005;46(4):540.
6. Comey CT, Koons BW, Presley KW, Smerick J, Sobieralski CA, Stanley D, Et Al. DNA Extraction Strategies For Amplified Fragment Length Polymorphism Analysis. J Forensic Sci. 1994;39:1254.
7. Waye J, Presley L, Budowle B, Shutler G, Fourney R. A Simple And Sensitive Method For Quantifying Human Genomic DNA In Forensic Specimen Extracts. Biotechniques. 1989;7(8):852.
8. Budowle B, Baechtel FS, Comey CT, Giusti AM, Klevan L. Simple protocols for typing forensic biological evidence: Chemiluminescent detection for human DNA quantitation and restriction fragment length polymorphism (RELP) analyses and manual typing of polymerase chain reaction (PCR) amplified polymorphisms. Electrophoresis. 1995;16(1):1559-67.
9. Chakraborty R, Fornage M, Gueguen R, Boerwinkle E. Population genetics of hypervariable loci: analysis of PCR based VNTR polymorphism within a population. DNA fingerprinting: approaches and applications: Springer; 1991. p. 127-43.
10. Nei M, Roychoudhury A. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. Genetics. 1974;76(2):379-90.
11. Sullivan K, Pope S, Gill P, Robertson J. Auto¬mated DNA profiling by fluorescent labeling of PCR products. Genome Res. 1992;2(1):34-40.
12. Moretti T, Koons B, Budowle B. Enhancement of PCR amplification yield and specificity using AmpliTaq Gold DNA polymerase. Biotechniques. 1998;25(4):716-22.
13. Karlin S, Cameron EC, Williams PT. Sibling and parent--offspring correlation estimation with variable family size. Proc Natl Acad Sci U S A. 1981;78(5):2664-8.
14. Guo SW, Thompson EA. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. Biometrics. 1992:361-72.
15. Roff DA, Bentzen P. The statistical analysis of mitochondrial DNA polymorphisms: chi 2 and the problem of small samples. Mol Biol Evol. 1989;6(5):539-45.
16. Lins AM, Micka KA, Sprecher CJ, Taylor JA, Bacher J, Rabbach D, et al. Development and population study of an eight-locus short tandem repeat (STR) multiplex system. J Forensic Sci. 1998;43(6):1168-80.
17. Weir BS. Genetic data analysis. Methods for discrete population genetic data: Sinauer Associates, Inc. Publishers; 1990.

View publication stats