Journal of Military Medicine
2026, Volume 28, Special Issue 1 (40-day Imposed War)
Pages: 59-71
10.30491/jmm.2026.1007128.1533

Scientific and Practical Strategies for Improving and Accelerating the Identification of Martyrs' Human Remains in Recent Armed Conflicts Involving the Islamic Republic of Iran

Somayeh Falahatian [1], Narges Hosseini [1], Reza Asghari [1], Soheyla Fathi [1], Ali Miri [1*]

[1] *Human Genetics Research Center, Baqiyatallah University of Medical Sciences, Tehran, Iran*

Received: 20 June 2026 **Accepted:** 26 July 2026

Abstract

Mass fatality incidents and armed conflicts pose significant technical, temporal, and humanitarian challenges to the identification of victims' remains. Drawing upon experiences gained from recent imposed wars and large-scale disasters in Iran, this article examines scientific and practical approaches that can enhance both the speed and accuracy of the identification process of fallen victims and martyrs. Particular emphasis is placed on the importance of proper scene management, systematic evidence collection in accordance with international standards, and the critical role of antemortem data and family reference samples. Furthermore, the potential of various human tissues for DNA recovery and genetic profiling, as well as the application of modern molecular techniques in human identification, are reviewed. In recent years, the development of specialized forensic genetic identification infrastructures in Iran has contributed substantially to improving the efficiency and reliability of victim identification efforts. These advancements have facilitated more accurate and timely identification of the remains of martyrs and disaster victims, thereby providing more effective responses to the needs of their families. Overall, the integration of scientific methodologies with ethical and humanitarian considerations plays a crucial role in enhancing identification processes and reducing uncertainty for surviving relatives.

Keywords: Human Identification, Disaster Victim Identification, Genetic Markers, Forensic Genetics.

*Corresponding author: **Ali Miri,** Email: alimiri@sbmu.ac.ir

مجله طب نظامی
دوره ۲۸، ویژه نامه شماره ۱ (جنگ تحمیلی ۴۰ روزه)، مرداد و شهریور ۱۴۰۵
صفحات: ۷۱-۵۹
10.30491/jmm.2026.1007128.1533

شناسایی ژنتیکی بقایای پیکر شهدا در جنگ امریکا و اسرائیل بر علیه ایران؛ روش‌های علمی و عملی موثر

سمیه فلاحتیان[۱]، نرگس حسینی[۱]، رضا اصغری[۱]، سهیلا فتحی[۱]، علی میری[۱*]

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

چکیده

جنگ‌ها و حوادث گسترده با تلفات انسانی بالا، فرایند شناسایی بقایای قربانیان را با چالش‌های فنی، زمانی و انسانی مواجه می‌کنند. این مقاله با تمرکز بر تجربیات حاصل از جنگ‌های تحمیلی اخیر در ایران، به بررسی راهکارهای علمی و عملی موثر در تسریع و افزایش دقت در تعیین هویت پیکر شهدا می‌پردازد. در این راستا، نقش مدیریت صحیح صحنه حادثه، جمع‌آوری نظام‌مند نمونه‌ها بر اساس استانداردهای بین‌المللی، و اهمیت داده‌های پیش از مرگ و نمونه‌های مرجع خانوادگی مورد تحلیل قرار گرفته است. همچنین ظرفیت بافت‌های مختلف انسانی در استخراج و بازیابی اطلاعات ژنتیکی و کاربرد روش های نوین مولکولی در فرایند تشخیص هویت مورد بررسی قرار می‌گیرد. در سال‌های اخیر در ایران نیز با توسعه زیرساخت‌های تخصصی شناسایی ژنتیکی، از جمله فعالیت‌های انجام‌شده و تلاش شده روند شناسایی بقایای شهدا با دقت و سرعت بیشتر و پاسخگویی مؤثرتری به خانواده‌های قربانیان اینگونه حوادث صورت گیرد. در مجموع، به‌کارگیری رویکردهای علمی همراه با رعایت ملاحظات اخلاقی و انسانی می‌تواند نقش مهمی در بهبود فرایند شناسایی و کاهش ابهام برای بازماندگان ایفا کند.

کلیدواژه‌ها: شناسایی هویت، شناسایی قربانیان حوادث جمعی، مارکرهای ژنتیکی، ژنتیک قانونی.

*نویسنده مسئول: **علی میری.** پست الکترونیک: alimiri@sbmu.ac.ir
دریافت مقاله: ۱۴۰۵/۰۳/۳۰ پذیرش مقاله: ۱۴۰۵/۰۵/۰۴

مقدمه

در کنار محافظت و نجات بازماندگان و همچنین ارائه خدمات ضروری به آن‌ها، مدیریت صحیح همراه با حفظ کرامت اجساد و پیکرهای باقیمانده از حوادث طبیعی مانند زلزله و یا فجایعی که به دست انسان ها رقم می‌خورد، از ارکان اصلی پاسخ‌های بشر دوستانه به اینگونه بلایا محسوب می‌شود. برای اولین بار در سال ۱۹۸۴ یک نسخه راهنما منتشر شد که هم برای افراد غیر متخصص و هم افراد مسئول در برنامه‌ریزی برای مدیریت اجساد در حوادث بسیار کارآمد بود. پس از آن بارها دستورالعمل‌های تکمیل‌کننده‌ای ارائه شد که در آن‌ها تجربیات میدانی همراه با لحاظ کردن پیشرفت‌های علمی رویکرد مناسب در نحوه برخورد با اجساد و همچنین مسائل مربوط به بازماندگان را بهبود بخشید (۱،۲). جنگ از عواملی است که بر خلاف حوادث طبیعی پدیده‌ای انسان ساخت بوده و ناشی از تصمیمات آگاهانه انسانی و تعارضات سیاسی و اجتماعی است (۳). متاسفانه این ویژگی جنگ باعث می‌شود که شدت و گستره تخریب گاهی بسیار قابل توجه باشد. جنگ‌ها در بسیاری از موارد پیامدهایی فراتر از تلفات انسانی داشته و حتی می‌توانند به تخریب گستردهی محیط زیست و نابودی زیست‌بوم‌ها و اشکال مختلف حیات وابسته به آن منجر شوند (۴). در سال‌های اخیر علی‌رغم پیشرفت در تدوین حقوق بین‌الملل و یا تلاش‌های دیپلماتیک وسیع، وقوع درگیری‌ها در سطوح بین کشوری، منطقه‌ای و یا داخلی شدت داشته و جهان به وضوح شاهد پیامدهای منفی آن بوده است (۵). جنگ اخیر در باریکه غزه مثال بارزی است که حجم بالای کشتار، قحطی، آوارگی و تخریب در آن غیر قابل انکار می‌باشد (۶،۷).

ایران نیز در طول کمتر از یک سال با پیامدهای ناگوار انسانی ناشی از جنگ تحمیل شده از سوی امریکا و اسرائیل مواجه بوده است. در این میان، وقوع آتش‌سوزی‌ها و بمباران‌های مکرر مراکز نظامی و غیرنظامی، از جمله مناطق مسکونی، بیمارستان‌ها، دانشگاه‌ها و مراکز علمی و تحقیقاتی، منجر به جان‌باختن شمار قابل توجهی از نظامیان و شهروندان غیرنظامی، از جمله کودکان بی‌گناه، شده است (۱۰-۸). در تجاوز ددمنشانه امریکا و اسرائیل به کشورمان به دلیل شدت بالای تخریب اماکن و متلاشی شدن کامل پیکرها و نیز گاهی کشته شدن تمامی اعضای یک خانواده، شناسایی هویت بقایای انسانی بسیار چالش برانگیز بوده که این امر، ضرورت تبعیت دقیق و گام به‌گام از پروتکل‌های علمی و اخلاقی تدوین‌شده را بیش از پیش آشکار می‌سازد.

در شرایط وقوع جنگ‌ها، حملات انفجاری، بلایای طبیعی و حوادث با تلفات جمعی، تعداد قابل توجهی از بقایای انسانی ممکن است به دلیل شدت آسیب‌های وارده، تخریب بافت‌های نرم، سوختگی، قطعه‌قطعه شدن و شرایط نامساعد محیطی بدون هویت باقی بمانند. شناسایی و تعیین هویت این بقایا نه تنها از دیدگاه پزشکی قانونی، بلکه از نظر انسانی، حقوقی، اجتماعی و مذهبی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. تعیین هویت صحیح قربانیان امکان بازگرداندن نام و هویت افراد فوت‌شده، اطلاع‌رسانی دقیق به خانواده‌ها، انجام امور قانونی مرتبط با مرگ، حمایت روانی بازماندگان و حفظ کرامت انسانی پس از مرگ را فراهم می‌نماید. در این میان، روش‌های مولکولی به ویژه آنالیز DNA به دلیل قابلیت استفاده از نمونه‌های مقاوم مانند استخوان و دندان، نقش مهمی در شناسایی بقایای انسانی با تخریب شدید ایفا می‌کنند.

جنگ ۱۲ روزه اخیر نشان داد که حملات با شدت بالا، انفجارهای گسترده و سوختگی‌های شدید می‌توانند فرآیند شناسایی قربانیان را با چالش‌های قابل‌توجهی مواجه سازند و نیاز به بهره‌گیری از پروتکل‌های استاندارد DVI و روش‌های پیشرفته ژنتیکی را بیش از گذشته آشکار کنند (۱۱).

هدف از نگارش این متن، ارائه روش‌های بهینه در مدیریت فرآیند شناسایی ژنتیکی هویت جان‌باختگان و نیز تبیین نحوه برخورد مناسب با بازماندگان در جنگ‌های تحمیلی اخیر به کشورمان، بر اساس دستورالعمل‌های بین‌المللی، به منظور تسریع در پاسخ‌گویی نهادهای مسئول به خانواده‌های داغدار می‌باشد.

جمع‌آوری نمونه و مدیریت بقایا در حوادث

فرآیند جمع‌آوری و نمونه‌برداری از بقایای انسانی باید مطابق دستورالعمل شناسایی قربانیان حوادث (Disaster Victim Identification; DVI) اینترپل و با رعایت اصول استاندارد پزشکی قانونی انجام شود. پس از ارزیابی ایمنی محل حادثه، بقایای انسانی توسط تیم‌های تخصصی و با استفاده از تجهیزات حفاظت فردی جمع‌آوری می‌شوند. هر قطعه از بقایا، صرف‌نظر از اندازه، پیش از انتقال عکسبرداری شده، در فرم‌های استاندارد DVI ثبت و با یک شناسه یکتا برچسب‌گذاری می‌شود. به‌منظور جلوگیری از آلودگی، نمونه‌ها با ابزارهای استریل یا یکبارمصرف جمع‌آوری و به‌صورت مجزا در بسته‌بندی‌های مناسب نگهداری و به آزمایشگاه‌های تخصصی ژنتیک و پزشکی قانونی منتقل می‌شوند تا فرآیند استخراج DNA و تشخیص هویت آغاز گردد (۲).

انتقال سریع و صحیح نمونه‌ها نقش مهمی در حفظ کیفیت DNA دارد، زیرا هرگونه تأخیر می‌تواند موجب تخریب ماده ژنتیکی و کاهش موفقیت در تعیین هویت شود (۱۱). جمع‌آوری و انتقال نمونه‌های زیستی از صحنه‌های دارای تلفات جمعی نیازمند رعایت اصول استاندارد به منظور جلوگیری از آلودگی متقاطع، تخریب DNA و ایجاد خطا در فرآیند شناسایی است. در مرحله نمونه‌برداری، تمامی نمونه‌ها باید توسط افراد آموزش‌دیده و با استفاده از تجهیزات حفاظت فردی شامل دستکش یکبار مصرف، ماسک و تجهیزات استریل جمع‌آوری شوند. برای هر بقایای انسانی یا قطعه نمونه، ابزار نمونه‌برداری باید در صورت امکان تعویض شده یا به روش مناسب پاکسازی شود تا احتمال انتقال DNA بین نمونه‌ها کاهش یابد. همچنین ثبت دقیق محل کشف، زمان جمع‌آوری، مشخصات نمونه و زنجیره انتقال (chain of custody)

برای حفظ اعتبار قانونی نتایج ضروری است.

شرایط انتقال نمونه‌ها بسته به نوع بافت متفاوت است. نمونه‌های استخوانی و دندانی به دلیل مقاومت بالا در برابر شرایط محیطی، پس از پاکسازی اولیه از آلودگی‌های خارجی، معمولاً در بسته‌بندی‌های خشک و جداگانه منتقل می‌شوند. نمونه‌های بافت نرم در صورت امکان باید در شرایط سرد نگهداری و در کوتاه‌ترین زمان ممکن به آزمایشگاه منتقل شوند تا از تخریب DNA جلوگیری شود. نمونه‌های خونی یا نمونه‌های مرجع مانند خون محیطی باید پس از جمع‌آوری مناسب، در شرایط استاندارد نگهداری و یا بر روی کارت‌های اختصاصی مانند FTA Card ذخیره شوند.

در صحنه‌هایی که احتمال وجود بقایای حیوانی در کنار بقایای انسانی وجود دارد، افتراق اولیه بر اساس بررسی مورفولوژیک و آناتومیک توسط تیم آنتروپولوژی قانونی انجام می‌شود. ویژگی‌هایی مانند شکل، اندازه، ساختمان داخلی استخوان‌ها و وجود خصوصیات اختصاصی انسانی می‌تواند در تشخیص اولیه کمک‌کننده باشد. با این حال، در مواردی که بقایا دچار تخریب شدید، سوختگی یا قطعه‌قطعه شدن باشند، تعیین قطعی منشاء انسانی نمونه نیازمند بررسی‌های آزمایشگاهی شامل روش‌های مولکولی اختصاصی انسانی، مانند بررسی مارکرهای STR انسانی یا DNA میتوکندریایی است. در نهایت، پروفایل‌های ژنتیکی حاصل از نمونه‌های پس از مرگ با نمونه‌های مرجع مقایسه شده و هویت افراد با اطمینان علمی تعیین می‌شود (۲).

علاوه بر دستورالعمل‌های بین‌المللی مرتبط با شناسایی قربانیان، رعایت اصول اخلاقی و فرهنگی در فرآیند نمونه‌برداری از بقایای انسانی اهمیت ویژه‌ای دارد. از دیدگاه اسلامی، حفظ حرمت و کرامت بدن انسان پس از مرگ ضروری بوده و نمونه‌برداری باید تنها با هدف مشروع شناسایی، با حداقل دستکاری ممکن و با رعایت احترام نسبت به بقایا انجام شود. همچنین جلوگیری از تخریب غیرضروری پیکر و محدود کردن اقدامات مداخله‌ای به موارد ضروری، از اصول اخلاقی مورد توجه در فرآیند تعیین هویت محسوب می‌شود.

پیش از نمونه‌برداری ژنتیکی از بقایای انسانی، معمولاً هیچ‌گونه شستشوی گسترده یا استریل‌سازی شیمیایی بر روی پیکر یا قطعات باقی‌مانده انجام نمی‌شود، زیرا استفاده از مواد شیمیایی ضدعفونی کننده می‌تواند موجب تخریب DNA، کاهش کیفیت نمونه و ایجاد اختلال در فرآیندهای آزمایشگاهی بعدی شود. همچنین شستشوی غیرضروری ممکن است باعث حذف بقایای زیستی سطحی یا انتقال آلودگی بین نمونه‌ها شود. در صورت وجود آلودگی‌های خارجی قابل مشاهده مانند خاک، مواد شیمیایی، سوخت یا بقایای محیطی، پاکسازی محدود و مکانیکی قسمت خارجی نمونه، بدون آسیب رساندن به بخش داخلی نمونه، می‌تواند پیش از برداشت نمونه انجام شود. در نمونه‌های استخوانی، معمولاً بخش خارجی آلوده یا تخریب‌شده پس از انتقال به آزمایشگاه و تحت شرایط کنترل‌شده حذف شده و قسمت داخلی استخوان که احتمال حفظ DNA در آن بیشتر است برای استخراج ژنتیکی مورد استفاده قرار می‌گیرد. در مواردی که خطر آلودگی انسانی از طریق تماس افراد وجود داشته باشد، رعایت اصول حفاظت فردی، استفاده از ابزار استریل و ثبت دقیق مراحل جابه‌جایی، جایگزین فرآیندهای شیمیایی ضدعفونی‌کننده می‌شود.

در فرآیند شناسایی و تعیین هویت بقایای انسانی، انتخاب نوع نمونه زیستی نقش مهمی در موفقیت آزمایش‌های ژنتیکی دارد. نمونه مورد استفاده باید علاوه بر دارا بودن مقدار کافی DNA، در برابر عوامل تخریب‌کننده محیطی مانند حرارت، رطوبت، آلودگی و گذر زمان مقاومت مناسبی داشته باشد. بر اساس شرایط بقایا و میزان تخریب پیکر، نمونه‌های مختلفی شامل استخوان، دندان، بافت نرم، خون، مو دارای ریشه و نمونه‌های مرجع جمع‌آوری‌شده از خانواده‌ها می‌توانند برای آنالیز ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرند.

استخوان و دندان به دلیل ساختار محافظتی و توانایی حفظ DNAدر شرایط نامساعد، از مهم‌ترین نمونه‌ها در شناسایی بقایای انسانی تخریب‌شده محسوب می‌شوند. در مقابل، نمونه‌های بافت نرم و خون در شرایطی که بقایا نسبتاً حفظ شده باشند، امکان استخراج سریع‌تر DNA را فراهم می‌کنند. همچنین نمونه‌های مرجع مانند خون محیطی، سواب دهانی یا کارت‌های FTA که از بستگان یا فرد مفقودشده تهیه می‌شوند، برای مقایسه و تأیید هویت اهمیت اساسی دارند.

جدول-۱. انواع نمونه‌های اخذ شده از بستگان و پیکرها و بقایای شهدا

ردیف	نوع نمونه	تعداد	توضیحات
۱	خون تازه	۷۰۳	
۲	لکه خون (روی کاغذ FTA)	۴۸	نمونه‌های بر روی کارت نگهدارنده
۳	بافت عضله سالم	۱۱۲۵	قسمت‌های مختلف بدن
۴	بافت عضله (حرارت دیده)	۴۳	
۵	استخوان و بافت سخت	۵۷	

در حوادث با تلفات جمعی و به‌ویژه صحنه‌های جنگی که ممکن است بقایا تحت تأثیر انفجار، سوختگی، تخریب مکانیکی و شرایط محیطی قرار گرفته باشند، انتخاب نمونه بر اساس میزان حفظ DNA و احتمال موفقیت آزمایش تعیین می‌شود. در جنگ‌های اخیر، با توجه به شدت آسیب‌های وارده به پیکرها، نمونه‌هایی مانند استخوان، دندان و قطعات بافتی باقی‌مانده

بیشترین کاربرد را در فرآیند شناسایی ژنتیکی داشته‌اند که در جدول ۱ ارائه شده است.

اهمیت وجود نمونه مرجع در تعیین هویت

در حوادث فاجعه‌بار، تعیین هویت بقایای انسانی بر پایه مقایسه اطلاعات پیش از مرگ (Ante Mortem; AM) و پس از مرگ (Post Mortem; PM) انجام می‌شود. در مواردی که ویژگی‌های ظاهری اجساد به دلیل سوختگی، انفجار یا تخریب شدید قابل استفاده نباشد، داده‌های AM نقش اساسی در شناسایی ایفا می‌کنند. اطلاعات دندان‌پزشکی، به‌ویژه رادیوگرافی‌های فک و دندان، به دلیل مقاومت نسبی دندان‌ها در برابر عوامل تخریبی، از ارزش تشخیصی بالایی برخوردار بوده و در صورت دسترسی به سوابق فرد، امکان تطبیق دقیق با یافته‌های پس از مرگ را فراهم می‌کنند (۱۲). همچنین در صورت ثبت اطلاعات بیومتریک، مانند اثر انگشت، می‌توان از مقایسه داده‌های AM و PM برای تأیید هویت استفاده کرد، مشروط بر اینکه بافت انگشتان سالم باقی مانده باشد (۱۳).

در نبود اطلاعات AM، نمونه‌های مرجع خانوادگی (Family Reference Samples; FRS) به‌عنوان مهم‌ترین منبع مقایسه ژنتیکی مورد استفاده قرار می‌گیرند. این نمونه‌ها ترجیحاً از بستگان درجه اول تهیه می‌شوند، زیرا بیشترین اشتراک ژنتیکی را با فرد مفقود دارند. مطابق دستورالعمل‌های بین‌المللی، وجود داده‌های مرجع معتبر، اعم از اطلاعات AM یا نمونه‌های خانوادگی، پیش‌نیاز اصلی شناسایی قطعی از طریق آزمون‌های ژنتیکی است و در غیاب این اطلاعات، حتی روش‌های پیشرفته ژنتیکی نیز معمولاً قادر به ارائه نتیجه قطعی نخواهند بود (۲،۱۴). در صورت عدم دسترسی به بستگان درجه اول، می‌توان از بستگان درجه دوم نیز استفاده کرد، هرچند کاهش میزان اشتراک ژنتیکی، تفسیر نتایج را پیچیده‌تر کرده و نیازمند ارزیابی‌های آماری دقیق‌تری خواهد بود (۲،۱۵).

ملاحظات اخلاقی و روان‌شناختی در تهیه نمونه‌های مرجع

شناسایی قطعی قربانیان حوادث فاجعه‌بار، علاوه بر اهمیت حقوقی و قضایی، نقش مهمی در کاهش ابهام، تسهیل فرآیند سوگواری و انجام تشریفات قانونی و مذهبی مرتبط با متوفی دارد (۱۶،۱۷). در بسیاری از جوامع، تحویل بقایای انسانی به خانواده و امکان برگزاری آیین‌های فرهنگی و مذهبی، از جنبه‌های مهم حمایت روانی بازماندگان محسوب می‌شود و عدم شناسایی قربانیان می‌تواند پیامدهای روانی و اجتماعی قابل‌توجهی به همراه داشته باشد (۱۸).

جمع‌آوری نمونه‌های مرجع از بستگان باید با رعایت کامل اصول اخلاقی و با در نظر گرفتن شرایط روانی خانواده‌ها انجام شود. افراد داغ‌دیده معمولاً در وضعیت سوگ و آسیب‌پذیری عاطفی قرار دارند؛ ازاین‌رو، برقراری ارتباط محترمانه، همدلانه و مبتنی بر اصول حرفه‌ای، نقش مهمی در جلب همکاری آنان دارد (۱۹،۲۰).

بر اساس دستورالعمل‌های بین‌المللی، اخذ رضایت آگاهانه (Informed Consent) پیش از نمونه‌گیری الزامی است. افراد باید از هدف نمونه‌گیری، نحوه استفاده از اطلاعات ژنتیکی، مدت نگهداری نمونه‌ها، حدود دسترسی به داده‌ها و حقوق خود آگاه شوند تا امکان تصمیم‌گیری آزادانه برای آنان فراهم باشد. همچنین، حفظ محرمانگی اطلاعات ژنتیکی، محدود کردن استفاده از داده‌ها به فرآیند تعیین هویت و جلوگیری از هرگونه استفاده ثانویه بدون رضایت افراد، از اصول اساسی مدیریت اطلاعات زیستی محسوب می‌شود. به همین دلیل، سازمان‌هایی نظیر کمیته بین‌المللی صلیب سرخ (ICRC)، برنامه I-Familia اینترپل، آزمایشگاه شناسایی DNAنیروهای مسلح ایالات متحده، پلیس فدرال استرالیا و برنامه افراد مفقود FBI، دستورالعمل‌های مشخصی برای حمایت از حقوق خانواده‌ها و حفاظت از اطلاعات ژنتیکی تدوین کرده‌اند (۲۱).

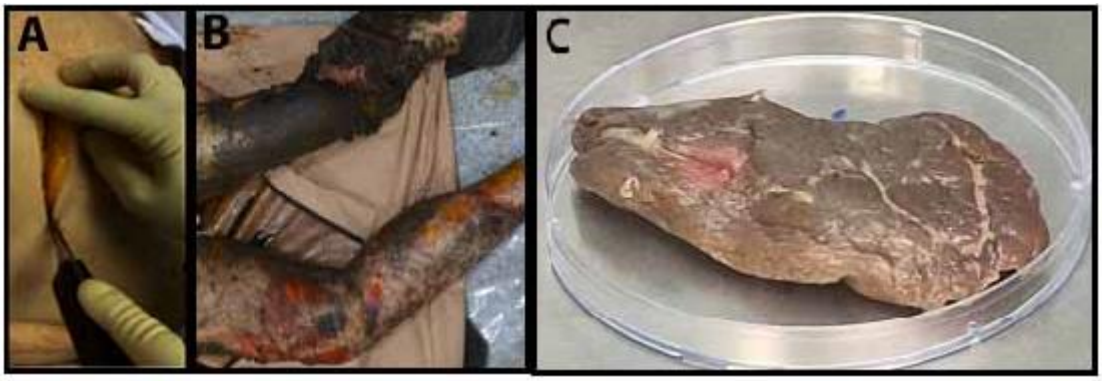
نمونه‌گیری از بافت در فرایند تشخیص هویت در پزشکی جنایی

در فرایند شناسایی قربانیان حوادث فاجعه‌بار، انتخاب نمونه زیستی مناسب نقش تعیین‌کننده‌ای در موفقیت آزمون‌های ژنتیکی دارد. در جنگ اخیر، ژنتیک پزشکی قانونی نقش مهمی در تسریع شناسایی شهدا و پاسخگویی به خانواده‌های آنان ایفا کرد. در مواردی که بقایای انسانی دچار آسیب شدید یا سوختگی گسترده باشند، انتخاب نوع بافت بر اساس میزان حفظ DNA انجام می‌شود (۲۴-۲۲).

در صورت وجود بافت نرم، به دلیل سهولت نمونه‌گیری، سرعت بیشتر استخراج DNA و کیفیت مناسب پروفایل ژنتیکی، این بافت‌ها در اولویت قرار دارند (شکل ۱). روش رایج نمونه‌برداری از بافت‌های نرم، سواب‌گیری است که نسبت به برداشت مستقیم بافت، فرآیند استخراج DNA را ساده‌تر کرده و در بسیاری از موارد، حتی در اجساد دچار فساد پیشرفته نیز امکان تعیین هویت را فراهم می‌کند (۲۶-۲۴).

مطالعات نشان داده‌اند که آئورت، مثانه و مغز از مناسب‌ترین بافت‌های نرم برای استخراج DNA محسوب می‌شوند، زیرا در مقایسه با سایر بافت‌ها مقاومت بیشتری در برابر تخریب پس از مرگ داشته و معمولاً DNA با کیفیت‌تری فراهم می‌کنند (۲۹-۲۷،۲۵). سایر بافت‌ها مانند عضله، کبد و سواب دهانی نیز قابل استفاده هستند، اما کیفیت و کمیت DNA حاصل از آن‌ها معمولاً کمتر است (۲۴).

در صورت فقدان یا نامناسب بودن بافت‌های نرم، نمونه‌گیری از بافت‌های سخت انجام می‌شود. استخوان پتروس، استخوانچه‌های گوش، سمنتوم دندان، استخوان ران، درشت‌نی و تالوس از مناسب‌ترین منابع استخراج DNA به شمار می‌روند و به دلیل حفاظت بهتر از ماده ژنتیکی، در موارد سوختگی شدید یا بقایای اسکلتی از ارزش بالایی برخوردار هستند (۳۴-۳۰).



شکل-۱. نمونه گیری از پیکر. **A:** برش پوستی از بافت؛ **B:** تخریب و سوختگی ناشی از انفجار؛ **C:** نمونه با کیفیت مطلوب.

در حوادث جنگی اخیر، بقایای انسانی به دلیل شدت آسیب‌های ناشی از انفجار، سوختگی، تخریب مکانیکی، قطعه‌قطعه شدن و قرار گرفتن طولانی‌مدت در شرایط محیطی نامساعد، با درجات مختلفی از تخریب مواجه بودند. این شرایط موجب کاهش کیفیت یا از بین رفتن نمونه‌های نرم و افزایش اهمیت نمونه‌های مقاوم‌تر مانند استخوان و دندان در فرآیند شناسایی ژنتیکی شد. انتخاب نوع نمونه برای آزمایش DNA بر اساس میزان حفظ بافت، احتمال موفقیت استخراج DNA و شرایط هر مورد انجام گرفت. تعداد و نوع نمونه‌های جمع‌آوری‌شده در این فرآیند در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول-۲. انواع نمونه‌های استخوانی و بافت سخت مورد استفاده در تعیین هویت ژنتیکی بقایای شهدا

ردیف	نوع نمونه بافت سخت	تعداد	توضیحات
۱	استخوان فمور	۱۱	۴ مورد نیم سوخته
۲	استخوان بند انگشت پا	۴	
۳	استخوان بند انگشت دست	۱۳	
۴	استخوان جمجمه	۱	
۵	استخوان تیبیا	۱	
۶	استخوان لگن	۱	نیم سوخته
۷	استخوان فیبولا	۲	
۸	استخوان هومروس	۴	
۹	استخوان مهره کمری	۶	
۱۰	استخوان مندیبل (فک پایین)	۲	
۱۱	استخوان رادیوس	۲	
۱۲	استخوان دنده	۴	
۱۳	دندان	۶	

بسیاری از مطالعات تأکید کرده‌اند که استخوان‌های بلند، متراکم و تحمل‌کننده‌ی وزن بدن، به‌ویژه استخوان ران و درشت‌نی، بیشترین میزان DNA مناسب را فراهم می‌کنند (۳۷-۳۵). این موضوع احتمالاً به این دلیل است که استخوان‌های متراکم، تخریب کمتری در سطح DNA تجربه می‌کنند؛ امری که می‌تواند ناشی از نفوذ کمتر میکروارگانیسم‌های تجزیه‌کننده بافت استخوانی به درون سلول‌های آن‌ها باشد (۳۸).

افزون بر این، استخوان‌های بزرگ‌تر، مقاوم‌تر و دارای مورفولوژی واضح‌تر در بقایای درهم‌آمیخته، امکان بازپیوند (Reassociation) و انتساب عناصر اسکلتی به یک فرد مشخص را با سهولت و دقت بیشتری فراهم می‌کنند (۳۹).

در مقابل، استخوان‌های متخلخل، از جمله استخوان‌های جمجمه، معمولاً کمترین میزان DNA را در خود حفظ می‌کنند و از این جهت برای تهیه‌ی پروفایل ژنتیکی چندان مناسب نیستند (۳۶). به عنوان یک قاعده کلی، مشخص شده است که از استخوان‌های اندام تحتانی (به جز استخوان فیبولا) در مقایسه با استخوان‌های اندام فوقانی و یا اسکلت محوری، مقدار بیشتری DNA قابل استفاده برای تعیین هویت قربانیان حوادث به‌دست می‌آید (۴۰،۴۱).

آنالیزهای ژنتیکی بر پایه بافت‌های دندانی به عنوان یک روش استاندارد و قابل اعتماد در شناسایی‌های پیچیده و بلایای جمعی شناخته می‌شود. با بهره‌گیری از تکنیک‌هایی نظیر PCR می‌توان مقادیر ناچیز DNA هسته‌ای و میتوکندریایی را از پالپ و دنتین استخراج و تکثیر کرد که این امر شناسایی قطعی هویت و تعیین جنسیت را در موارد فاقد سوابق بالینی قبلی میسر می‌سازد (۴۲).

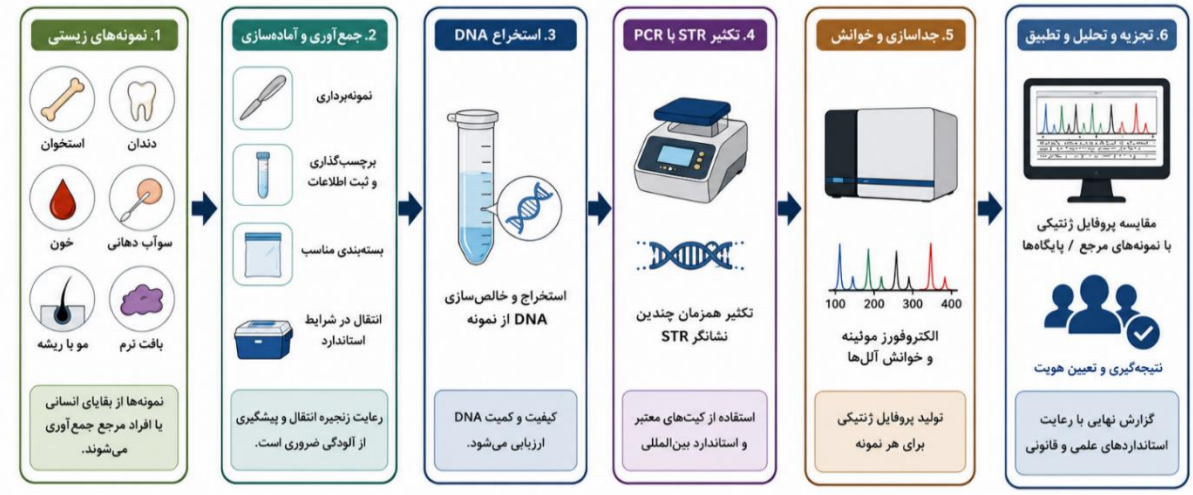
رویکردهای مولکولی در تعیین هویت قربانیان حوادث جمعی

همان‌گونه که پیش‌تر اشاره شد، در صورت نبود نمونه‌های پیش از مرگ، وجود نمونه‌های مرجع خویشاوندی برای تعیین هویت ژنتیکی ضروری است. این نمونه‌ها معمولاً از طریق سواب دهانی (۴۳) یا نمونه خون (۴۴) جمع‌آوری می‌شوند و پس از استخراج DNA، با استفاده از نشانگرهای ژنتیکی و روش‌هایی مانند PCR و الکتروفورز با نمونه‌های حاصل از بقایای انسانی مقایسه می‌شوند تا نسبت خویشاوندی و هویت فرد ارزیابی شود (شکل ۲).

پیشرفت فناوری‌های ژنتیکی موجب شده است که روش‌های مبتنی بر DNA جایگزین روش‌های قدیمی مانند گروه‌بندی خونی و بررسی پروتئین‌ها شوند. امروزه، Short Tandem Repeats (STRs) به عنوان استاندارد طلایی در پزشکی قانونی شناخته می‌شوند و به دلیل قدرت تفکیک بالا، الگوی وراثت شناخته‌شده و استانداردسازی بین‌المللی، رایج‌ترین نشانگر برای تعیین هویت هستند (۲۴). در این روش، پس از استخراج DNA، جایگاه‌های STR تکثیر شده و پروفایل ژنتیکی حاصل از طریق الکتروفورز تعیین و با نمونه‌های مرجع مقایسه می‌شود (۲۴). سامانه CODIS در ابتدا بر پایه ۱۳ لوکوس استاندارد STR طراحی شد که در بسیاری از پرونده‌های تعیین هویت قدرت افتراق مناسبی ایجاد می‌کرد. با این حال، به منظور افزایش قدرت تمایز افراد، کاهش احتمال تطابق تصادفی، بهبود قابلیت شناسایی در نمونه‌های تخریب‌شده و افزایش سازگاری میان پایگاه‌های اطلاعاتی کشورهای مختلف، تعداد لوکوس‌های استاندارد CODIS در سال ۲۰۱۷ به ۲۰ لوکوس اصلی افزایش یافت. در حال حاضر، تعیین ژنوتیپ بر اساس این ۲۰ لوکوس هسته‌ای، استاندارد رایج در بسیاری از آزمایشگاه‌های ژنتیک قانونی محسوب می‌شود و موجب افزایش دقت و قابلیت اطمینان در شناسایی بقایای انسانی، به‌ویژه در حوادث با تلفات جمعی، شده است (۴۵،۴۶).

در مواردی که DNA به شدت تخریب شده باشد، مانند بقایای ناشی از انفجار، سوختگی یا نمونه‌های قدیمی، استفاده از (SNPs) Single Nucleotide Polymorphisms می‌تواند نسبت به STRها کارآمدتر باشد، زیرا این مارکرها به قطعات کوتاه‌تری از DNA نیاز دارند و امکان بازیابی اطلاعات ژنتیکی از نمونه‌های تخریب‌شده را فراهم می‌کنند (۴۷،۴۸). با این حال، به دلیل قدرت تمایز کمتر و نیاز به بررسی تعداد بیشتری از جایگاه‌ها، SNPها هنوز جایگزین STRها نشده‌اند و عمدتاً در شرایطی به کار می‌روند که تحلیل STR موفقیت‌آمیز نباشد (۴۹).

علاوه بر این، Insertion/Deletion Polymorphisms (INDELs) نیز به عنوان مارکرهای مکمل در برخی نمونه‌های تخریب‌شده مورد استفاده قرار می‌گیرند. این مارکرها به دلیل نرخ جهش پایین، آمپلیکون‌های کوتاه و سهولت تحلیل، در کنار STRها می‌توانند دقت تشخیص هویت را افزایش دهند، اما به‌تنهایی به عنوان روش اصلی تعیین هویت مورد استفاده قرار نمی‌گیرند (۲۴،۵۰).



شکل-۲. فرآیند مورد استفاده از استخراج DNA تا شناسایی ژنتیکی بقایای انسانی در حوادث جمعی و جنگ‌ها

در سال‌های اخیر، توالی‌یابی موازی انبوه (Massively Parallel Sequencing; MPS) به‌عنوان یکی از فناوری‌های پیشرفته ژنتیک قانونی مطرح شده است. این فناوری با بهره‌گیری از روش‌های توالی‌یابی نسل جدید (NGS)، امکان بررسی هم‌زمان طیف وسیعی از مارکرهای ژنتیکی از جمله DNA، SNP، STR، میتوکندریایی و الگوهای متیلاسیون را در یک آزمایش فراهم می‌کند. برخلاف روش‌های متداول که تنها بر طول قطعات DNA متکی هستند، MPS قادر است توالی دقیق نوکلئوتیدی آلل‌ها را نیز تعیین کند؛ ویژگی‌ای که قدرت تفکیک این فناوری را در نمونه‌های پیچیده و تخریب‌شده افزایش می‌دهد و آن را به یکی از

روش‌های نویدبخش در تشخیص هویت پزشکی قانونی تبدیل کرده است (۲۴،۵۱).

با وجود این مزایا، استفاده گسترده از MPS همچنان با محدودیت‌هایی از جمله پیچیدگی تحلیل داده‌ها، نیاز به زیرساخت‌های تخصصی، هزینه بالای تجهیزات و نبود استانداردهای یکسان در برخی نظام‌های قضایی روبه‌رو است. ازاین‌رو، در بسیاری از کشورها STR همچنان روش استاندارد تعیین هویت محسوب می‌شود و MPS عمدتاً به‌عنوان یک ابزار مکمل، به‌ویژه در پرونده‌های پیچیده یا نمونه‌های به‌شدت تخریب‌شده، مورد استفاده قرار می‌گیرد (۵۲).

از نمونه‌گیری تا تطابق ژنتیکی: روند احراز هویت پیکرها

طی یک سال گذشته، وقوع چند رخداد پیاپی با تلفات انسانی بالا در کشور از جمله جنگ ۱۲ روزه و جنگ رمضان، مدیریت شناسایی و تعیین هویت جان‌باختگان نقشی کلیدی داشت. بر اساس گزارش‌های رسمی منتشر شده، تنها در جریان جنگ رمضان بیش از ۳۰۰۰ نفر از هموطنان جان خود را از دست دادند که به دلیل استفاده دشمن از تجهیزات پیشرفته نظامی، شناسایی اولیه حدود ۴۰ درصد از جان‌باختگان در مراحل ابتدایی امکان‌پذیر نبود.

بررسی آمارها نشان می‌دهد که بیشترین تعداد شهدا مربوط به استان‌های تهران، هرمزگان و اصفهان بوده است؛ با این حال، در سایه تلاش‌های شبانه‌روزی متخصصان تشخیص هویت در این استان‌ها، تمامی پیکرهای ارجاعی در کوتاه‌ترین زمان ممکن شناسایی شدند.

فرآیند نمونه‌گیری از پیکرهای ارجاعی در یک محیط کنترل‌شده و با رعایت کامل اصول DVI آغاز و در مرحله نخست، از بافت عضلانی پیکرها نمونه‌برداری شد و تمامی نمونه‌ها به‌طور دقیق ثبت و کدگذاری شدند تا از هرگونه خطا در مراحل بعدی جلوگیری شود. با این حال، به دلیل شدت آسیب‌های واردشده به برخی پیکرها، بخشی از نمونه‌های بافت نرم کیفیت لازم را نداشتند و پس از انجام آزمایش‌های اولیه، نتیجه قابل تفسیر به‌دست نیامد. در چنین مواردی، نمونه‌گیری تکمیلی از بافت استخوان انجام شد. در تعدادی از پیکرها نیز تخریب بافت نرم به حدی بود که از ابتدا امکان برداشت نمونه بافت نرم وجود نداشت و شناسایی فقط بر اساس نمونه‌های استخوانی انجام شد.

به موازات این روند، برای انجام تطابق ژنتیکی، جمع‌آوری نمونه‌های مرجع از خانواده‌های جان‌باختگان ضرورت داشت. این مرحله از کار، از لحاظ انسانی و اخلاقی حساس‌ترین بخش فرآیند بود. خانواده‌ها در شرایطی قرار داشتند که علاوه بر اندوه از دست دادن عزیزانشان، با مسئولیت‌های دشوار دیگری نیز روبه‌رو بودند، از رسیدگی به فرزندان بازمانده گرفته تا انتظار برای دریافت پیکر و برنامه‌ریزی برای آیین‌های خاکسپاری. بنابراین، شیوه ارتباط با آنان باید کاملاً همراه با احترام، آرامش و درک شرایط احساسی‌شان می‌بود.

تیم نمونه‌گیری متشکل از نیروهای آموزش‌دیده در زمینه ارتباط حرفه‌ای با بازماندگان، با تبیین دقیق اهداف و ضرورت‌های فنی آزمایش، زمینه مشارکت و همکاری خانواده‌ها را فراهم آوردند. پس از اخذ رضایت آگاهانه، نمونه خون اعضای خانواده به عنوان نمونه مرجع جمع‌آوری شد. برخورد محترمانه، احترام به حریم خصوصی و تلاش برای ایجاد اطمینان در خانواده‌ها نقشی اساسی در پیشبرد صحیح این مرحله داشت.

مجموعه این تلاش‌ها در هر دو بخش فنی و انسانی، علاوه بر رعایت استانداردهای علمی، بستر مناسبی را برای موفقیت تیم در شناسایی و پاسخگویی شایسته به خانواده‌ها ایجاد کرد.

برای بررسی و تحلیل نمونه‌های خون اعضای خانواده، بافت‌های نرم و همچنین نمونه‌های استخوانی پیکرهای شهدا در جریان دو جنگ و در طی یک سال گذشته، از دو کیت استاندارد تعیین هویت با نام‌های WonderPlex 27 و GlobalFiler استفاده شده است. فرایند استخراج و دستیابی به آرایش ژنتیکی در نمونه‌های خون و بافت نرم، دست‌کم به ۲۴ ساعت زمان نیاز داشته است، در حالی که این زمان برای نمونه‌های استخوانی به دلیل پیچیدگی بیشتر فرایند و ویژگی‌های خاص این نوع بافت، حدود چهار روز به طول انجامیده است.

در مرحله نهایی، تطابق میان داده‌های ژنتیکی به‌دست‌آمده از پیکرها و نمونه‌های اخذشده از اعضای خانواده، امکان شناسایی هویت پیکر شهدا را فراهم کرده است.

بحث

شناسایی بقایای انسانی در حوادث با تلفات انبوه، به‌ویژه در درگیری‌های نظامی، فرایندی پیچیده، چندرشته‌ای و وابسته به هماهنگی دقیق میان تیم‌های میدانی، آزمایشگاه‌های ژنتیک و نهادهای قضایی است. نوآوری اصلی این مطالعه در ارائه یک تجربه عملی از مدیریت و شناسایی ژنتیکی قربانیان جنگ اخیر، با تأکید بر انتخاب مرحله‌ای نمونه‌های زیستی، به‌کارگیری کیت‌های استاندارد STR و بررسی چالش‌های اجرایی در شرایط واقعی عملیات است. برخلاف بسیاری از مطالعات پیشین که عمدتاً بر جنبه‌های نظری یا حوادث طبیعی تمرکز داشته‌اند، این مطالعه تلاش می‌کند عوامل مؤثر بر تسریع و بهینه‌سازی فرایند تعیین هویت را در شرایط ناشی از انفجار، سوختگی و تخریب شدید بافت‌ها تحلیل کرده و راهکارهای عملی برای ارتقای عملکرد عملیات شناسایی ارائه دهد.

در چنین شرایطی، اجرای دقیق دستورالعمل‌های استاندارد بین‌المللی، به‌ویژه پروتکل‌های شناسایی قربانیان بلایا (DVI)، نقشی فراتر از یک چارچوب اجرایی دارد و به‌عنوان عاملی تعیین‌کننده در کاهش خطاهای زنجیره شناسایی، جلوگیری از آلودگی متقاطع نمونه‌ها و افزایش قابلیت اعتماد نتایج ژنتیکی عمل می‌کند. به همین دلیل، سازمان‌هایی مانند اینترپل و کمیسیون

بین‌المللی افراد مفقود (ICMP) با تدوین پروتکل‌های استاندارد و ایجاد هماهنگی میان تیم‌های عملیاتی، تلاش کرده‌اند کیفیت و یکنواختی فرآیندهای شناسایی را در کشورهای مختلف ارتقا دهند (۲،۵۳). تجربه مطالعه حاضر نیز نشان داد که رعایت دقیق این دستورالعمل‌ها، از مرحله جمع‌آوری بقایا تا انجام آزمون‌های ژنتیکی، موجب تسهیل مدیریت نمونه‌ها و کاهش خطاهای احتمالی در فرآیند تشخیص هویت می‌شود.

از مراحل اولیه جمع‌آوری و مستندسازی بقایا تا انتقال صحیح نمونه‌ها و انجام تحلیل‌های ژنتیکی، هرگونه تأخیر یا خطا می‌تواند کیفیت DNA را تحت تأثیر قرار داده و احتمال موفقیت در تعیین هویت را کاهش دهد. اگرچه آزمون‌های ژنتیکی زمانی به کار گرفته می‌شوند که روش‌های متداول مانند شناسایی ظاهری یا تطبیق اطلاعات پیش از مرگ و پس از مرگ پاسخگو نباشند، اما موفقیت این آزمون‌ها در نهایت به کیفیت نمونه زیستی بستگی دارد (۵۴،۵۵). یافته‌های این مطالعه نیز نشان داد که حفظ زنجیره صحیح انتقال، نمونه‌برداری سریع و انتخاب مناسب‌ترین نوع بافت، از مهم‌ترین عوامل مؤثر بر دستیابی به پروفایل ژنتیکی قابل اعتماد هستند.

در حوادث گسترده، شدت آسیب‌های ناشی از انفجار، سوختگی و تأخیر در دسترسی به بقایا، معمولاً با افزایش تخریب DNA همراه است؛ موضوعی که می‌تواند روند شناسایی را با چالش‌های قابل‌توجهی مواجه سازد (۵۸–۵۶). ازاین‌رو، مدیریت زمان در مراحل اولیه عملیات اهمیت ویژه‌ای دارد و هرگونه کاهش در فاصله زمانی میان بازیابی بقایا و انتقال آن‌ها به آزمایشگاه، احتمال دستیابی به DNA با کیفیت مناسب را افزایش می‌دهد. در سال‌های اخیر، فناوری‌های نوینی مانند پهپادها نیز به‌عنوان ابزارهای کمکی در عملیات DVI مطرح شده‌اند و با تسهیل پایش صحنه، انتقال تجهیزات نمونه‌برداری و دسترسی به مناطق پرخطر، می‌توانند موجب کاهش تأخیرهای عملیاتی و حفظ بهتر کیفیت نمونه‌های زیستی شوند (۵۷). اگرچه این فناوری‌ها هنوز به‌طور گسترده در تمامی عملیات‌ها مورد استفاده قرار نگرفته‌اند، اما ظرفیت قابل‌توجهی برای ارتقای مدیریت صحنه در حوادث آینده دارند.

یکی از مهم‌ترین یافته‌های این مطالعه، اهمیت انتخاب مرحله‌ای نوع نمونه بر اساس وضعیت بقایا بود. هرچند بافت نرم، در صورت حفظ مناسب، به دلیل سهولت استخراج DNA و کوتاه‌تر بودن زمان آماده‌سازی، انتخاب نخست در بسیاری از پروتکل‌های پزشکی قانونی محسوب می‌شود، اما در شرایطی که این بافت‌ها در اثر حرارت، انفجار یا فساد از بین رفته باشند، استفاده از بافت‌های سخت اجتناب‌ناپذیر خواهد بود (۲۴،۲۶،۵۸). تجربه عملی این مطالعه نیز نشان داد که نمونه‌های خون و بافت نرم، در صورت در دسترس بودن، امکان دستیابی سریع‌تر به پروفایل ژنتیکی را فراهم می‌کنند، در حالی که استخراج DNA از استخوان به دلیل مراحل آماده‌سازی طولانی‌تر و پیچیده‌تر، زمان بیشتری نیاز دارد.

علاوه بر انتخاب نوع بافت، نحوه نگهداری نمونه نیز نقش قابل‌توجهی در حفظ کیفیت DNA دارد. اگرچه نگهداری انجمادی همچنان یکی از روش‌های رایج حفاظت از نمونه‌های زیستی است، مطالعات نشان داده‌اند که چرخه‌های مکرر انجماد و ذوب می‌تواند موجب آسیب سلولی و تسریع تخریب DNA شود (۵۹). به همین دلیل، استفاده از محیط‌های نگهدارنده اختصاصی یا روش‌هایی مانند نگهداری در نمک خشک، در برخی شرایط می‌تواند کیفیت نمونه را بهتر حفظ کرده و موفقیت آزمون‌های مبتنی بر PCR را افزایش دهد (۶۰،۶۱). این یافته‌ها نشان می‌دهد که موفقیت تعیین هویت تنها به فناوری‌های ژنتیکی وابسته نیست، بلکه کیفیت مدیریت نمونه در مراحل پیش از آزمایش نیز نقش تعیین‌کننده‌ای دارد.

از سوی دیگر، نتایج این مطالعه و شواهد منتشرشده نشان می‌دهد که تمامی بافت‌ها ارزش یکسانی برای استخراج DNA ندارند. برخی بافت‌های نرم، مانند مثانه، و همچنین استخوان‌های متراکم، از جمله استخوان ران، به دلیل حفاظت بهتر از ماده ژنتیکی، معمولاً بازده بالاتری در استخراج DNA دارند (۲۴،۲۹،۳۵–۳۸). بنابراین، انتخاب هدفمند نوع نمونه بر اساس وضعیت بقایا می‌تواند علاوه بر افزایش احتمال موفقیت در تعیین هویت، موجب کاهش زمان و هزینه‌های آزمایشگاهی نیز شود.

یکی دیگر از عوامل تعیین‌کننده در موفقیت شناسایی ژنتیکی، دسترسی به نمونه‌های مرجع مناسب است. در شرایطی که اطلاعات یا نمونه‌های پیش از مرگ در دسترس نباشد، نمونه‌های اخذشده از بستگان نزدیک، مبنای اصلی مقایسه ژنتیکی و تأیید هویت را تشکیل می‌دهند. با این حال، تجربه عملیات‌های شناسایی نشان داده است که چالش این مرحله تنها به جنبه‌های فنی محدود نمی‌شود، بلکه نحوه تعامل با خانواده‌های قربانیان نیز بر سرعت و کیفیت فرایند تأثیر مستقیم دارد. بازماندگان معمولاً در شرایط سوگ شدید قرار دارند و ایجاد ارتباط حرفه‌ای، ارائه اطلاعات شفاف و رعایت اصول اخلاقی، علاوه بر افزایش همکاری خانواده‌ها، موجب تقویت اعتماد عمومی به نتایج شناسایی نیز می‌شود (۱۶). بنابراین، مدیریت صحیح نمونه‌های مرجع را باید بخشی جدایی‌ناپذیر از موفقیت عملیات DVI دانست، نه صرفاً مرحله‌ای برای تکمیل آزمون‌های ژنتیکی.

علاوه بر انتخاب نمونه زیستی، انتخاب مارکر ژنتیکی مناسب نیز نقش اساسی در کیفیت و سرعت تعیین هویت دارد. اگرچه در سال‌های اخیر فناوری‌های متعددی برای تحلیل DNA معرفی شده‌اند، یافته‌های این مطالعه و شواهد موجود نشان می‌دهد که STR همچنان عملی‌ترین و قابل‌اعتمادترین روش برای شناسایی قربانیان در عملیات‌های گسترده محسوب می‌شود. این جایگاه ناشی از قدرت تفکیک مناسب، وجود کیت‌های تجاری معتبر، استاندارد بودن پروتکل‌های آزمایشگاهی، در دسترس بودن پایگاه‌های

داده و پذیرش گسترده آن در نظام‌های قضایی مختلف است (۵۲-۴۹،۶۲). بر همین اساس، در مطالعه حاضر نیز استفاده از کیت‌های استاندارد مبتنی بر STR امکان دستیابی سریع و قابل اعتماد به پروفایل‌های ژنتیکی را فراهم کرد و نقش مهمی در تسریع فرایند تعیین هویت ایفا نمود.

با وجود این، نتایج مطالعه حاضر و گزارش‌های منتشرشده نشان می‌دهد که هیچ مارکر ژنتیکی به تنهایی پاسخگوی تمامی شرایط نیست. در نمونه‌هایی که به علت انفجار، سوختگی یا شرایط محیطی دچار تخریب شدید DNA شده‌اند، استفاده از مارکرهای مکمل مانند SNP یا INDEL می‌تواند احتمال موفقیت در بازیابی اطلاعات ژنتیکی را افزایش دهد، زیرا این مارکرها به قطعات کوتاه‌تر DNA نیاز دارند و در برخی موارد عملکرد بهتری نسبت به STR از خود نشان می‌دهند (۲۴). بنابراین، انتخاب روش ژنتیکی باید بر اساس کیفیت DNA و وضعیت بقایا انجام شود و نه صرفاً بر مبنای در دسترس بودن فناوری.

در سال‌های اخیر، فناوری Massively Parallel Sequencing (MPS) نیز به‌عنوان یکی از امیدبخش‌ترین روش‌های ژنتیک قانونی مطرح شده است. قابلیت بررسی هم‌زمان طیف گسترده‌ای از مارکرهای ژنتیکی، توان تفکیک بالا و امکان تحلیل نمونه‌های پیچیده، این فناوری را به گزینه‌ای ارزشمند برای پرونده‌های دشوار تبدیل کرده است. با این حال، هزینه بالای تجهیزات، نیاز به زیرساخت‌های تخصصی، پیچیدگی تحلیل داده‌ها و محدودیت‌های مربوط به استانداردسازی و پذیرش حقوقی موجب شده است که در بسیاری از مراکز پزشکی قانونی، MPS هنوز عمدتاً به‌عنوان یک روش مکمل مورد استفاده قرار گیرد و STR همچنان انتخاب نخست در اغلب پرونده‌های تعیین هویت باقی بماند (۵۲،۶۳). ازاین‌رو، به نظر می‌رسد رویکرد مرحله‌ای در انتخاب فناوری، یعنی استفاده از STR به‌عنوان روش اولیه و بهره‌گیری از فناوری‌های نوین در موارد پیچیده، بتواند ضمن حفظ کارایی، هزینه و زمان عملیات را نیز بهینه کند.

نکته قابل توجه دیگر، پیشرفت مستمر فناوری‌های مبتنی بر STRاست. گزارش‌های اخیر درباره حذف مرحله PCR و استفاده از پروب‌های الیگونوکلئوتیدی فلورسنت با میزان همخوانی بیش از ۹۸ درصد با نتایج توالی‌یابی نشان می‌دهد که این فناوری همچنان در حال توسعه است و ظرفیت بالایی برای افزایش سرعت و دقت شناسایی در آینده دارد (۶۴). این موضوع بیانگر آن است که علی‌رغم ظهور فناوری‌های جدید، STR نه‌تنها جایگاه خود را حفظ کرده، بلکه با بهره‌گیری از روش‌های نوین، همچنان ستون اصلی تعیین هویت ژنتیکی در پزشکی قانونی محسوب می‌شود..

یکی از جنبه‌های کاربردی مطالعه حاضر، تحلیل عملکرد واقعی کیت‌های ژنتیکی در شرایط جنگی بود. تجربه به‌دست‌آمده نشان داد که استفاده از کیت‌های WonderPlex 27 و GlobalFiler برای نمونه‌های خون و بافت نرم، امکان دستیابی به پروفایل ژنتیکی را در مدت زمان کوتاه‌تری فراهم می‌کند، در حالی که نمونه‌های استخوانی به دلیل نیاز به آماده‌سازی پیچیده‌تر، استخراج DNA و مراحل پردازش طولانی‌تر، زمان بیشتری برای رسیدن به نتیجه نیاز دارند. این یافته با مطالعات پیشین درباره دشواری بازیابی DNA از بافت‌های سخت و تأثیر نوع نمونه بر موفقیت آزمون‌های ژنتیکی همخوانی دارد (۲۵). این موضوع اهمیت انتخاب مرحله‌ای نمونه و اولویت‌بندی منابع زیستی را در عملیات‌های واقعی بیش از پیش نشان می‌دهد..

از منظر کاربردی، مهم‌ترین پیام این مطالعه آن است که تسریع در شناسایی قربانیان تنها به استفاده از فناوری‌های پیشرفته وابسته نیست، بلکه حاصل تعامل مؤثر میان مدیریت صحیح صحنه، انتخاب آگاهانه نوع نمونه، حفظ کیفیت DNA، دسترسی سریع به نمونه‌های مرجع، انتخاب مناسب‌ترین مارکر ژنتیکی و اجرای دقیق پروتکل‌های استاندارد است. این رویکرد چندمرحله‌ای می‌تواند علاوه بر افزایش دقت علمی، زمان شناسایی را نیز کاهش داده و امکان پاسخ‌گویی سریع‌تر به خانواده‌های قربانیان و مراجع قضایی را فراهم سازد.

نتیجه‌گیری

در مجموع، نوآوری این مطالعه در ارائه یک چارچوب عملی و مرحله‌ای برای انتخاب نمونه زیستی، انتخاب فناوری ژنتیکی و مدیریت فرایند شناسایی در شرایط واقعی جنگ است. یافته‌های این پژوهش نشان می‌دهد که تلفیق اجرای دقیق پروتکل‌های بین‌المللی DVI با انتخاب هدفمند نمونه‌های زیستی و استفاده از روش‌های استاندارد ژنتیک، می‌تواند به‌عنوان الگویی کاربردی برای ارتقای فرایند شناسایی قربانیان در جنگ‌های آینده و سایر حوادث با تلفات انبوه مورد استفاده قرار گیرد. افزون بر افزایش دقت و سرعت تعیین هویت، چنین رویکردی زمینه پاسخ‌گویی سریع‌تر، علمی‌تر و انسانی‌تر به خانواده‌های چشم‌انتظار را نیز فراهم خواهد ساخت.

تشکر و قدردانی: بدینوسیله نویسندگان از راهنمایی‌ها و حمایت‌های آزمایشگاه جامع تحقیقات دانشگاه علوم پزشکی بقیه الله (عج) تشکر و قدردانی می نمایند.

تضاد منافع: نویسندگان تصریح می‌کنند که هیچ‌گونه تضاد منافعی در مطالعه حاضر وجود ندارد.

منابع

1. World Health Organization, Pan American Health Organization, International Committee of the Red Cross. Management of dead bodies after disasters: a field manual for first responders. Washington DC.:

Pan American Health Organization; 2006.
2. INTERPOL. Disaster victim identification guide. Lyon France.: International Criminal Police Organization; 2018.
3. Otterbein KF. How war began. College Station TX.: Texas A&M University Press; 2004.
4. Al-Tameemi R. Reading the cultural specificities of the Iraqi Marsh Arabs from their landscape. Salt Lake City UT.: Council of Educators in Landscape Architecture; 2016.
5. Ramsbotham O, Woodhouse T, Miall H. Contemporary conflict resolution. 4th ed. Cambridge UK.: Polity Press; 2016.
6. Akbariqomi M, Abolghasemi H, Mehrvarz S. The Critical Healthcare Situation in Gaza Following the Israeli Bombings. Journal of Military Medicine. 2023;25(5):1983-5. doi:10.30491/jmm.2024.100129
7. Akbariqomi M, Khatami SM, Mehrvarz S. Gaza is the Scene of the Massacre of Children. International Journal of Travel Medicine and Global Health. 2023;11(4):435-6. doi:10.30491/ijtmgh.2023.426115.1390
8. Akbariqomi M, Abolghasemi H, Heidari R, Khoshi A, Farnoosh G. Israel's Attack on Iran's Scientific and Academic Community: A Reflection of Scientific Apartheid. Journal of Military Medicine. 2025;27(Special Issue 1):29-36. doi:10.30491/jmm.2025.1006954.1406
9. Akbariqomi M, Abolghasemi H, Farnoosh G. Targeted Assaults on Iran's Scientific Capacities: A Legacy for Global Science. Trauma Monthly. 2025; 30(4):1502-3. doi:10.30491/tm.2025.546726.1877
10. Akbariqomi M, Abolghasemi H, Farnoosh G. The Shajareh Tayyebeh Elementary School Crime: Lessons from Infanticide and Scientific Terrorism by the United States and Israel. Journal of Military Medicine. 2026;28(Special Issue 1). doi:10.30491/jmm.2026.1007081.1494
11. Watherston J, McNevin D, Gahan ME, Bruce D, Ward J. Current and emerging tools for the recovery of genetic information from post mortem samples: New directions for disaster victim identification. Forensic Science International: Genetics. 2018;37: 270-82. doi:10.1016/j.fsigen.2018.08.016
12. Forrest A. Forensic odontology in DVI: current practice and recent advances. Forensic Sciences Research. 2019;4(4):316-30. doi:10.1080/20961790.2019.1678710
13. Jethi N, Arora KS. Forensic endodontics and national identity programs in India. Indian Journal of Dental Research. 2020;31(4):662-5. doi:10.4103/ijdr.IJDR_631_18
14. International Commission on Missing Persons. DNA identification of missing persons. Sarajevo: ICMP; 2014.
15. Ge J, Budowle B, Chakraborty R. Choosing relatives for DNA identification of missing persons. Journal of Forensic Sciences. 2011;56:S23-8. doi:10.1111/j.1556-4029.2010.01602.x
16. Williams R, Wienroth M. Identity, mass fatality and forensic genetics. New Genetics and Society. 2014;33(3):257-76. doi:10.1080/14636778.2014.946005
17. Caenazzo L, Tozzo P, Rodriguez D. Ethical issues in DNA identification of human biological material from mass disasters. Prehospital and Disaster Medicine. 2013;28(4):393-6. doi:10.1017/S1049023X1300040X
18. Vaswani V, Caenazzo L, Congram D. Corpse identification in mass disasters and other violence: the ethical challenges of a humanitarian approach. Forensic Sciences Research. 2024;9(1):owad048. doi:10.1093/fsr/owae010
19. Dyregrov K. Micro-sociological analysis of social support following traumatic bereavement: Unhelpful and avoidant responses from the community. Omega-Journal of Death and Dying. 2004;48(1):23-44. doi:10.2190/T3NM-VFBK-68R0-UJ60
20. Turner S, Littlemore J, Taylor J, Parr E, Topping AE. Metaphors that shape parents' perceptions of effective communication with healthcare practitioners following child death: a qualitative UK study. BMJ Open. 2022;12(1):e054991. doi:10.1136/bmjopen-2021-054991
21. Budowle B, Sajantila A. Revisiting informed consent in forensic genomics in light of current technologies and the times. International Journal of Legal Medicine. 2023;137(2):551-65. doi:10.1007/s00414-023-02947-w
22. Huss MT. Forensic psychology: research, clinical practice, and applications. West Sussex: Wiley-Blackwell; 2009.
23. Meilia PD, Freeman MD, Herkutanto, Zeegers MP. A review of the diversity in taxonomy, definitions, scope, and roles in forensic medicine: implications for evidence-based practice. Forensic Science, Medicine and Pathology. 2018;14(4):460-8. doi:10.1007/s12024-018-0031-6
24. Gutiérrez-Hurtado IA, García-Acéves ME, Puga-Carrillo Y, Guardado-Estrada M, Becerra-Loaiza DS, Carrillo-Rodríguez VD, et al. Past, present and future perspectives of forensic genetics. Biomolecules. 2025;155:713. doi:10.3390/biom15050713
25. Helm K, Matzenauer C, Neuhuber F, Monticelli F, Meyer H, Pittner S, et al. Suitability of specific soft tissue swabs for the forensic identification of highly decomposed bodies. International Journal of Legal Medicine. 2021;135(4):1319-27. doi:10.1007/s00414-021-02601-3
26. Kim GE, Jung EB, Lee SE, Lee DY, Kim H, Kim MY. Forensic DNA Extraction from Decomposed Human Soft Tissues: Optimization Using Ethanol Treatment and Surfactant-Based Lysis Conditions. Forensic Science International. 2026:112961. doi:10.1016/j.forsciint.2026.112961
27. Sato Y, Motani H, Inoue H, Hayakawa M, Yajima D, Nagasawa S, et al. Multiplex STR typing of aortic tissues from unidentified cadavers. Legal Medicine. 2009;11:S455-7. doi:10.1016/j.legalmed.2009.02.064
28. Sato Y, Hayakawa M, Nakajima T, Motani H, Kiuchi M. HLA typing of aortic tissues from unidentified bodies using hot start polymerase chain reaction–sequence specific primers. Legal Medicine.

2003;5:S191-3. doi:10.1016/S1344-6223(02)00108-6
29. Ferreira ST, Paula KA, Nogueira RF, Oliveira ES, Moraes AV. A comparative study between muscle, cartilage and swab from inside the urinary bladder samples for DNA typing of severely burnt bodies in disaster victim identification (DVI). Forensic Science International: Genetics Supplement Series. 2015;5:e617-8. doi:10.1016/j.fsigss.2015.09.243
30. Goodwin WH. The use of forensic DNA analysis in humanitarian forensic action: The development of a set of international standards. Forensic Science International. 2017;278:221-7. doi:10.1016/j.forsciint.2017.07.017
31. Gonzalez A, Cannet C, Zvénigorosky V, Geraut A, Koch G, Delabarde T, Ludes B, Raul JS, Keyser C. The petrous bone: Ideal substrate in legal medicine?. Forensic Science International: Genetics. 2020; 47:102305. doi:10.1016/j.fsigen.2020.102305
32. Parker C, Rohrlach AB, Friederich S, Nagel S, Meyer M, Krause J, et al. A systematic investigation of human DNA preservation in medieval skeletons. Scientific Reports. 2020;101:1-16. doi:10.1038/s41598-020-68645-0
33. Hansen HB, Damgaard PB, Margaryan A, Stenderup J, Lynnerup N, Willerslev E, et al. Comparing ancient DNA preservation in petrous bone and tooth cementum. PloS One. 2017;12(1):e0170940. doi:10.1371/journal.pone.0170940
34. Hines DZ, Vennemeyer M, Amory S, Huel RL, Hanson I, Katzmarzyk C, et al. Prioritized sampling of bone and teeth for DNA analysis in commingled cases. In Commingled human remains. Academic Press. 2014. pp. 275-305. doi:10.1016/B978-0-12-405889-7.00011-8
35. Prinz M, Carracedo A, Mayr WR, Morling N, Parsons TJ, Sajantila A, et al. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG): recommendations regarding the role of forensic genetics for disaster victim identification (DVI). Forensic Science International: Genetics. 2007;1(1):3-12. doi:10.1016/j.fsigen.2006.10.003
36. Edson SM, Ross JP, Coble MD, Parsons TJ, Barritt SM. Naming the dead—confronting the realities of rapid identification of degraded skeletal remains. Forensic Science Review. 2004;16:63-90.
37. Miloš A, Selmanović A, Smajlović L, Huel RL, Katzmarzyk C, Rizvić A, et al. Success rates of nuclear short tandem repeat typing from different skeletal elements. Croatian Medical Journal. 2007;48(4):486-93.
38. Pinhasi R, Fernandes D, Sirak K, Novak M, Connell S, Alpaslan-Roodenberg S, et al. Optimal ancient DNA yields from the inner ear part of the human petrous bone. PloS One. 2015;10(6):e0129102. doi:10.1371/journal.pone.0129102
39. Inkret J, Zupanič Pajnič I. Bone type selection for human molecular genetic identification of skeletal remains. Genes. 2025;16(8):872. doi:10.3390/genes16080872
40. Mundorff AZ, Bartelink EJ, Mar-Cash E. DNA preservation in skeletal elements from the World Trade Center disaster: recommendations for mass fatality management. Journal of Forensic Sciences. 2009;54(4):739-45. doi:10.1111/j.1556-4029.2009.01045.x
41. Rai B, Kaur J. Evidence-based forensic dentistry. Berlin, Heidelberg: Springer; 2012.
42. Mohammed F, Fairozekhan AT, Bhat S, Menezes RG. Forensic odontology. In: StatPearls [Internet]. Treasure Island FL.: StatPearls Publishing; 2024 updated 2023 Aug 14. Available from: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK540984
43. Mohd Sabri NE, Sheikh Abdul Kadir SH, Chainchel Singh MK, Heo CC, Khoo LS, Mohd Yusof MY, ET AL. Disaster victim identification: the co-utilisation of applied biosystems RapidHIT ID system and DJI Matrice 300 drone for onsite DNA analysis. Scientific Reports. 2025;15(1):4872. doi:10.1038/s41598-025-88750-6
44. Geserick G, Wirth I. Genetic kinship investigation from blood groups to DNA markers. Transfusion Medicine and Hemotherapy. 2012;39(3):163-75. doi:10.1159/000338850
45. Budowle B, Moretti TR, Niezgoda SJ, Brown BL. CODIS and PCR-based short tandem repeat loci: law enforcement tools. In: Proceedings of the Second European Symposium on Human Identification; 1998; Innsbruck, Austria. Madison WI.: Promega Corporation; 1998. pp. 73-88.
46. Stanley UN, Khadija AM, Bukola AT, Precious IO, Davidson EA. Forensic DNA profiling: autosomal short tandem repeat as a prominent marker in crime investigation. The Malaysian Journal of Medical Sciences. 2020;27(4):22-35. doi:10.21315/mjms2020.27.4.3
47. Gettings KB, Tillmar A, Sturk-Andreaggi K, Marshall C. Review of SNP assays for disaster victim identification: Cost, time, and performance information for decision-makers. Journal of Forensic Sciences. 2024;69(5):1546-57. doi:10.1111/1556-4029.15492
48. Sobrino B, Brión M, Carracedo A. SNPs in forensic genetics: a review on SNP typing methodologies. Forensic Science International. 2005;154(2-3):181-94. doi:10.1016/j.forsciint.2004.10.020
49. Budowle B, van Daal A. Forensically relevant SNP classes. Biotechniques. 2008;445:603-10. doi:10.2144/000112809
50. Fondevila M, Pereira R, Gusmão L, Phillips C, Lareu MV, Carracedo A, et al. Forensic performance of insertion–deletion marker systems. Forensic Science International: Genetics Supplement Series. 2011;3(1):e443-4. doi:10.1016/j.fsigss.2011.09.083
51. Bruijns B, Tiggelaar R, Gardeniers H. Massively parallel sequencing techniques for forensics: A review. Electrophoresis. 2018;39(21):2642-54. doi:10.1002/elps.201800082
52. Estrella CS, Lumayna MP, Sagum MD, Sosing MV, Calacal GC, De Ungria MC, et al. Challenges in using massively parallel sequencing technology for forensic DNA analysis in Southeast Asia. Forensic Science International: Synergy. 2025;11:100638. doi:10.1016/j.fsisyn.2025.100638
53. International Commission on Missing Persons. Disaster victim identification DVI. Internet. The

Hague: ICMP; cited 2026 May 29. Available from: https://icmp.int/what-we-do/science-and-technology/disaster-victim-identification-dvi
54. Interpol. I-Familia: identifying missing persons globally through family DNA matching Internet. 2021. Available from: https://missingpersons.icrc.org/library/i-familia-identifying-missing-persons-globally-through-family-dna-matching
55. Watherston J, Watson J, Bruce D, Ward J, McNevin D. Efficient DNA profiling protocols for disaster victim identification. Forensic Sciences. 2021;1(3):148-70. doi:10.3390/forensicsci1030014
56. Rosser Jr JC, Vignesh V, Terwilliger BA, Parker BC. Surgical and medical applications of drones: A comprehensive review. JSLS: Journal of the Society of Laparoendoscopic Surgeons. 2018;22(3):e2018-00018. doi:10.4293/JSLS.2018.00018
57. Daud SM, Yusof MY, Heo CC, Khoo LS, Singh MK, Mahmood MS, et al. Applications of drone in disaster management: A scoping review. Science & Justice. 2022;62(1):30-42.
58. Alonso A, Martín P, Albarrán C, Garcí P, De Simón LF, Iturralde MJ, et al. Challenges of DNA profiling in mass disaster investigations. Croatian Medical Journal. 2005;46(4):540.
59. Bakhach J. The cryopreservation of composite tissues: Principles and recent advancement on cryopreservation of different type of tissues. Organogenesis. 2009;5(3):119-26. doi:10.4161/org.5.3.9583
60. Caputo M, Bosio LA, Corach D. Long-term room temperature preservation of corpse soft tissue: an approach for tissue sample storage. Investigative Genetics. 2011;2(1):17. doi:10.1186/2041-2223-2-17
61. Graham EA, Turk EE, Rutty GN. Room temperature DNA preservation of soft tissue for rapid DNA extraction: an addition to the disaster victim identification investigators toolkit?. Forensic Science International: Genetics. 2008;2(1):29-34. doi:10.1016/j.fsigen.2007.07.003
62. Miao L, Kang K, Zhang C, Liu S, Jiao R, Yuan L, et al. Sequence features of forensic core short tandem repeat loci. Hereditas (Beijing). 2025;47(11):1214-30. doi:10.16288/j.yczz.25-021
63. Tao RY, Dong XY, Chen AQ, Lü YH, Zhang SH, Li CT. Application Progress of Massively Parallel Sequencing Technology in STR Genetic Marker Detection. Fa yi xue za zhi. 2022;38(2):267-79.
64. Hernández Bustos A, Martiny E, Bom Pedersen N, Parvathaneni RP, Hansen J, Ji HP, et al. Short Tandem Repeat DNA Profiling Using Perylene-Oligonucleotide Fluorescence Assay. Analytical Chemistry. 2023;95(20):7872-9. doi:10.1021/acs.analchem.3c00063