المجلة العراقية للبحوث الإنسانية والإجتماعية والعلمية
Iraqi Journal of Humanitarian, Social and Scientific Research
Print ISSN 2710-0952 Electronic ISSN 2790-1254
العـــدد 17A أيـار 2025
No.17A May 2025

التوزيع الجغرافي للحمض النوويDNA

أ.م.د. محمد حماد عبداللطيف
كلية التربية ابن رشد / قسم الجغرافية

الملخص

نظرًا لوجود اختلافات جينية داخل الأنواع، فإن التنوع الجيني هو أحد أهم مكونات التنوع البيولوجي. إن الحفاظ على التنوع الجيني يجعل من الممكن للأنواع التكيف مع التغيرات البيئية ويؤثر بشكل إيجابي على وظيفة النظام البيئي وقدرته على الصمود. يمكن تقديم التنوع الجيني والعملية التطورية وتحليلها من خلال أنواع مختلفة من البيانات الجينية مثل تسلسلات الجينات والجينومات. وباعتبارها البيانات الجينية الأكثر استخدامًا، يمكن أن تساعد بيانات التسلسل في تحديد الأنواع واستنتاج العلاقة بين المجموعات البيولوجية ، (Alamouti et ، ويمكنها جنبًا إلى جنب مع توزيعات الأنواع، توفير معلومات مهمة لقياس التوزيع الجغرافي للتباين الجيني داخل الأنواع وفيما بينها وعملية تطور أنماط التنوع البيولوجي الحالية [1] .(يوفر تحليل البيانات الجغرافية واسعة النطاق طريقة فعالة لفهم التأثير الواسع للتغيرات الجغرافية والجيولوجية والمناخية على توزيع الأنواع، يمكن أن يساعد دمج بيانات التسلسل والتوزيع في الكشف عن الآليات الأساسية للأنماط المكانية للأنواع والعمليات التطورية التاريخية ، بالإضافة إلى تحديد وحدات الحفظ

الكلمات المفتاحية: (التوزيع الجغرافي، الحمض النوويDNA).

Geographic Distribution of DNA

Assistant Professor Dr. Muhammad Hammad Abdul Latif
Ibn Rushd College of Education / Department of Geography

Abstract

Given the presence of genetic variations within species, genetic diversity is one of the most important components of biodiversity. Maintaining genetic diversity enables species to adapt to environmental changes and positively impacts ecosystem function and resilience. Genetic diversity and evolutionary processes can be represented and analyzed through various types of genetic data, such as gene sequences and genomes. As the most widely used genetic data, sequence data can help identify species and infer relationships between biological groups (Alamouti et al.). Together with species

distributions, they can provide important information for measuring the geographic distribution of genetic variation within and among species and the evolutionary process of current biodiversity patterns (1). Analyzing large-scale geographic data provides a powerful way to understand the broad impact of geographic, geological, and climatic changes on species distributions. Integrating sequence and distribution data can help uncover the underlying mechanisms of species spatial patterns and historical evolutionary processes, as well as identify conservation units.

Keywords: (geographic distribution, DNA)

المقدمة

لقد عزز تطوير تقنية التسلسل في العقود الماضية تراكم البيانات الجينية، ومع ظهور تقنيات التسلسل من الجيل الثاني والثالث، أصبح تسلسل الجينوم أرخص وأسرع وأكثر كفاءة . تم تسلسل عدد كبير من الأنواع الحية ووضعها في سياق شجرة الحياة .(يتم أرشفة البيانات الجينية بمعدل ينذر بالخطر في قواعد البيانات العامة، وهو مستودع شامل للبيانات الجينية، ونظام بيانات الباركود للحياة 2(BOLD) الذي يقوم بشكل أساسي بأرشفة تسلسلات الباركود للحمض النووي للحيوانات متعددة الخلايا [2] ، هما مثالان على ذلك. اعتبارًا من أكتوبر ٢٠٢٢، أصبح أكثر من ٢.٤ مليار تسلسل متاحًا للتنزيل في قاعدة بياناتGenBank ، وأكثر من ١٢ مليون تسلسل باركود متاح في قاعدة بيانات .BOLD ومع ذلك، ورغم أن العديد من العلماء أدركوا أن البيانات الجينية قد تكون غير متوازنة بين المناطق الجغرافية المختلفة والمجموعات التصنيفية، فإن التحقيق في حجم البيانات الحالية وتوزيع البيانات الجينية نفسها وتطبيقها محدود للغاية.[3] ولكشف الوضع الحالي والمشاكل المحتملة القائمة للبيانات الجينية، نقدم هنا نتائج تحليل شامل وتحديد الفجوات الرئيسية والممارسات غير المناسبة في إنتاج البيانات الجينية وتطبيقها ومشاركتها، ومناقشة وجهات نظرنا حول كيفية تحسين كمية ونوعية البيانات الجينية في المستقبل[4].

حجم البيانات الجينية

من أجل استكشاف حجم البيانات الحالية وتوزيع البيانات الجينية للمجموعات البيولوجية الرئيسية في قواعد البيانات العامة، قمنا بتجميع إحصائيات عدد التصنيفات (الشعبة والفئة والرتبة والعائلة والجنس والنوع) تحت الحيوانات والنباتات والفطريات بناءً على قاعدة بيانات كتالوج الحياة 3(CoL)،[5] وبحثنا عن كمية البيانات الجينية (تسلسلات الجينات والجينوم) الموجودة في قواعد بيانات GenBank و BOLD(الجدول ١). تحتوي الحيوانات على أكبر عدد من الأنواع والبيانات الجينية، تليها النباتات والفطريات. يوضح الشكل ١ عدد الأنواع/الجنس وتسلسلات الجينات على مستوى فئة المجموعات البيولوجية الرئيسية الثلاث. في الحيوانات، تتمتع الحشرات بأعلى ثراء بالأنواع،[6] بما في ذلك ٩٥٣٣٨١ نوعًا مسمى، وهو ما يمثل ٧٠.٢٥٪ من الأنواع المبلغ عنها في الحيوانات. لكن بيانات تسلسلها تظهر اختلافًا واضحًا بين قواعد البيانات المختلفة. في قاعدة بيانات GenBank، لا تمثل بيانات تسلسل Insecta سوى ١٧.٩٤% (٣٩,٩٦٧,٨١٣) من بيانات Animalia، بينما في قاعدة بياناتBOLD ،[7] تمثل تسلسلات الباركود الخاصة بـ Insecta (9,810,338) 87.53%من بيانات .Animalia وعلى الرغم من أن عدد أنواع الثدييات لا يمثل سوى ٠.٤٤% (٦,٠٢٥) منAnimalia ، فإن هذه المجموعة لديها أعلى كمية من بيانات التسلسل (٨٤,٤٤٦,١٩٣، ٣٧.٩٠%) في .GenBank فيPlantae ، تمتلك Magnoliopsida أعلى عدد من الأجناس (١٠,٩٥٤) والتسلسلات 85,734,539) فيGenBank ، و٣١٧,٣٩٤ بالخط العريض(، حيث تمثل ٥٣.١٤(CoL) %، و٦٨.٢٥ (GenBank) %و٦١.١٩ (BOLD) %من إجمالي أعداد الأجناس والتسلسلات فيPlantae ، على التوالي. في الفطريات، تشمل الفئات ذات الأنواع الوفيرة وبيانات التسلسل

ثم قمنا بتحليل حجم البيانات للجينومات الكاملة على مستوى فئة المجموعات البيولوجية المختلفة في GenBank(الشكل ٢). فيAnimalia ،[8] تحتوي Insecta على معظم بيانات الجينوم (٤٦٩١، ٣١.٦٦٪)، بينما تحتوي Mammalia على ١٧٠٨ جينوم فقط (١١.٥٣٪)، وقد يكون ذلك بسبب العدد الصغير من أنواع الثدييات. فيPlantae ، تحتوي Magnoliopsida على أعلى عدد من

الجينومات (٨٩٣٩، ٧٣.٦٨٪)، تليها2136) Liliopsida ، ١٧.٦٠٪ .(بين فئات الفطريات، تحتوي Sordariomycetes على أكبر عدد من الجينومات981) ، ٢٥.٧٨٪.[9]

الجدول ١. عدد التصنيفات والبيانات الوراثية في الحيوانات والنباتات والفطريات (سبتمبر ٢٠٢٢) .

Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	Gene sequence (GenBank)	Genome sequence (GenBank)	Barcode sequence (BOLD)
Animalia	24	99	417	8,218	140,930	1,357,163	222,796,176	14,816	11,207,875
Plantae	8	39	211	1,002	20,613	377,980	125,614,830	12,133	316,739
Fungi	7	52	230	830	9,709	140,587	16,636,872	3,800	166,439

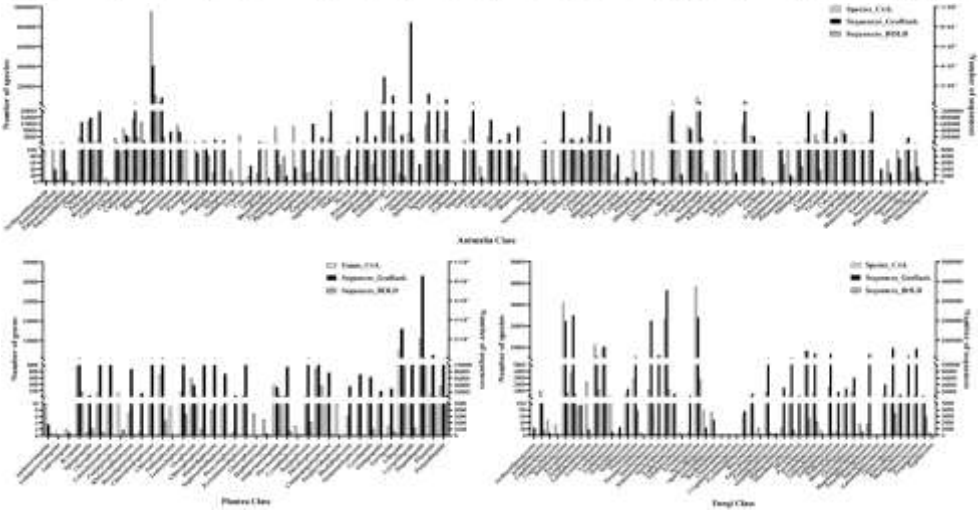


Figure 1. Statistics of species/genus number and gene sequences at class level in Animalia, Plantae and Fungi.

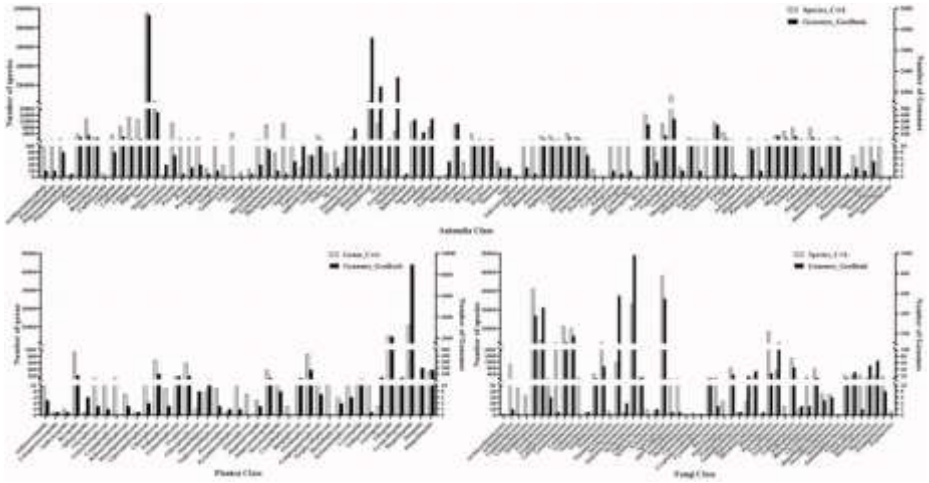
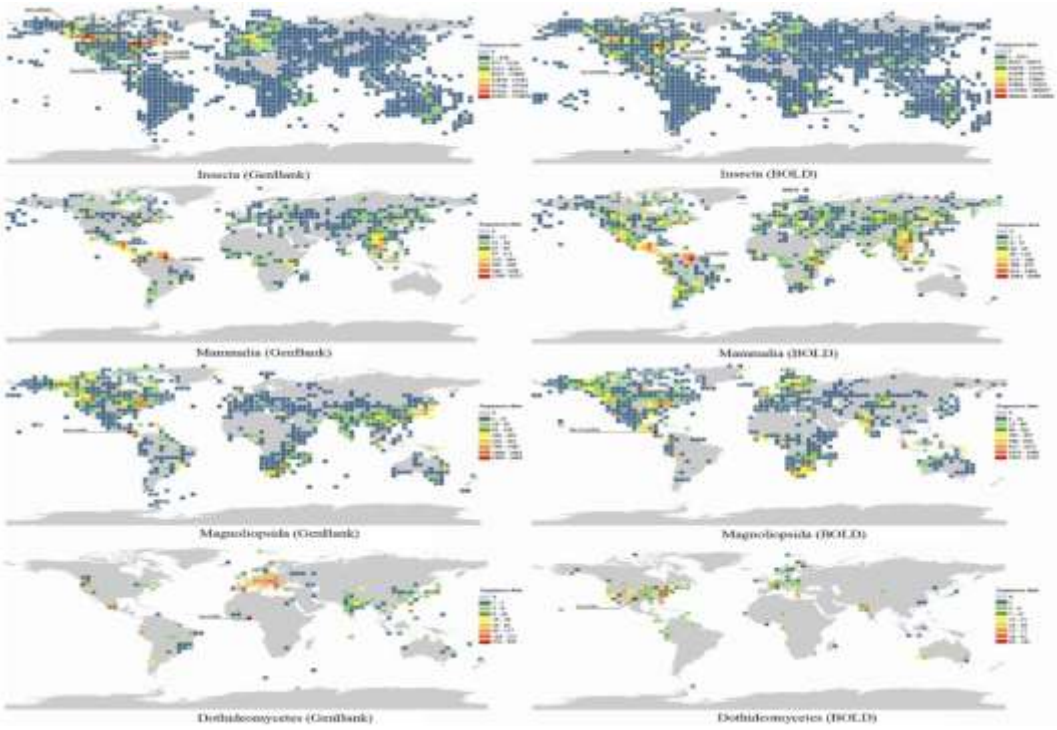


Figure 2. Statistics of species/genus number and whole genomes at class level in Animalia, Plantae and Fungi.

التوزيع الجغرافي للبيانات الجينية

من أجل استكشاف النمط المكاني للبيانات الجينية، قمنا باختيار بيانات العلامات الجزيئية الأكثر استخدامًا لأربع فئات مع بيانات جينية غنية كممثلين. في المجموع، تم تنزيل ٢,٥٦٥,٩٩٤ و٦,٤٩٦,٧٥٣ تسلسل وحدة السيتوكروم أوكسيديز الفرعية الأولى (COI) منInsecta ، و٢٢٠,٥٣٢ و٩٨,٠٦١ تسلسل وحدة روبيسكو الفرعية الكبيرة (rbcl) منMagnoliopsida ، و٤٦,٥٢١ و٧٧,٤٣٩ تسلسل COI من Mammalia و٤٤,٧٧٨ و١٣,٥٠٥ تسلسل فاصل داخلي منسوخ (ITS) من Dothideomycetes من قواعد بيانات GenBank وBOLD، على التوالي (الوصول في ٢١ سبتمبر ٢٠٢٢). وُجِد أن ٨١.٦٨ (GenBank) %و٩٤.٢٩ (BOLD) %من بيانات تسلسل COI لـ Insecta كانت تحتوي على معلومات خطوط الطول والعرض، وأن بيانات rbcl لـ Magnoliopsida و COI لـ Mammalia و ITS لـ Dothideomycetes كانت ٢٣.٤٤ (GenBank) %و٥٤.٩٦(BOLD) %، و٥٢.٨٧ (GenBank) %و٤٢.٧٠ % (BOLD)، و٨.٠٧ (GenBank) %و٨.٦٠(BOLD) %، على التوالي.[10] وبعد فحص البيانات، حصلنا على ٨,٣٩٠,٠٠٣ سجلاً لخطوط الطول والعرض من قواعد بيانات GenBank و BOLD. ثم استخدمنا ArcMap v10.7 لتقديم التوزيعات العالمية لبيانات التسلسل بخرائط شبكية ٤° (الشكل ٣)[11].

الشكل ٣. الأنماط الجغرافية لبيانات التسلسل للحشرات والثدييات والمغنوليوبسيدا والدوثيديوميسيتات في قاعدة بيانات GenBank وBOLD.



تتوزع تسلسلات الحشرات بشكل أساسي في أمريكا الشمالية وأوروبا، ولكنها تتوزع بشكل أقل في إفريقيا وأمريكا الجنوبية. بالنسبة لبياناتGenBank ، تحتوي شبكتان بالقرب من تورنتو، كندا، على كمية عالية جدًا من التسلسلات [12].١١٣٦٢٠ ورقم ٣، ١٧٤٨٧٦)، وتحتوي شبكة واحدة بالقرب من منتزه (بانف) الوطني، كندا (رقم ١، ١٤٠٤٢٠) أيضًا على حجم بيانات مرتفع. تُظهر بيانات BOLDأن الشبكة بالقرب من منتزه جواناكاستي الوطني في كوستاريكا تحتوي على أعلى عدد من التسلسلات (رقم ٧، ١٨٧٠٩٨٦). تتوزع تسلسلات Mammalia COI بشكل أساسي في أمريكا الوسطى والجنوبية وجنوب شرق آسيا، مع وجود معظم البيانات في الشبكة بالقرب من غيانا (GenBank: رقم ٩، ٦٢٢٧؛ BOLD: رقم ١٠، ٦٤٩٨)، ولكنها تتوزع بشكل أقل في إفريقيا وأستراليا. تتوزع بيانات تسلسل Magnoliopsida بشكل أساسي في أمريكا الشمالية وجنوب إفريقيا، ولكنها تتوزع بشكل أقل في أمريكا الجنوبية. تحتوي الشبكة بالقرب من منتزه غواناكاست الوطني في

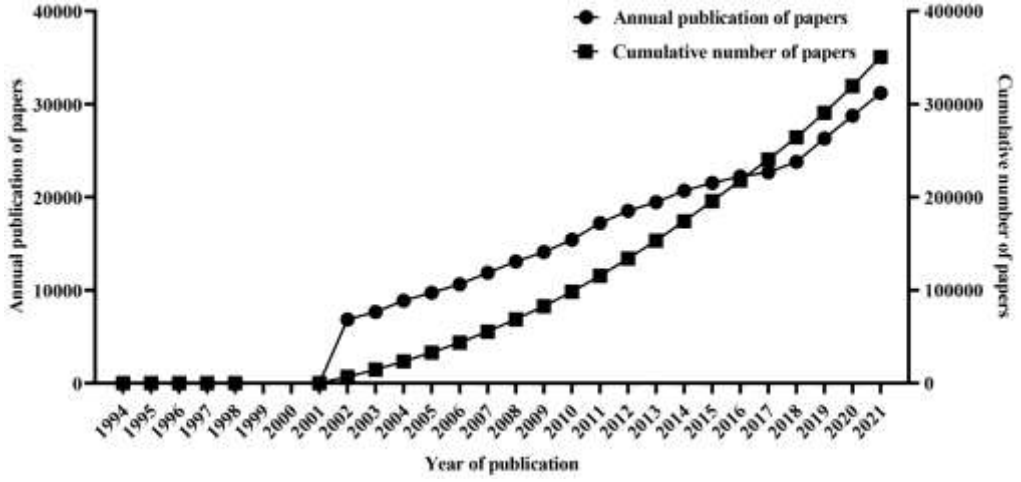
كوستاريكا على أكبر قدر من تسلسلات rbcl لـ Magnoliopsida (GenBank: رقم ١١، BOLD: ٤٤٨٣ [13].رقم ١٢، ٤١٨٥ .(يختلف التوزيع العالمي لتسلسلات ITS لـ Dothideomycetesبشكل كبير بين قواعد البيانات. تنتشر بيانات GenBank لـ Dothideomycetesبشكل أساسي في بنين وأفريقيا (رقم ١٣، ٨٤٥) وأوروبا، بينما توجد بيانات BOLDبشكل أساسي في الولايات المتحدة وتحتوي الشبكة بالقرب من تكساس على معظم التسلسلات (رقم ١٤، ١٦٥).

من الواضح أن التوزيع الجغرافي لبيانات التسلسل للمجموعات البيولوجية المختلفة غير متوازن. نظرًا لأن اختيار مواقع أخذ العينات ذات طابع شخصي، فإن عددًا كبيرًا من بيانات التسلسل تتركز في عدد قليل من نقاط الإحداثيات الجغرافية. يتم توزيع معظم هذه الإحداثيات الجغرافية في الموائل ذات التنوع البيولوجي العالي، مثل المتنزهات الوطنية والمحميات الطبيعية. [14]على سبيل المثال، في قاعدة بياناتGenBank ، تم تعيين ٣٢,٥٢٥ تسلسل Insecta COI بنقطة خط طول وعرض واحدة (٤٩.٠٠١ درجة شمالاً، ١٠٦.٥٥٧ درجة غربًا) من الكتلة الشرقية لمنتزه كندا جراسلاندز الوطني؛ و٣٢٧ تسلسل Mammalia COI من نقطة خط طول وعرض واحدة (٠.٦٥ درجة جنوبًا، ٧٦.٤٥ درجة غربًا) في منتزه ياسوني الوطني في الإكوادور, [15]٨٤٥ تسلسل Dothideomycetes ITSمن نقطة خط طول وعرض (٩.٧٥ درجة شمالاً، ٢.٢ درجة شرقًا) في الغابة الوطنية الأفريقية في بنين. في قاعدة بياناتBOLD ، يوجد ٨٥١,٨٧٦ تسلسل Insecta COIبنفس خط الطول والعرض (10.763°N, 85.334°W) في متنزه Linkondela Beha Volcanoالوطني في كوستاريكا، و١,٦٨٠ تسلسل Magnoliopsida rbcl من نقطة خط طول وعرض واحدة (1.85°S, 102.65°E) في متنزه Bukit Duabelas الوطني في إندونيسيا. ومع ذلك، وجدنا أيضًا أن بعض نقاط خط الطول والعرض كانت تقع في مدارس أو مؤسسات بحثية علمية وليس مواقع أخذ عينات طبيعية. [16]على سبيل المثال، بالنسبة لبياناتGenBank ، تساهم العديد من نقاط الطول والعرض الواقعة بالقرب من جامعة جيلف (٤٣.٥٢٨ درجة شمالاً، ٨٠.٢٢٩ درجة غربًا ٤٣.٥٣٧ درجة شمالاً، ٨٠.١٣٤ درجة غربًا؛ ٤٣.٥١٨٧ درجة شمالاً، ٨٠.١٧٠٩ درجة غربًا؛ ٤٣.٥٢٨٢ درجة شمالاً، ٨٠.٢٢٩ درجة غربًا؛ ٤٣.٥٤ درجة شمالاً، ٨٠.١٤ درجة

غربًا) في ٧١٦١٦ تسلسلInsecta COI ؛ و٦٤٦٨٠ تسلسل Insecta COI بنفس خط الطول والعرض (٢٧.٤٤٤٧ درجة جنوبًا، ٥٤.٩٤٠٣ درجة غربًا) كما هو موضح في مركز أنطونيو راموس للأبحاث في الأرجنتين. بالنسبة أيضًا لبياناتBOLD ، فإن ٤٢٩٩٨ تسلسل Insecta COIتقع بنفس خط الطول والعرض (٢٢.٤٦٨٥ درجة شمالاً، ٩١.٧٨٠٨ درجة شرقًا) مثل جامعة شيتاغونغ، بنغلاديش، و٢٤٢٦٢ تسلسل Insecta COI تقع بنفس خط الطول والعرض (٣.١٢٩٥ درجة شمالاً، ١٠١.٦٥٧ درجة شرقًا).[١٧].

لجامعة ماليزيا في كوالالمبور مكن أن يوفر التحليل الببليومتري للأوراق العلمية باستخدام البيانات الوراثية معلومات حول تطبيق البيانات الوراثية. لقد قمنا باسترجاع الموضوع (في ١٠ سبتمبر ٢٠٢٢) باستخدام "البيانات الوراثية أو التنوع الجيني أو علم النشوء والتطور الجزيئي" كصيغة استرجاع في قاعدة البيانات الأساسية لـ .Web of Science بعد إزالة التكرارات بواسطة Citespace v6.1.2،4، تم الحصول على إجمالي ٣٦٩.٩٠٠ ورقة صالحة. من الواضح أن الأعداد السنوية للمقالات المنشورة باستخدام البيانات الوراثية كانت صغيرة قبل عام ٢٠٠٢، بينما نمت بسرعة بعد عام ٢٠٠٢ وزادت عامًا بعد عام (الشكل ٤)

الشكل ٤. مخطط نمو الأوراق المنشورة باستخدام البيانات الجينية..



باستخدام برنامجي VOSviewer5 وScimago graphica6، تم عرض التوزيع الوطني وعلاقة التعاون الدولي للأوراق البحثية التي تستخدم البيانات الجينية في الشكل ٥. يمثل حجم العقد عدد

المقالات التي نشرتها دولة ما. وكلما كانت العقدة أكبر، زاد عدد المقالات التي نشرتها تلك الدولة. يمثل لون العقدة عدد مرات التعاون مع الدول الأخرى، وكلما اقترب لون العقدة من اللون الأحمر،[١٨] زادت مرات التعاون مع الدول الأخرى. تمثل الخطوط التي تربط العقد التعاون في نشر الأوراق البحثية بين الدول. كلما كان الخط بين بلدين أكثر سمكًا، زاد تعاونهما. تظهر النتائج أن الولايات المتحدة لديها أعلى عدد من الأوراق البحثية الدولية المشتركة وأكثر علاقات التعاون تواترًا مع الدول الأخرى. تشمل الدول الأخرى التي لديها عدد مرتفع نسبيًا من الأوراق البحثية الدولية المشتركة المملكة المتحدة والصين وألمانيا وفرنسا وإيطاليا وأستراليا وإسبانيا وهولندا وكندا. هذه الدول ليست فقط القوة الرئيسية لإجراء البحوث ذات الصلة باستخدام البيانات الجينية، ولكن لديها أيضًا تعاون علمي واسع النطاق مع العديد من البلدان.[١٩]

الشكل ٥. أفضل ١٠ دول نشرت أوراقًا دولية مشتركة في مجال العلوم باستخدام البيانات الجينية.

الخاتمة

إننا ندخل الآن العقد الثالث من القرن الحادي والعشرين. وعلى مدى السنوات الثلاثين الماضية، وبفضل جهود العديد من مؤسسات البحث العلمي والباحثين، تراكمت موارد ضخمة من البيانات الجينية في قواعد البيانات العامة، مما جعلنا ندخل "عصر البيانات الجينية الضخمة". وقد ساعدت هذه البيانات الجينية الباحثين على تحقيق إنجازات غير عادية في العديد من المجالات مثل علم البيئة والتطور والجغرافيا الحيوية. ومع ذلك، لا تزال هناك فجوات كبيرة في البيانات الجينية العامة ولا بد من تحسين الممارسات غير المناسبة في تبادل البيانات الجينية. وفي المستقبل، نحتاج إلى

تشجيع تراكم البيانات الجينية للمجموعات البيولوجية المهملة سابقًا، وخاصة تلك التي تتمتع بثراء نسبي في الأنواع ولكن حجم البيانات الجينية أقل، ولا بد من زيادة الاستثمار في البحث العلمي في المناطق التي تكون فيها البيانات الجينية نادرة. ومن شأن هذه الجهود أن تثري بشكل كبير مجموعة الموارد الجينية العالمية وتوفر دعمًا قويًا لفهم متعمق للتطور البيولوجي والجغرافي للأنواع. وعلاوة على ذلك، يجب علينا أيضًا حل مشكلة فقدان وخطأ الإحداثيات الجغرافية للبيانات الجينية من خلال تحسين ممارسات البيانات إن أرشفة البيانات الجينية والمعلومات الجغرافية ذات الصلة (على سبيل المثال، مواقع أخذ العينات الطبيعية) بعناية من قبل الباحث سوف تترك إرثًا أكثر قيمة للبحوث المستقبلية. كما ينبغي لقواعد البيانات العامة تحديث سياسة البيانات الخاصة بها لتحسين جودة البيانات الوصفية. بالإضافة إلى ذلك، فإن زيادة مدخلات البحث الوطنية والتعاون الدولي مع البلدان الأخرى سوف يساعد بشكل فعال في حل الخلل في توزيع البيانات الجينية والبحث، وخاصة في أفريقيا وأمريكا الجنوبية.

المصادر

1.Kayser M, de Knijff P. تحسين الطب الشرعي البشري من خلال التقدم في علم الوراثة وعلم الجينوم وعلم الأحياء الجزيئي. Nat Rev Genet. 2011؛ ١٢: ١٧٩–١٩٢. doi: 10.1038/nrg2952. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

2.Kayser M. Forensic DNA phenotypeing: predicting human appearance from crime scene material for integrative purposes. Forensic Sci Int Genet. 2015؛ ١٨:٣٣٠–٤٨. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.02.003. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

3.فيليبس سي. التحليل الجيني الجنائي للأصول الجغرافية الحيوية. Forensic Sci Int Genet. 2015؛ ١٨:٤٩٠–٦٥. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.05.012. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

4.اتحاد VISAGE. (2018) المشهد التنظيمي لنمط الحمض النووي الشرعي في أوروبا. www.visage-h2020.eu/Report_regulatory_landscape_FDP_in_Europe2.pdf (آخر وصول في ١٥ مايو ٢٠١٩) [Google Scholar]

5.Caliebe A, Walsh S, Liu F, Kayser M, Krawczak M. نسبة الاحتمالية والاحتمالات اللاحقة في علم الوراثة الشرعي: وجهان لعملة واحدة. Forensic Sci Int Genet. 2017؛٢٨:٢٠٣–٢١٠. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.03.004. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

6.Walsh S, Liu F, Wollstein A, et al. نظام HIrisPlex للتنبؤ المتزامن بلون الشعر والعين من الحمض النووي. Forensic Sci Int Genet. 2013؛٧:٩٨–١١٥. doi: 10.1016/j.fsigen.2012.07.005. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

7.Walsh S, Liu F, Ballantyne KN, van Oven M, Lao O, Kayser M. IrisPlex: أداة حساسة للحمض النووي للتنبؤ الدقيق بلون العين الأزرق والبني في غياب معلومات الأنساب. Forensic Sci Int Genet. 2011؛٥:١٧٠–١٨٠. doi: 10.1016/j.fsigen.2010.02.004. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

8.Chaitanya L, Breslin K, Zuniga S, et al. نظام HIrisPlex-S للتنبؤ بلون العين والشعر والبشرة من الحمض النووي: مقدمة وإثبات صحة التطور الجنائي. Forensic Sci Int Genet. 2018؛٣٥:١٢٣–١٣٥. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.04.004. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

9.Pospiech E ،Chen Y ،Kukla-Bartoszek M ، وآخرون. نحو توسيع نطاق النمط الظاهري للحمض النووي الجنائي إلى ما هو أبعد من التصبغ: تحسين التنبؤ بشكل شعر الرأس

من الحمض النووي. Forensic Sci Int Genet. 2018؛٣٧:٢٤١–٢٥١. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.08.017. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

10.Liu F, Zhong K, Jing X, et al. تحديث حول إمكانية التنبؤ بطول القامة من خلال علامات الحمض النووي لدى الأوروبيين. Forensic Sci Int Genet. 2019؛٤٢:٨٤–١٣. doi: 10.1016/j.fsigen.2019.05.006. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

11.Eduardoff M, Gross TE, Santos C, et al. تقييم بين المختبرات للوحة SNP من خلال التسلسل EUROFORGEN العالمية التي تحتوي على معلومات عن الأنساب من المتوازي الضخم باستخدام Ion PGM. Forensic Sci Int Genet. 2016؛ ٢٣: ١٧٨–١٨٩. doi: 10.1016/j.fsigen.2016.04.008. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

12.Chaitanya L, van Oven M, Weiler N, et al. Developmental validation of mitochondrial DNA genotyping assays for adept matrilineal inference of biogeographic ancestry at a Continental Level. Forensic Sci Int Genet. 2014;11:39–51. doi: 10.1016/j.fsigen.2014.02.010. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

13.Wienroth M ،Morling N ،Williams R. الابتكارات التكنولوجية في علم الوراثة الشرعي: الجوانب الاجتماعية والقانونية والأخلاقية. Recent Adv DNA Gene Seq. 2014؛٨:٩٨–١٠٣. doi: 10.2174/2352092209666150328010557. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

14. صامويل جي، براينساك بي. تحديد النمط الظاهري للحمض النووي في أوروبا: وجهات نظر "على أرض الواقع" من أولئك الذين لديهم مصلحة مهنية في التكنولوجيا. نيو جينيت سوسايتي. ٢٠١٩؛ ٣٨: ١١٩-١٤١. [جوجل سكولار]

15. صموئيل جي، براينساك بي. آراء أصحاب المصلحة في المجتمع المدني بشأن النمط الظاهري للحمض النووي الجنائي: موازنة المخاطر والفوائد. Forensic Sci Int Genet. 2019؛٤٣ doi: 10.1016/j.fsigen.2019.102157. 102157. [DOI] [PubMed] [Google Scholar]

16. مشروع البراءة. إصلاح التعرف على شهود العيان. www.innocenceproject.org/causes/eyewitness-misidentification/ (آخر وصول في ١٥ مايو ٢٠١٩) [Google Scholar]

17.Kayser M. الاستخدام الجنائي للحمض النووي للكروموسوم Y: نظرة عامة. Hum Genet. 2017؛٦٣٥-٦٢١ :١٣٦ ؛. doi: 10.1007/s00439-017-1776-9. [DOI] [مقالة مجانية من PMC] [PubMed] [Google Scholar]

18. Mordes فرانكفورتر ألجماينه تسايتونج. بعد ٢٥ عامًا من überführt. www.faz.net/aktuell/gesellschaft/kriminalitaet/moerder-wird-nach-25-jahren-durch-dna-analyse-ueberfuehrt-15346930.html (تم الوصول إليه آخر مرة في ١١ نوفمبر ٢٠١٩) [Google الباحث العلمي من].