

T.C.
İSTANBUL ÜNİVERSİTESİ-CERRAHPAŞA
ADLİ TIP ve ADLİ BİLİMLER ENSTİTÜSÜ

Danışmanlar
Prof. Dr. Faruk AŞICIOĞLU
Prof. Dr. Emel Hülya YÜKSELOĞLU

İ.Ü. -C Adli Moleküler Genetik Laboratuvarında 2012-2020 Yılları Arasında
Kimliklendirilmesi Yapılan Olguların Demografik Özellikleri Ve Alel Sıklıklarının
Belirlenmesi

FEN BİLİMLERİ ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ

Ömer KARATAŞ

İSTANBUL 2022

ÖNSÖZ

Bu çalışmanın ortaya çıkmasındaki katkılarından dolayı

İ.Ü -C Adli Tıp ve Adli Bilimler Enstitüsü müdürü Prof. Dr. Erdiç Öztürk'e

Çalışmalarım süresince desteğini sürekli hissettiğim, değerli vaktini benim için harcayan tez

danışmanlarım değerli hocam

Prof. Dr. Faruk Aşıcıoğlu'na ve

Prof Dr. Emel Hülya Yükseloğlu'na

Takıldığım her noktada çalışmama yaptıkları desteklerden ötürü

Değerli çalışma arkadaşım Dr. Öğr. Gör. Fatma Çavuş Yonar ve Gülten Rayimoğlu'na

İstatistiki çalışmalarına katkılarından dolayı Arzu Düvenci'ye

Maddi ve manevi desteklerinden dolayı

aileme

çok teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖNSÖZ.....	i
İÇİNDEKİLER.....	iii
TABLO LİSTESİ	vi
ŞEKİL LİSTESİ	viii
EKLER LİSTESİ	ix
KISALTMALAR	x
ÖZET	xi
SUMMARY	xii
1. GİRİŞ VE AMAÇ	1
2. GENEL BİLGİLER.....	4
2.1. Adli Bilimler.....	4
2.1.1. Adli Bilimlerde Kullanılan DNA Sistemleri	5
2.2. Popülasyon Genetiği.....	7
2.2.1. Polimorfizm Kavramı ve Genetik İşaretler.....	8
2.2.2. Tek Nükleotid Polimorfizmleri (Single Nucleotide Polymorphisms, SNP)	9
2.2.3. Kodlamayan Bölgelerdeki Polimorfizim (Tekrar Dizileri)	10
2.2.4. STR Sistemleri.....	11
2.2.4.1. STR İşaretçilerinin Adlandırılması	11
2.3. DNA Veritabanları	14
2.4. Adli Genetikte Kullanılan İstatistiksel Kavramlar	15
2.4.1. Hardy Weinberg Eşitliği	16
2.4.2. Temel Bileşen Analizi (Principal Component Analysis, PCA)	18
2.4.3. AMOVA (Moleküler Varyans Analizi)	19
2.4.4. Fiksasyon İndeksi ve F istatistiği.....	19
2.4.5. Bağlantı Dengesizliği (Linkage Disequilibrium).....	19
2.4.6. Uyumsuzluk Dağılım analizi	20

2.5. Popölasyon Genetiđi Hesaplamalarında Kullanılan İstatistik Programları	21
2.5.1. Arlequin	21
2.5.2. GenAEx 6.05	21
2.5.3. GenePop.....	22
2.5.4. PowerStats	22
2.5.5. FORSTAT.....	23
2.5.6. STRAF	23
3. GEREÇ VE YÖNTEM.....	25
3.1. Çalışmada Kullanılan Cihazlar	25
3.2. Çalışmada Kullanılan Ticari Kitler Ve Sarf Malzemeleri	26
3.3. Çalışma Planı.....	26
3.3.1. Örneklerden DNA izolasyonu	26
3.3.1.1. Kan örneklerinden QiaAmp mini kit ile DNA izolasyonu.....	26
3.3.1.2. Kan Lekesinden QiaAmp mini kit ile DNA İzolasyonu	27
3.3.1.3. Kandan Reçine (Chelex) ile DNA izolasyonu	27
3.3.1.4. Ağz içi sürüntüsünden QiaAmp mini kit ile DNA İzolasyonu	28
3.3.2. DNA Miktarlarının Belirlenmesi	28
3.3.3. PCR aşaması (Polimeraz Zincir Reaksiyonu).....	29
3.3.4. Elde Edilen Örneklerin Kapiller Elektroforez ile Yürütölmesi	30
3.3.5. Yürütölün Örneklerin Elektroforegram Deđerlendirilmesi	30
3.3.6. İstatiksel Analiz	31
4. BULGULAR	32
4.1. Retrospektif Çalışma Bulguları	32
4.1.1. Marmara Bölgesi	33
4.1.2. Dođu Anadolu Bölgesi	35
4.1.3. Güneydođu Anadolu Bölgesi.....	37
4.1.4. Ege Bölgesi.....	38
4.1.5. Akdeniz Bölgesi.....	39

4.1.6. Karadeniz Bölgesi.....	40
4.2. Adli İstatistik Bulguları.....	44
4.2.1. Genel Adli İstatistik Bulguları.....	44
4.2.1.1. D8S1179 Lokusuna Ait Bulgular.....	46
4.2.1.2. D21S11 Lokusuna Ait Bulgular.....	47
4.2.1.3. D7S820 Lokusuna Ait Bulgular.....	48
4.2.1.4. CSF1PO Lokusuna Ait Bulgular.....	48
4.2.1.5. D3S1358 Lokusuna Ait Bulgular.....	49
4.2.1.6. TH01 Lokusuna Ait Bulgular.....	49
4.2.1.7. D13S317 Lokusuna Ait Bulgular.....	50
4.2.1.8. D16S539 Lokusuna Ait Bulgular.....	50
4.2.1.9. D2S1338 Lokusuna Ait Bulgular.....	51
4.2.1.10. D19S433 Lokusuna Ait Bulgular.....	51
4.2.1.11. vWA Lokusuna Ait Bulgular.....	52
4.2.1.12. TPOX Lokusuna Ait bulgular.....	53
4.2.1.13. D18S51 Lokusuna Ait Bulgular.....	54
4.2.1.14. D5S818 Lokusuna Ait Bulgular.....	55
4.2.1.15. FGA Lokusuna Ait Bulgular.....	55
4.2.2. Adli Genetik Verilerinin İstatistiksel Sonuçları.....	57
4.2.3. Bağlantı Dengesizliği P Değerleri Dağılımı Ve Kolmogorov-Smirnov Testi Sonuçları.....	58
4.2.4. İkili Bağlantı Dengesizliği p-değerleri Sonuçları.....	59
4.2.5. Ülkelerarası Karşılaştırma Sonuçları.....	60
4.2.6. Türkiye'nin Coğrafik Bölgeler Arası Karşılaştırma Sonuçları.....	63
5. TARTIŞMA.....	66
6. SONUÇ.....	80
7. KAYNAKLAR.....	81

TABLO LİSTESİ

Tablo 1. Tekrar dizilerinin uzunluklarına göre tanımlanması	10
Tablo 2. Tekrar yapılarına göre STR'ler	11
Tablo 3. STR'lerin tekrar uzunluklarına göre isimlendirilmesi.....	12
Tablo 4. DNA analizinde kullanılan yöntemlerin karşılaştırılması	13
Tablo 5. Adli istatistik parametrelerin formülleri.....	16
Tablo 6. PCR parametreleri	30
Tablo 7. Elektroforez Parametreleri.....	30
Tablo 8. Marmara Bölgesi	34
Tablo 9. Doğu Anadolu Bölgesi	36
Tablo 10. Güneydoğu Anadolu Bölgesi	37
Tablo 11. Ege Bölgesi.....	38
Tablo 12. Akdeniz Bölgesi	39
Tablo 13. Karadeniz Bölgesi	41
Tablo 14. İç Anadolu Bölgesi	42
Tablo 15. Yabancı uyruklu başvurular	43
Tablo 16. Türkiye popülasyonu alel frekansları tablosu.....	44
Tablo 17. D8S1179 lokusuna ait adli istatistiksel parametreleri ve alel frekansları	46
Tablo 18. D21S11 lokusuna ait adli istatistiksel parametreleri ve alel frekansları	47
Tablo 19. D7S820 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	48
Tablo 19. CSF1PO lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	48
Tablo 21. D3S1358 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	49
Tablo 22. TH01 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	49
Tablo 23. D13S317 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	50
Tablo 24. D16S539 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	50
Tablo 25. D2S1338 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	51
Tablo 26. D19S433 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	52
Tablo 27. vWA lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları.....	53
Tablo 28. TPOX lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	53
Tablo 29. D18S51 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	54
Tablo 30. D5S818 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları	55
Tablo 31. FGA lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları.....	56

Tablo 32. Adli genetik verilerinin istatistiksel sonuçları.....	57
Tablo 33. İkili Bağlantı dengesizliği p-değerleri.....	59
Tablo 34. Nei's uzaklık prensibine göre frekans değerleri baz alınarak yapılan ülkeler arası genetik uzaklık değerleri	60
Tablo 35. Nei's genetik uzaklık prensibine göre bölgelerin uzaklık değerleri.....	63



ŞEKİL LİSTESİ

Şekil 1. Bağlantı dengesizliği p değerleri dağılımı ve Kolmogorov-Smirnov testi	58
Şekil 2. Nei's genetik uzaklık prensibine göre MDS tabanlı koordinat düzlemi	61
Şekil 3. Frekanslarına göre Nei's genetik uzaklık prensibine göre çizilmiş genetik ağaç	62
Şekil 4. Nei's genetik uzaklık prensibine göre bölgelerin genetik ağaç çizimi	63
Şekil 5. Nei's genetik uzaklık prensibine göre bölgelerin mds tabanlı koordinat düzlemi	64
Şekil 6. Türkiye'nin yedi coğrafi bölge popülasyonun 15 otozomal STR lokusuna dayalı temel bileşen analizi (PCA)	65

EKLER LİSTESİ

EK 1. D18S1179 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	89
EK 2. D21S11 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	90
EK 3. D7S820 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	91
EK 4. CSF1PO lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği	92
EK 5. D3S1358 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	93
EK 6. TH01 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği	94
EK 7. D13S317 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	95
EK 8. D16S539 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	96
EK 9. D2S1338 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	97
EK 10. D19S433 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	98
EK 11. vWA lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği	99
EK 12. TPOX lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği	100
EK 13. D18S51 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	101
EK 14. D5S818 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	102
EK 15. FGA lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği.....	103
EK 16. Marmara Bölgesi adli istatistik bulguları	104
EK 17. Karadeniz Bölgesi adli istatistik bulguları.....	106
EK 18. İç Anadolu Bölgesi adli istatistik bulguları	108
EK 19. Güneydoğu Anadolu Bölgesi adli istatistik bulguları.....	110
EK 20. Ege Bölgesi adli istatistik bulguları.....	112
EK 21. Doğu Anadolu Bölgesi adli istatistik bulguları	114
EK 22. Akdeniz Bölgesi adli istatistik bulguları.....	116

KISALTMALAR

Bp: Baz çifti

C: Sitozin

CE: Kapiller elektroforez

CODIS: Birleşik DNA indeks sistemi

DNA: Deoksiribonükleik asit

f: Frekans

Fst:Popülasyonlarda genetik uzaklığın ifadesi

G: Guanin

h: Heterozigotluk

H: Homozigotluk

Hhet: Beklenen heterozigotluk (Expected Heterozygosity)

Hobs: Gözlenen heterozigotluk (Observed Heterozygosity)

HWE: Hardy Weinberg eşitliği veya dengesi (Hardy Weinberg Equilibrium)

PCR: Polimeraz zincir reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction)

PD: Ayrımlama gücü (Power of Discrimination)

PE: Dışlama gücü (Power of Exclusion)

PIC: Polimorfik bilgi içeriği (Polymorphism Information Content)

PCA: Temel Bileşen Analizi (Principal Component Analysis)

PM: Uyuşma (karşılaşma) olasılığı (Matching Probability)

POP-4: Performans dengeleyici polimer (Performance Optimized Polymer)

MDS: Çok Boyutlu Ölçekleme (Multidimensional Scaling)

RFLP: Parçacık uzunluk polimorfizmi (Restriction Fragment Length Polymorphism)

RPM: Round per minute

RNA: Ribonükleik asit

SNP: Tek nükleotid polimorfizmi (Single Nucleotide Polymorphisms)

STR: Kısa ardışık tekrar dizileri, mikrosatellitler (Short Tandem Repeats)

T: Timin

TPI: Tipik babalık indeksi (Typical Paternity Index)

VNTR: Değişken sayıda tekrar eden dizinler, minisatellitler (Variable Number of Tandem Repeats)

ÖZET

Adli bilimlerde DNA analizleri kayıp vakalarında, felaket kurbanlarında, nesep tayini çalışmalarında ve kriminal olaylarda suç-mağdur ve fail arasındaki bağlantının tespitinde kimliklendirme amaçlı olarak kullanılmaktadır.

Çalışmamızda Türkiye'nin 7 bölgesini de temsil edecek şekilde 1001 kişiden alınan örneklerden elde edilen 15 STR profillerinin adli amaçlı kullanılmak üzere hem ülke çapında hem de bölgesel olarak lokusların frekans değerleri belirlendi. Birleşik ayırım gücü (Combined Power Of Discrimination, CPD) ve birleşik dışlama olasılığını ifade eden CPE (Combined Probability Of Exclusion) değerleri sırasıyla 0,99999999999999996063 ve 0,999999979 olarak hesaplandı. Türkiye popülasyonu için ayırım gücü en yüksek lokus D2S1338, en düşük TPOX olarak belirlendi. Sadece Türkiye popülasyonunda gözlenen aleller tespit edildi.

Sadece Türkiye popülasyonunda gözlemlenen aleller tespit edildi. Kıbrıs, Azerbaycan, Özbekistan, Yunanistan, Nepal, Irak, Suudi Arabistan, İspanya, Ukrayna, Bosna Hersek, Fas, İngiltere, Belçika, Rusya, Amerika ve Brezilya popülasyonları arasında ve Türkiye'nin 7 bölgesi arası genetik uzaklıklar tespit edilerek filogenetik ağaç çizimi yapıldı. Türkiye'nin 7 bölgesi için temel bileşenler analizi gerçekleştirildi.

Tüm bu bilgiler ışığında popülasyon incelemelerinde kullanılan bu istatistik analizlerin adli bilimlere katkısı olacağını düşünmekteyiz.

Anahtar Kelimeler: Popülasyon Genetiği, DNA Analizi, Adli Genetik, İstatistik

SUMMARY

In forensic sciences, DNA analysis is used for identification purposes in disappearance cases, disaster victims, genealogy studies and criminal cases, in order to determine the link between crime-victim and perpetrator.

In our study, the frequency values of 15 STR profiles obtained from samples taken from 1001 individuals, representing all 7 regions of Turkey, were determined to be used for forensic purposes, both nationally and regionally. Combined discrimination power and combined exclusion probability values were calculated as 0.99999999999999996063 and 0.999999979, respectively. For the Turkish population, the locus with the highest discriminatory power was D2S1338 and the lowest was determined as TPOX.

Alleles observed only in the Turkish population were detected. Phylogenetic tree drawings were made by determining genetic distances between the populations of Cyprus, Azerbaijan, Uzbekistan, Greece, Nepal, Iraq, Saudi Arabia, Spain, Ukraine, Bosnia and Herzegovina, Morocco, England, Belgium, Russia, America and Brazil and between 7 regions of Turkey. Principal component analysis was carried out for 7 regions of Turkey.

In the light of all this information, we think that these statistical analyzes used in population studies will contribute to forensic sciences.

Keywords: Population Genetics, DNA Analysis, Forensic Genetics, Statistics

1. GİRİŞ VE AMAÇ

Genetik alanında DNA analizleri rutin çalışmalar içinde birçok farklı amaç için kullanılmaktadır. Adli bilimlerde ise STR analizleri temel olarak kimliklendirme çalışmaları üzerinden kayıp vakalarında, felaket kurbanlarında, nesep tayini çalışmalarında, göçmen kabulünde ve kriminal olaylarda suç-mağdur ve fail arasındaki bağlantının tespitinde altın standart olarak kabul edilmektedir. Adli bilimlerde nükleer ve mitokondriyal DNA kullanılarak analiz yapmak için dizin analizi, RFLP (restriksiyon parça uzunluğu polimorfizmi), VNTR (değişik sayılı ardışık tekrar dizinleri), STR (kısa ardışık tekrar dizinleri) ve SNP (tek nükleotid polimorfizmi) gibi sistemler kullanılmaktadır (1). İşlevselliklerine göre farklı durumlar için farklı analizler tercih edilse de rutin analizlerde en sık kullanılan yöntem STR sistemleridir. Bu durumun en büyük etkenleri STR'lerin otomasyona uygun ve kısa sürede çalışılabilirliği, aynı anda birden fazla STR bölgesinin incelenebilmesi, uzunluklarının kısa olması sebebiyle bozunmuş örneklerde bile başarılı sonuçlar alınmasıdır(2).

Tüm bu sistemlerin temeline baktığımızda en önemli konu araştırdığımız alelin istatistiksel verilerinin kullanıma dahil olmaları için incelenen toplumdaki görülme sıklığının bilinmesidir. Görülme sıklığı yani frekans değerleri adli kimliklendirme için kullanılacak alellerin dışlama gücü, beklenen ve gözlenen heterozigotluk oranları, ayırma gücü ve eşleşme olasılığı gibi parametrelerin yanı sıra popülasyonlar arası benzerlik-farklılıkları gösterebilecek analizlerin de hesaplanmasını sağlar. Ayrıca yeterli ayırım gücüne ulaşılabilmesi ve bu farklılıkların daha ayrıntılı olarak belirlenebilmesi için istatistikî parametrelerin yeterliliğinin yanı sıra belli bir sayıda STR lokusunun çalışmaya dahil edilmesi ve daha kesin sonuçlar almak için bu sayının olabildiğince artırılması gerekmektedir(3).

Alel frekansları popülasyonların kendi içerisindeki alt popülasyonlarda bile farklılık gösterebilmektedir. Asya ve Avrupa arasında köprü görevi gören ve geçmişten günümüze birçok farklı insan topluluğuna ev sahipliği yapmış ülkemiz açısından farklı popülasyonlar ve tarihsel gelişimde etkileşimde bulunduğu popülasyonlar ile arasındaki genetik uzaklıklarını belirlemek, her bir lokusun frekans değerlerini karşılaştırmak ülkemiz popülasyonuna ait genetik bilginin belirlenmesi açısından önemlidir. Bu tarz popülasyon çalışmaları yapılırken incelenecek toplumun her bölgesinden homojen bir şekilde ve olabildiğince fazla sayıda katılımcı çalışmaya dahil edilerek sonuçların güvenilirliği artırılmaya çalışılır. Daha önce ülkemiz popülasyonu için benzer çalışmalar yapılmıştır. 2002 yılında 9 STR lokusu için 310 kişi ile, 2004 yılında Polis kriminal laboratuvarında 9 STR lokusu ve 200 kişi ile, Doğu Anadolu Bölgesi popülasyonu içerisinde 15 STR için 800 katılımcı ile, 2019 yılında 10 STR lokusu için

100 kiři ile son olarak da tım Tırkiye’de 15 STR iin 5299 kiři ile yapılmıř alıřmalar bulunmaktadır (4-9).

Bu alıřmaların bir kısmında lke genelinde yksek sayıda homojen katılımcıyı barındırmaması, blgesel olması ya da katılımcı sayısının bir poplasyonun filogenetik zelliklerini belirlemede yetersiz olması gibi eksiklikler bulunurken bazılarında da blgesel frekansların hesaplanması, blgeler ve lkeler arası genetik yakınlıkların belirlenmesi ve baėlantı dengesizliėi gibi adli istatistik hesaplamaları yapılmamıřtır.

STR sistemlerinin adli bilimlerin ilgilendiėi vakalarda kullanılmasının temel nedeni kimliklendirme analizlerinde standardize edilmiř, rutin alıřma kořullarına uygun ve diėer sistemlere gre ucuz olmasıdır. Aynı zamanda STR verileri kullanılarak yapılan farklı istatistik alıřmalar hem incelenen poplasyonun kendi ierisindeki alt poplasyonlar ile hem de diėer poplasyonlar ile olan benzerlik ve farklılıklarını anlamamıza olanak saėlar.

Bu alıřmanın amacı Tırkiye'nin 7 blgesini de temsil edecek řekilde 1001 kiřiden alınan rneklerden elde edilen 15 STR profillerinin adli amalı kullanılmak zere hem lke apında hem de blgesel olarak lokusların frekans deėerlerini belirlemek, poplasyonlar arası ve alt poplasyonlar arası genetik uzaklıkları tespit ederek hem adli bilimlerde rutin analizlerde kullanılan 15 STR frekanslarının gvenirliliėini hem de poplasyonumuza ait genetik bilgimizi gncelleyerek arttırmaktır. alıřmamızda daha nceki alıřmalar da gz nne alındıėında kiři sayısı artırılarak analiz sonularının gvenirliliėini arttırmak ve eřitliliėi gzlemlemek, analiz eřitleri artırılarak farklı parametreler iin Tırkiye poplasyonu ve 7 coėrafi blgenin hem kendi ierisinde hem de farklı poplasyonlar ile iliřkisi hakkında daha fazla bilgi edinmemiz ve elde edilen STR bilgilerinin ileride yapılabilecek alıřmalar ve karřılařtırmalar iin de nemli bir veri kaynaėı oluřturması amalanmıřtır. Bu alıřmada ENFSI yesi, ISO 17025 kapsamında TRKAK tarafından akredite edilmiř İ.–Cerrahpařa Adli Tıp ve Adli bilimler Enstits Adli Molekler Genetik Laboratuvarına farklı nedenlerle bařvurmuř ve biyolojik rneėinin kullanımına izin vermiř kiřilerin DNA verileri alıřılmıřtır. 30 Eyll 2014 tarih, 29135 sayılı Resmi Gazete “remeye Yardımcı Tedavi Uygulamaları ve remeye Yardımcı Tedavi Merkezleri Hakkındaki Ynetmeliėin” 20/4 (EK 3) maddesinde belirtilen kemoterapi ve radyoterapi gibi gonad hcrelerine zarar veren tedaviler ncesinde, reme fonksiyonlarının kaybedilmesine yol aacak olan ameliyatlar ncesinde, ok az sayıda sperm olması ya da dřk over rezervi olan kiřilerde DNA analizinin yapılması zorunlu olması sebebiyle bařvuran kiřiler ve farklı nedenlerle enstitmze mahkeme yoluyla ya da zel bařvuru ile gelen kiřilerin demografik zellikleri de alıřmamızda incelenmiřtir. lkemizin yedi blgesinin nfus daėılım oranları da dikkate alınarak aralarında akrabalık baėı bulunmayan 1001 gnll katılımcı

alışmaya dahil edilmiştir. alışmamızda biyolojik örneklerin adli kimliklendirilmesinde en sık kullanılan 15 STR lokusunun alel frekansları, dışlama gücü, beklenen ve gözlenen heterozigotluk oranları, ayırma gücü ve eşleşme olasılığı gibi veriler hesaplanmıştır. Bu veriler Türkiye'nin yedi bölgesi için de ayrı ayrı hesaplanmıştır. Aynı zamanda elde edilen veriler doğrultusunda hem ülkemizin yedi bölgesi için hem de farklı popülasyonlar arası filogenetik ilişkiler belirlenmiş, filogenetik ağaç çizilmiş, Hardy Weinberg testi yapılmış, farklı ülkelerin frekansları ile karşılaştırma yapılmıştır.



2. GENEL BİLGİLER

2.1. Adli Bilimler

İnsanlık için zamanında büyük bir keşif olarak görülen birçok şey ilerleyen dönemlerde teknolojinin de yardımıyla herkesin kullanımına açık bir hale gelmektedir. Sağlık alanında bu gelişmelere verilebilecek en önemli örneklerden biri DNA (deoksiribonükleik asit) sistemleridir. Artık televizyon programlarında gündüz kuşağında konuşulur olan ve birçok özel laboratuvarın analizini yaptığı bu yapı; insanların yaşaması, çoğalması ve bu bilgilerin aktarılmasını sağlayan bir kara kutu gibidir.

Adli bilimler; bilimin verdiği olanaklar ve hukuk düzeni içerisindeki kanunlar çerçevesinde adalete hizmet etmektedir (10). Multidisipliner bir bilim dalı olan adli bilimlerin içerisinde bulunan alt dallardan birisi de adli moleküler genetik. Adli olayların rutin analizlerinde olay yerinde bulunan biyolojik materyallerden suçlulara ulaşmak için olay yeri, suç ve mağdur arasındaki bağlantıları kurmak gerekir. Bu bilim dalının adalete en önemli katkısı suçlunun ya da ölen bir kişinin diğer kişilerden ayırt edilip kim olduğunun tespit edilmesine yönelik yapılan kimliklendirme çalışmalarıdır. Bu gereklilikler kapsamında adli moleküler genetik alanı ihtiyaç duyulan kimliklendirme analizlerini yapmakta ayrıca araştırma boyutunda ise etik kuralların dışına çıkmadan DNA ile geçmişten günümüze bireyler ve popülasyonlar hakkında bilgi edinmeye yönelik çalışmaları yürütmektedir.

Kan, tükürük, semen gibi biyolojik örneklerden kimliklendirme çalışmaları uzun yıllardır yapılmaktadır. Bu çalışmaların başlangıcı lökosit antijenleri, kan grupları ve alt grupları ve polimorfik proteinlerle başlamıştır (11). Çalışmalar ilerledikçe insan genomik DNA'sının 46 kromozom üzerinde bulunan 30.000 den fazla gen ve 3×10^9 baz çifti içerdiği tespit edilmiş aynı zamanda gen haritası çıkarılmıştır. Sahip olduğumuz DNA'nın yüzde 99,9'u tüm insanlar arasında birbirine benzemektedir. İnsanlar arasında farklılık yaratan kısım genetik kod üzerinde meydana gelen küçük değişikliklerdir. Bu değişimler mutasyon olarak adlandırılmakta ve nükleotidlerin değişmesi ile oluşmaktadır. Genin bir alelinde veya her iki alelinde birden mutasyon oluşması ve bunu takiben fenotipik değişimler görülmesi mutasyon etkisinin kalıcı olduğunu veya toplumda diğer kişilerde görülebileceği anlamını taşımaz. Popülasyonda belli bir oran üzerinde görülen ve kalıtsal özellik gösteren değişimler, bir başka deyişle popülasyonda farklılığa yol açan değişimler polimorfizm olarak adlandırılır.

Dünya çapında adli bilimlerde yürütülen rutin kimliklendirme çalışmalarında DNA'nın yüzde 99,9'unun dışında bulunan, kodlama yapmayan ve kısa tekrarlar halinde kendini gösteren

STR adı verilen küçük bir kısmı kullanılmaktadır (12). Tekrar sayıları kişiden kişiye değişmesi nedeni ile kimliklendirmeye olanak sağlamasının yanı sıra, çalışılan STR sayısı arttıkça popülasyonlar arası farklılıkları da tespit etmek mümkün olmaktadır.

Polimorfizm ve mutasyonlar kişiden kişiye değiştiği gibi popülasyonlar arasında da belirgin farklar göstermektedir. Adli amaçlı kimliklendirme yaparken incelediğimiz biyolojik örneği farklı bir popülasyonun verileri ile karşılaştırmak veya az sayıda STR lokusu ile çalışmak yanlış pozitif veya yanlış negatif sonuçlara yol açabilmektedir (13). Güvenilir sonuçlar alınması için bazı STR lokusları belirlenmiştir. Amerika bu sistem için 1997’de (U.S Core loci) 13 STR ve bunlara ilaveten amelogenin lokusunu belirlemiş 2017’den sonra bu sayı 20’ye çıkarılmıştır (14,15). Avrupa’da European standart set (ESS) adı altında 7 STR kullanılırken daha sonra 5 STR ve amelogenin de eklenerek sayı artırılmıştır (16). Almanya, İngiltere ve İnterpol farklı sayılarda STR lokusları belirlese de en sık kullanılan Avrupa ve Amerika’nın kullandığı standartlardır.

Gen haritası çıkarılması, hastalıkların tespiti, köken tespiti, nesep tayini ve adli amaçlı kimliklendirme işlemlerinde kullanılan genetik işaretlerin belli özelliklere sahip olması gerekmektedir (17). Bir STR lokusunun kimliklendirme amaçlı kullanıma dahil olması için her popülasyon kendi istatistiki verilerini oluşturacak çalışmalar yapmaktadır. Kimliklendirme, akrabalık ve nesep tayini gibi çalışmaların doğru sonuçlara ulaşabilmesi için kapsamlı istatistik çalışmaları yapılmalı, nadir görülen polimorfizm veya mutasyonlar tespit edilmelidir. Olabildiğince çok STR lokusu ve popülasyonu temsil eden fazla sayıda kişi ile çalışılması ayırım gücü oranının artmasını sağlayacaktır.

2.1.1. Adli Bilimlerde Kullanılan DNA Sistemleri

DNA tek yumurta ikizleri hariç tüm insanlarda farklılık gösterdiğinden suç, mağdur, olay yeri ve fail arasında bağlantı kurmada ve kimliklendirme analizlerinde adli genetik incelemelerin temelini oluşturmaktadır (18). Akrabalık ilişkilerinin tespitinde, nesep tayininde, toplumsal felaketlerde ve kriminal olaylarda kimliklendirmede, göç yollarının tespit edilmesinde kan, tükürük, kıl, kemik dokusu veya sperm gibi biyolojik örneklerden DNA analizine dayanan çalışmalar yapılmaktadır.

DNA’nın bu kadar popüler olması, hızlı çalışılıp kesin sonuçlarla bizi aradığımız bilgiye götürmesi, uzun yıllar süren çalışmalar sonucu ortaya çıkan bir gelişmedir. Adli bilimlerde nesep tayini yapmak ve kriminal olaylarda kimliklendirme yapma amaçlı olarak ilk kullanılan genetik işaretler kan gruplarıdır (19). 1900’lü yıllarda kan gruplarıyla beraber hemoglobin,

serum proteinleri, lökosit antijen (Human Leukocyte Antigens – HLA) sistemleri de kullanılmıştır.

1901 yılında Karl Landsteiner ABO kan gruplarını keşfiyle insanları gruplara ayırmayı başarmıştır (20). İlerleyen yıllarda Von Dungern'in Rhesus sistemini ve A, B gruplarının baskın 0 grubunun çekinik karakter göstermesini keşfi ile uzun yıllar kimliklendirme amacıyla bu sistem kullanılmıştır. Ancak insanların çoğunun 0 ve A grubu kana sahip olması ve bu gruplandırma sisteminin yeterli ayırım gücünü sağlayacak basamaklardan oluşmaması zamanla bu sistemin terk edilmesine sebebiyet vermiştir. Serolojik çalışmalarda ise olay yerinden bulunan biyolojik örneklerin yeterli olmaması ve serum proteinlerinin dış etkenlerle çok çabuk degrede hale gelmesi nedeniyle kan gruplarından daha fazla ayırım gücü sağlamasına rağmen kullanımı kısa sürmüştür.

1958 yılında Dausset tarafından beyaz kan hücreleri üzerinde tanımlanan bir polimorfizm de HLA sistemleridir (21). Bu sistem diğerlerine göre daha yüksek bir polimorfizm göstermesi sebebi ile adli bilimlerde kimliklendirmede uzun süre kullanılmıştır. Ancak bu sistem örneğin olay yerindeki çevre koşullarına bağlı olarak çabuk bozunması ve biyolojik dokularda enzimlerin yeterli derecede bulunmaması gibi dezavantajları yüzünden zamanla yerini farklı sistemlere bırakmıştır. 1960 yılından Alec Jeffreys'in DNA yapısındaki polimorfizm unsurlarını keşfettiği 1980'lere kadar Sanger dizinleme ve Southern Blot teknikleri ve benzeri çalışmalar ile dizin analizleri yapılarak DNA incelenmiştir (22). Alec Jeffreys ve arkadaşlarının DNA üzerinde bazı dizilerin belli ardışık sayılar halinde tekrar ettiğini keşfetmesi ise adli genetik kimliklendirmede asıl dönüm noktası olmuştur. Bu dizilere "Değişken Sayılı Ardışık Tekrarlar" adını vermiş ve tek yumurta ikizleri hariç diğer insanlar arasında bu dizilerin farklılıklar gösterdiğini yapılan çalışmalarla kanıtlamışlardır. FBI (Federal Bureau of Investigation) bu sistemin otomasyonunu gerçekleştirerek rutin analizlerde kullanmanın yolunu açmıştır. Aynı zamanda popülasyon çalışmalarının yapılması ile de alel sıklıkları ve popülasyonların genetik bilgileri üzerine birçok bilgi edinilmesi sağlanmıştır.

Tüm bu gelişmelere rağmen analiz için olay yerinden yeterli DNA örneği içeren biyolojik örnekleri toplamak bu çalışmaları zorlaştırmaktaydı. Bu konu ile ilgili çalışmalar yapan Kary Mullis 1986 yılında ilk defa HLA-DQA1 lokusunu çoğaltmak için bir yöntem geliştirmiş ve bu yöntem 1987 yılında DNA'nın istenilen bölgesinin çoğaltılmasını sağlayan bir teknik olan polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) olarak tarihe geçmiştir (23). Denatüre edilen DNA ürünlerinin bir membrana sabitlenmesi ve boya kullanarak tespit edilmesi tekniğine

dayanan bu sistem ile olay yerinden tek bir DNA örneği bile elde edilse milyonlarca kopyası oluşturulabilmekte aynı zamanda DNA üzerinde çalışılması istenilen bölgenin çoğaltımı sağlanabilmektedir. Rutin kimliklendirmede HLA-DQA1 analizlerine ilerleyen yıllarda farklı lokuslar eklenmiş ve 6 lokuslu bir kimliklendirme sistemi kurulmuştur. PCR sayesinde sadece adli genetik kimliklendirmede değil aynı zamanda insan genom projesinde, tarımda, evrim çalışmalarında, genetik hastalıkların teşhisinde ve insan DNA'sının dizin analizi ile haritalanmasında gelişmeler kaydedilmiştir.

2.2. Popülasyon Genetiği

Aynı türe ait olan ve aynı coğrafyada yaşamakta olan kendi aralarında eşleşebilen bireyler popülasyonu oluşturmaktadır. Popülasyon genetiği popülasyon içerisindeki oluşan farklı ve benzer bireyleri, bu farklılık ve benzerliklerin oluşum nedeni, alel frekansları ve dağılımları üzerine çalışmalar yapan bilim dalıdır (24).

Popülasyon genetiğinin temel amaçlarından birisi çeşitliliğin düzeyini belirlemektir. Bu durumun belirlenmesi evrim sürecinde geçirdiği değişimi belirleme ve ileride popülasyonun karşılaşabileceği zorluklara adapte olup olamayacağı konusunda bilgi sağlayabilmektedir. Araştırmacılar popülasyonlar hakkında bilgi edinmek için DNA ve protein çeşitliliğini incelemekte ve bunları matematiksel sistemler şeklinde ortaya koyarak yorumlamaktadırlar.

Kavram olarak ele aldığımızda gen havuzunda yumurta ve sperm haplotipidir ve tek lokus içerirler. Seçilen bir alelin bu havuzda yer alması olasılığı o alelin frekansını oluşturur. Popülasyon çalışmaları yapılırken konu olan canlı türü ile alakalı olarak bir lokus için popülasyona baktığımızda farklı genotipler gözlemlememiz mümkündür. Belli bir genotipe sahip olanlar popülasyon içinde o genotipin frekansını oluşturur. Uzun yıllar ve nesiller boyu oluşan değişiklikler ile de bir gen havuzu oluşmaktadır. Bu havuz da gelecek nesillerin oluşmasında eşleşip üreyebilen tüm bireylerin genotiplerini içermektedir.

Adli açıdan bakıldığında ise bu çeşitliliğin bilinmesi demek kimliklendirme araştırmalarında biyolojik örneğin hangi popülasyona ait olduğunu öğrenmek ve o popülasyonun frekanslarını kullanarak doğru sonuçlar almamız demektir. Örnek verecek olursak olay yerinde bulunan bir DNA örneği şüpheli DNA'sı ile eşleşirse bu profilin hangi popülasyonda hangi oranda görüldüğü üzerine bilgi edinmemiz mümkün olmaktadır. Bu sayede örneğin Avrupa kökenli olma olasılığının Asya, Afrika ya da Amerika'da bir alt popülasyonda n olma olasılığından daha fazla ya da daha az olduğu tespit edilebilmektedir.

Bir örnek daha verecek olursak olay yerinde bulunan DNA profili eşleşme gösterdikten sonra bu DNA'da bulaş olma ihtimali, farklı kişilerden birkaç DNA örneği olma olasılığı da mevcuttur. Bunun için de yine veri tabanları kullanarak rastgele eşleşme olasılığı (Random Match Probability) ve benzerlik oranı (Likelihood Ratio) gibi temeli alel frekansına dayanan istatistik hesaplamalar yapılmaktadır (25). Alel frekansları popülasyonun çeşitliliğin sayısal ifadesi olarak gösterilebilir. Bu frekansta zaman içerisindeki meydana gelen değişiklikler; mutasyonlar ve genetik kayma gibi etkileri göstermek için de kullanılabilir.

Alel frekansı popülasyonda alelin gözlenme sayısının genetik lokustaki incelenen toplam alel kopya sayısına bölünmesiyle elde edilmektedir. Bu bilgileri edinmek ve alel frekanslarının güvenilir olabilmesi için geniş bir popülasyonda en az 100 kişinin profili çalışmalıdır (26). Bu sayıyı ne kadar arttırsak sonuçların güvenilirliği de aynı oranda artış gösterir ve popülasyon içinde nadir görülen alel frekansları da hesaplanabilir. Özellikle tarih boyunca farklı milletlere ev sahipliği yapmış, göç yolları üzerinde bulunmuş, çevre popülasyonlar ile iletişim halinde olan ülkemiz için bu sayının olabildiğince fazla olması edineceğimiz bilginin önemini de arttırmaktadır.

2.2.1. Polimorfizm Kavramı ve Genetik İşaretler

Mutasyon ile oluşmuş genin çeşitleri alel olarak adlandırılmaktadır (27). Genin içerdiği aleller iki veya daha fazla ise bu genin polimorfik olduğu anlamına gelir. Popülasyonda polimorfizm varlığı genetik yapıda oluşan farklılıkların, birbirinden farklı fenotiplerin yani lokuslar üzerinde birden fazla alelin varlığına işaret eder. Oluşan bir mutasyonun polimorfizm olarak adlandırılması sonraki nesillere aktarılmasına ve incelenen popülasyondaki frekansının %1'den büyük olmasına bağlıdır. Kişiden kişiye farklılık gösteren bu DNA bölgelerinin analizlerine ise "DNA parmak izi analizi" denir ve insanların kimliklendirmesi için bu polimorfizmlerin tespiti önemlidir (28). Genetik çeşitliliğin yüksek olması, kromozomlarda meydana gelen anomaliler veya tek nükleotidde meydana gelen değişimler bilimsel araştırmalar için büyük önem taşımaktadır.

Tüm genom analiz projeleri insan genomunun %2'ye yakın bir kısmının kodlama yapan bölgelerden oluştuğunu tespit etmiştir (29). Kodlama yapmayan yaklaşık %98'lik kısımda geçmişten günümüze yaşam şartlarına uyum sağlamak için protein sentezinde rol alan genler gibi doğal bir seleksiyon varlığı bulunmamaktadır. Kodlama yapmayan kısımda oluşan bu polimorfizmler adli bilimlerde kullanılmaya elverişlidir. Bu farklılıklar adli bilimler alanında olay yerinde bulunan biyolojik örneklerin olayın çözülmesinde en büyük yardımcıları olmasını

sağlamıştır. Genetik işaretler canlılığın varoluşundan günümüze kadar geçen zamandaki değişkenlerin değerlendirilmesi ile kökenimizi aydınlatmak, ırkların tespitine yardımcı olmak ve göç yollarını tespit etmek için de kullanılmış ve halen kullanılmaktadır.

İnsanlarda DNA diziliminde yaklaşık olarak her 500 baz çiftinde bir polimorfizm görülmektedir (30). %2'lik kısımda yer alan ve kodlama yapan bölgelerde gerçekleşen polimorfizmlerin bazıları fenotipte de etkisini gösterdiğinden genetik hastalıkların tayininde kullanılmaya uygundur.

Protein polimorfizmleri yani kodlayan bölgelerde oluşan polimorfizmlerin tespiti PCR'ın kullanımına başlanmasından sonra genetik çeşitliliğin araştırılması proteinlerin en küçük yapı birimleri olan polipeptitlere kadar gelmiştir. Genin protein kodlaması yapan kısmındaki bir kod değişikliği translasyon ile polipeptit ve üretilen aminoasitin farklılaşmasıyla kendisini gen ifadesinde gösterir. Bu farklılaşmayı tespit etmek için farklılaşma yaşamamış sağlıklı bir örnek ile karşılaştırma yapmak mümkündür. Sağlık alanında kişilerin genetik olarak hastalıklara yatkın olup olmadıkları ya da bazı hastalıklarda vücudun alınan ilaca göstereceği tepkinin DNA incelemeleri ile önceden belirlenmesi ile ilgili birçok çalışma bulunmaktadır. Kısacası polimorfizm; popülasyon çalışmalarında, göç haritalarını belirlemede, hastalıkların genetik tanısında, biyolojik örneklerden kimliklendirmede, nesep tayini gibi birçok alanda kullanılmaktadır.

2.2.2. Tek Nükleotid Polimorfizmleri (Single Nucleotide Polymorphisms, SNP)

Tek nükleotid polimorfizmleri adından da anlaşılacağı üzere A, T, G, C bazlarında meydana gelen değişime verilen isimdir (30). SNP'ler genomda intron ve ekzon bölgelerinde bulunabilirler. Adli amaçlı kimliklendirmede ve evrim çalışmalarındaki kullanımlarda genellikle genomda kodlama özelliği bulunmayan noktalardaki SNP'ler tercih edilir (31,32). Kodlama yapan bölgelerdeki SNP'ler daha çok hastalıkların tanımlanması ve tedavisinde önem taşır. Bu baz değişikliklerinden transisyon genom üzerinde dizi içerisindeki bir pürin bazı olan A veya G'nin diğer bir pürin bazına ya da bir pirimidin bazı olan T veya C'nin diğer bir pirimidin bazına dönüşmesidir. Pürin bazlarından birinin pirimidin bazlarından birine dönüşmesine ise transversiyon adı verilir.

DNA dizisi üzerinde bir nükleotidin diziden çıkması delesyon olarak adlandırılır ve kodlama yapan bir bölgede görülmesi aminoasitleri dolayısıyla proteini ve proteinin işlev gördüğü bölgede fonksiyonların hasar görmesine yol açabilmektedir (33). Benzer şekilde DNA dizisine bir nükleotidin eklenmesi ise insersiyon olarak adlandırılır.

SNP'lerin adli amaçlı kullanımlarında STR'lere oranla daha avantajlı olduğu noktalardan birisi bozulmuş DNA örneklerinde dahi çalışmaya olanak vermesidir. STR incelemelerinde birçok nükleotid dizisi kullanılmakta iken SNP analizleri için tek nükleotid yeterlidir. Ayrıca mutasyon oranı STR'lere kıyasla çok daha düşüktür. Ancak bu tanımlamaları yapabilmek için 15 STR lokusunun sağladığı ayırım gücüne karşılık gelen güvenilirliği sağlayabilmek için gerekli SNP miktarı 45 ile 60 arasındadır (34). Bu da otomasyonda ve çoklu SNP çalışmalarında zorluklara neden olmaktadır.

2.2.3. Kodlamayan Bölgelerdeki Polimorfizm (Tekrar Dizileri)

Belli ardışık tekrarlar ile genom üzerinde bir ya da daha fazla bölgede meydana gelen diziler satelit DNA olarak adlandırılırlar (35). Bu yapılar kendi aralarında genomda bulunduğu yere, toplam uzunluğuna ya da tekrar sayılarına göre farklılıklar göstermektedir. Tablo 1'de tekrar uzunluklarına göre sınıflandırılması verilmiştir (36).

Tablo 1. Tekrar dizilerinin uzunluklarına göre tanımlanması

DNA	Tanım	Uzunluk
Satellite DNA	Uzun tekrara sahip DNA bölgeleri	< 1000
Minisatellite DNA	Orta tekrara sahip DNA bölgeleri	10-100
Mikrosatellite DNA	Kısa tekrara sahip DNA bölgeleri	2-6

Minisatellit DNA dizileri değişken sayıda tekrarlar barındıran diziler olup variable number tandem repeats (VNTR) olarak da adlandırılmaktadır. VNTR sistemlerinde bireyler arası farklılıklar gösteren uzunluk ve tekrar açısından diğerlerinden ayırt etmesi kolay olan aleller kullanılmaktadır.

RFLP tekniği PCR'ın keşfinden önce adli bilimlerde sık kullanılan bir yöntemdir. RFLP tekniğinde izole edilen DNA bakteri enzimleri ile kesilerek parçalar haline getirilir ve radyoaktif boyalar ile işaretlenerek inceleme yapılır (37). Lokus uzunlukları 1190 ile 7650 baz çifti arasındadır ve 8-80 baz çiftinin defalarca kez tekrarlarından oluşan VNTR'ler için bunun bazı dezavantajları bulunmaktadır. Radyoaktif madde içermesi, parçaların fazla olması, fazla iş gücü gerektirmesinin yanı sıra enzimler DNA'yı hep aynı yerden kesse de oluşan mutasyonlar sonucu kesim bölgeleri bulunamayabilir. VNTR lokusları PCR sistemi ile çoğaltılmak istendiğinde ise baz tekrarlarının çok olması sebebiyle degrede örneklerde net sonuçlar alınamamıştır. Bu lokusların degrede olmaması DNA gerektirmesi, istatistiki verilerin analizinin

zorluğu, otomasyon ve multipleks sisteme de uygun olmaması VNTR lokuslarını ilerleyen teknolojik keşifler ile yerini daha küçük tekrar eden ve otomasyona uygun olan STR sistemlerine bırakmıştır.

Mikrosatellit dizileri ise 2-6 baz çiftinin tekrarından oluşan dizilerdir ve tüm genoma dağılmış halde bulunmaktadır (38). Bu baz dizileri 100-500 baz çifti uzunluğunda olup anne-babalık testleri, akrabalık belirlenmesi ve kromozom bağlantılarının tespiti için analiz çalışmalarında sıklıkla tercih edilmektedirler.

2.2.4. STR Sistemleri

Adli bilimlerde kişiden kişiye farklı tekrar göstermesi sebebiyle kimliklendirmeye olanak tanıyan, küçük boyutlu yapıları ile degrede olmasının ve olay yerinde enzimlerce kesilme olasılığının daha düşük olması ile güvenilirliği yüksek olan yapılardır.

Tekrar eden bazlar üzerinde gelişen farklı mutasyonlar olduğundan kendi arasında 3 değişik yapıda gözlemlenebilirler. Tekrarlar üzerindeki baz sayıları ve dizilim sırası aynı olanlar basit STR'ler, birden fazla tekrarlayan grubu içeren ve baz dizilim sıraları farklı olan yapıdakiler ise bileşik STR'ler, hem baz dizilimi hem de baz sayısı farklı olup birkaç tekrar parçası halinde genom üzerinde bulunanlar ise kompleks STR'ler olarak adlandırılırlar (39). Tablo 2'de tekrar yapılarına göre sınıflandırılan STR'ler örnekler ile verilmiştir (40).

Tablo 2. Tekrar yapılarına göre STR'ler

Tekrar yapısı	Tekrar örneği	STR örneği
Basit tekrar	(GCCA)(GCCA)(GCCA)	TPOX, CSF1PO, D5S818, D13S317, D16S539
Basit tekrar (eksik bazlı)	(GCCA)(GCC-)(GCCA)	TH01, D18S51, D7S820
Bileşik tekrar	(GCCA)(GCCA)(GCTA)	VWA, FGA, D3S1358, D8S1179
Kompleks tekrar	(GCCA)(GCTA)(CA)(CACA)	D21S11

2.2.4.1. STR İşaretçilerinin Adlandırılması

Günümüzde dünya çapında adli bilimlerde identifikasyon için en yaygın kullanılan rutin sistem STR sistemleri olduğu için isimleri de her ülkede standardize edilmiştir. Bu lokusların adlandırılması genellikle tekrar sayılarına göre olmaktadır. ISFG (International Society for Forensic Genetics), tarafından tavsiye edilip halen işlevsel durumdaki D#-S# sistemi ile yeni keşfedilen STR'lar adlandırılmaktadır (41). Bu isimlendirme sayesinde global bir veritabanı

oluşturmak, verileri karşılaştırmak farklı laboratuvarlar arasında tekrarlanabilirlik sağlamak çok daha kolay olmaktadır. Bu sistematik yöntemde ilk olarak DNA'yı temsilen D harfi daha sonraki rakam adlandırdığımız lokusun kaçınıcı kromozom üzerinde yer adlığını, üçüncü basamaktaki S harfi DNA dizisinde tek (single) olduğunu ifade ederken son rakam ise kimlik numarası gibi kromozomdaki diğer STR'lerden ayırmak için verilmiştir. Tekrar dizileri için protein kodlaması yapıyorsa kodlama yapan protein zincir adı kullanılır ve okumalar her zaman 3' - 5' yönünde yapılmaktadır (42).

Örnek verecek olursak Y kromozomunun bir zincirinde bulunmakta olan 391'inci kısmın isimlendirmesi DYS391 şeklinde yapılmaktadır (43). İnsanda tiroid peroksidaz gen kodlamasını yapan (Human Thyroid Peroxidase) dizi için bu işlevi yapan enzimin ismi TPOX şeklinde kısaltılarak kullanılmaktadır. Bir STR lokusu ardışık olarak tekrarlayan kaç parçaya sahipse o sayıyla anılır. THO1 STR lokusu dörder bazlık tekrar ünitelerinden oluşur. 9 tekrar ünitesi olan THO1 alel 9 olarak adlandırılır. Ancak 10 adet tekrar içeren alelde 7. tekrar ünitesinde bir adet baz eksiktir. Bu yüzden 9.3 olarak isimlendirilmiştir. İfade ediliş şekli şu şekildedir;

THO1:[AATG][AATG][AATG][AATG][AATG][AATG][AATG][AATG][AATG]= alel 9
THO1: [AATG]6-ATG-[AATG]3= alel9.3

STR tekrar dizileri, tekrar biriminin uzunluğuna göre adlandırılır. STR lokusları, tekrar biriminin uzunluğunda ve tekrarların sayısında ve tekrar modelinde değişiklik gösterir. Tekrar uzunluklarına göre isimlendirmeleri tablo 3'te verilmiştir (44).

Tablo 3. STR'lerin tekrar uzunluklarına göre isimlendirilmesi

Tekrar uzunluğu	Örnek
Dinucleotide	(CA) (CA) (CA) (CA)
Trinucleotide	(GCC) (GCC) (GCC)
Tetranucleotide	(ACTG) (ACTG) (ACTG)

DNA analiz yöntemlerinden ASO (Allel Spesific Oligonucleotid-Reverse Dot-Blot Analizi), RFLP, SNP, VNTR ve STR sistemlerinin uygulama açısından karşılaştırması tablo 4'te verilmiştir.

Tablo 4. DNA analizinde kullanılan yöntemlerin karşılaştırılması

	Avantajları	Dezavantajları
ASO	Amplifikasyon süresinin STR'lar ile aynı olması	Ayrım gücünün RFLP'ye nazaran düşük olması
RFLP	Ayrım gücünün multi lokus kullanıldığında çok yüksek olması Etkili ve güvenilir sonuçlar vermesi Dizinin özgün bilgisine ihtiyaç duyulmaması	Analizin zorlayıcı olması ve süresinin uzunluğu Radyoaktif madde ihtiyacı Sonuçları değerlendirmenin güç olması Fazla miktarda DNA'ya ihtiyaç duyması Aralarında ilişki olmayan türlerde çapraz reaksiyonlar görülmesi
SNP	Düşük mutasyon oranına sahip olması Genomda STR'lerden daha sık bulunması Boyutlarının küçük olması ile yüksek derecede bozunmuş örneklerde sonuç alınabilmesi	Tek bir SNP'nin ayrım gücünün düşük olması nedeniyle ayrım gücünün yüksek olması için 13-15 STR'ye karşılık 50-60'a yakın SNP kullanılması gerekmesi Karışık örneklerde kimliklendirmenin zor olması STR ile ilgili veri bankasının oluşturulmuş olması ve daha önce çalışılan örneklerin SNP ile tekrar çalışılarak SNP veri bankasının oluşturulmaması
STR	Bozunmuş ve az miktarda bulunan biyolojik örneklerde sonuç alınabilmesi, Ayrım gücünün yüksek olması Rutin analizlerde hızlı sonuç alınabilmesi Karışık örneklerde sonuç alınabilmesi Gonozomal lokuslarda (X-STR, Y-STR) kullanılabilmesi	Artefakt oluşumu sonrası yorumlamanın zor olması
VNTR	Yüksek mutasyon hızı göstermesi Ayırt etme gücünün yüksek olması	Otomasyonun zor, analiz süresinin uzun olması Karışım örneklerinde analiz ve yorumlamanın zor olması Fazla miktarda DNA gerekliliği Tekrar bölgelerinin STR'lere göre daha uzun olması

2.3. DNA Veritabanları

Adli bilimlerde tüm insanlar için identifikasyon imkanı sağlayan STR sistemi için standartlar getirildiği gibi veri bankaları da kurulmuştur. Bunlardan en önemlisi Amerika'da kurulan birleşik DNA indeks sistemi yani Combined DNA Index System (CODIS)'tir (45). Aynı gen bölgelerinde yapılan farklı laboratuvarlardaki çalışmalar ile ilk olarak 13 STR lokusu FBI tarafından belirlenerek oluşturulmuş ve bir standardizasyon sağlanmıştır. Bu lokuslar; D21S11, D18S51, D3S1358, VWA, FGA, D8S11179, D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, CSF1PO ve TH01'dir.

Eyaletler arasında bilgi alışverişi ile ulusal veri tabanında toplanan DNA verileri, adli olaylarda olay yerinden toplanan örneklerin karşılaştırılması ile olayların çözümüne büyük katkı sağlamaktadır (46). Dolayısıyla birçok adli olaya karışmış kişilerin ya da olay yerinde bulunan kime ait olduğu bilinmeyen profillerin veri tabanına aktarılmasıyla hem geniş bir veri tabanı oluşturulmakta hem de suçluların farklı bölgelere gittiklerinde tespit edilebilmelerine olanak tanınmaktadır. 1 Ocak 2017'den itibaren FBI Ulusal DNA İndeks Sistemine (NDIS) 7 STR lokusu eklenmiştir (47). Bu ek STR lokusları D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433 ve D22S1045'tir.

Benzer şekilde Avrupa'da da veri tabanları oluşturulmuştur (48,49). 2005 yılında Belçika, Almanya, İspanya, Fransa, Lüksemburg, Hollanda ve Avusturya arasında özellikle terörizm, sınır ötesi suç ve yasadışı göçle mücadelede sınır ötesi işbirliğini artırmak için bir anlaşma imzalanmıştır. Bunun akabinde 2006 yılında, Avrupa Adli Bilim Enstitüleri Ağı-European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI) DNA çalışma grubu ve Avrupa DNA European DNA Profiling (EDNAP) grubu, Avrupa çapında DNA veritabanlarının ilerlemesinde bir standart oluşturmak amacıyla bir bildiri yayınlamıştır. Bu tarihlerde STR sistemlerinde yaygın olarak kullanılan karşılaştırmaya uygun 7 ortak STR lokusu bulunmaktaydı. Bunlar D3S1358, vWA, D8S1179, D21S11, D18S51, HUMTH01 ve FGA'dır. Ülkeler dünya çapında geçerli bir sistem kurmak ve şüpheye yer bırakmamak için belirlenen sisteme daha fazla STR lokusu eklenmesini öngörerek 5 STR lokusu daha eklemişlerdir.

Bu lokuslar D10S1248, D12S391, D22S1045, D1S1656 ve D2S441'dir ve yeni Avrupa Standart Seti (European Standard Set, ESS) lokusları olarak 2009'da AB Konseyi tavsiyesi ile kabul edilmiştir (50). ESS'ye yeni lokusların eklenmesi, ülkeler arasında DNA veri alışverişi ile suçluların tespiti sırasında yanlış pozitif eşleşme şansını azaltır - özellikle de grede örneklerde yani eksik profiller olduğunda, lokus sayısının fazla olması ayırım gücünün artması

için önemlidir. Farklı ülkelerce standart kullanılan lokuslar aşağıda görülmektedir (48, 49, 50, 51, 52) :

Avrupa Standart Set(ESS): FGA, TH01, VWA, D1S1656, D2S441, D3S1358, D8S1179, D10S1248, D12S391, D18S51, D21S11, D22S1045

Ek lokuslar (Avrupa STR kitlerinin ek bölümü): D2S1338, D16S539, D19S433, SE33, Amelogenin

İngiltere ana lokusları (SGM Plus kit): FGA, TH01, VWA, D2S1338, D3S1358, D8S1179, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, Amelogenin, DNA17(2014 haziran sonrası)

Alman ana lokusları: FGA, TH01, SE33, VWA, D3S1358, D8S1179, D18S51, D21S11, Amelogenin

Interpol Standart Seti: FGA, TH01, VWA, D3S1358, D8S1179, D18S51, D21S11, Amelogenin

2.4. Adli Genetikte Kullanılan İstatistiksel Kavramlar

Allel frekans hesapları yapıldıktan sonra elde edilen verileri kullanarak birçok farklı parametre analizi yapılabilmektedir. Adli amaçlı kimliklendirme çalışmalarında sıklıkla kullanılan bu parametreler olgu hakkında bilgi edinmemize olanak tanır. Bu parametrelerden ilki popülasyon içerisinde rastgele seçilmiş iki kişinin farklı genotip gösterme olasılığını gösteren ayrım gücüdür (Power Of Discrimination, PD). Diğer tam tersi olarak popülasyondan rastgele seçilen iki kişinin eşleşme olasılığını gösteren değer eşleşme olasılığıdır (Probability Of Match, PM). Bir başka parametre ise seçilen bir lokusun içerdiği bilgi çeşitliliği oranını gösteren polimorfik bilgi içeriğidir (Polymorphism Information Content, PIC). Bunlara ek olarak popülasyondan rastgele seçilen tek bir bireyin kendinden farklı olanlara olan oranını temsil eden dışlama gücü ve (Power Of Exclusion, PE) babalık tayinlerinde kullanılan tipik babalık endeksi (Typical Paternity Index, TPI) de bu parametrelerden olup tamamının formülleri tablo 5'te verilmiştir (53).

Tablo 5. Adli istatistik parametrelerin formülleri

PE Power Of Exclusion	$PE = h^2 \cdot (1 - 2 \cdot h \cdot H^2)$
PM Power Of Discrimination	$PM = \sum_i G_i^2$
PD Probability Of Match	$PD = 1 - PM$
PIC Polymorphism Information Content	$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2p_i^2 p_j^2$
TPI Typical Paternity Index	$PI = 1/2H$

2.4.1. Hardy Weinberg Eşitliği

İngiliz bir matematikçi olan G.H. Hardy ve Alman bir fizikçi olan W. Weinberg tarafından birbirlerine yakın zamanlarda 1908 yılında popülasyon hesaplamalarında kullanılmak üzere geliştirdikleri formüle Hardy Weinberg eşitliği denilmiştir (54). Temel prensip olarak beklenen genotiplerin sıklığını öğrenmek üzere popülasyonda var olan alel sıklıklarını kullanmaya dayanan bu formül popülasyon genetiği hesaplamalarının temel basamağını oluşturmaktadır. Rastgele seçilmiş çiftleşmeler ile dış etkilerin varlığından bağımsız olarak alel sıklıklarının popülasyon içi değişimini $(p + q) = 1$ ve $(p + q)^2 = 1$ formülleri ile açıklamışlardır.

Burada X ve x olarak iki alelin varlığından bahsettiğimiz bir durumda p harfi X alelinin frekansını q ise x alelinin frekansını temsil etmektedir. P^2 ise homozigot bir bireyde XX genotipinin frekansını ve q^2 homozigot xx genotipinin frekansını ve son olarak $2pq$ ise heterozigot Xx genotipinin frekansını göstermektedir (55). Bu formülde görüldüğü üzere frekansın 1'e eşit olması gerekmektedir. Frekansı bilinen iki alel için heterozigotluk durumundaki frekansları bu formül ile hesaplanabilir. Ayrıca beklenen heterozigotluk durumu ile gözlenen heterozigotluk durumu da bu formül sayesinde karşılaştırılabilir.

Hardy Weinberg prensibi iki ve daha fazla alel içeren lokuslara uygulanabilir (54,56). Bu şekilde beklenen genotip frekanslarını hesaplamak için Z kadar alel için multinom açılım ile formül verilir; $(p_1 + p_2 + p_3 + \dots + p_z)^2$.

Beklenen ve gözlenen genotiplerin frekanslarını hesaplama yaptıktan sonra Hardy Weinberg dengesini hesaplamak için aşağıdaki formül ile Ki-kare testi yapılmaktadır (54,56).

$$X^2 = \sum (G-B)^2 / B$$

Hobs=G= gözlenen heterozigotluk frekansı

Hhet=B= beklenen heterozigotluk frekansı

Ki-kare hesaplamasından sonra p (probability value) değeri ile karşılaştırma yapılır. $P \leq 0.05$ ise popülasyonda denge olmadığı dile getirilir. Aksi durumda $P \geq 0.05$ ise görülen sapmanın istatistiksel olarak anlamlı olmadığı ve popülasyonun dengede olduğu belirtilir.

Çiftleşmelerin rastgele olması, popülasyonu etkileyen mutasyon ya da göçlerin olmaması, aleller arası seleksiyon veya cinsiyet farkı bulunmaması, popülasyonun sonsuz sayılabilecek büyüklükte olması bu formülün geçerli olması için gerekli varsayımlardır. Çoklu alelik lokuslarının bulunması, popülasyonda farklı bir alelin ortaya çıkması ya da analizde yapılan hatalar haricinde Hardy-Weinberg dengesinin sabit olduğu ve alel sıklıklarının nesilden nesile aktarılırken değişmediği kabul edilir (54).

Ancak popülasyonlarda mutasyonların oluşması yüksek olasılıklı bir durumdur (57). Mutasyon popülasyon içinde avantaj yaratıyorsa devamlılığı olur, zararlı ise canlının ortadan kaybolmasına yol açacağı için her iki şekilde de mutasyon gen havuzunu değiştirmektedir. Üreme ya da yaşama süresine etki eden bir mutasyon ile hastalığın oluşması kişinin genlerini aktarmasına ve yaşamasına da izin vermeyerek onu seleksiyona uğratmaktadır. Dolayısıyla mutasyon ve bunun sonucunda oluşacak seleksiyonlar gen havuzuna doğrudan etki etmektedir. Bu etkilerden birisi de göç etkisidir. Popülasyona dışarıdan bir topluluğun dahil olması ya da popülasyon içerisindeki bir grubun göç etmesi gen frekanslarına doğrudan etki eden faktörlerden biridir.

Bazı toplumlarda dışarıdan evlilik yapmanın yasak olması ya da doğal çevre şartları ile izole bir yaşam alanında yaşamaları gibi durumlar da bu dengeyi etkilemektedir (58). Bu durumlarda da popülasyonlar arası gen akışı olmayacağı gibi kendi içlerinde geçirecekleri seleksiyonlar ve mutasyonlar ile birbirlerinden farklılaşabilmektedirler. Bu durum eş seçimi

olarak adlandırılmaktadır. İzole bir toplumda ya da toplum dışı evlenmenin yasak olduğu gruplarda zaman içerisinde heterozigot bireyler azaldığı homozigot bireylerin arttığı görülür.

Gen sıklıklarının bazılarının popülasyon içerisinde bağımsız olarak rastgele artışları ya da azalmaları genetik kayma olarak adlandırılmaktadır (59). Bu durum mutasyonlar sonucu da oluşabilmektedir. Genelde küçük popülasyonlarda görülen bu durumun etkisi popülasyon büyüklüğü arttıkça azalmaktadır. Eğer büyük bir popülasyondan ayrılan küçük bir alt popülasyonda az görülen bir alel de bulunuyorsa bu alelin frekansı diğer popülasyona göre yüksek olacaktır. Bu durumun adına “founder etkisi” denilmektedir (60).

Sadece göçler ve mutasyonlar değil doğal felaketler de popülasyonları ve frekanslarını doğrudan etkileyebilmektedir. Deprem, sel, pandemi veya başka bir nedenle kitlesel ölümlerin yaşandığı olaylarda herhangi bir duruma bağlı olmaksızın aleller kaybolabilmekte ve bu durum genetik çeşitliliğin azalmasına ya da popülasyona zarar verebilecek alellerin artmasına neden olabilmektedir. Bu duruma da “popülasyon darboğazı” denilmektedir (61).

2.4.2. Temel Bileşen Analizi (Principal Component Analysis, PCA)

Bu analiz yöntemi popülasyonun alt kümelerinde oluşabilecek olası kümelenmelerin saptanması amacıyla kullanılabilmektedir. İstatiksel olarak farklı ve çok miktarda değişkenin bulunduğu verileri temsil eden farklı noktaları belli bir koordinat düzleminde temsil etmesiyle oluşan bir yapılanmadır. Biyolojik türlerde sınıflandırma amacıyla rahatlıkla kullanılabilmektedir.

Otozomal STR verileri temel bileşen analiz yöntemi ile incelediğinde belli bir popülasyonda yapılan çalışmalarda homojenik dağılımlar gözlenmesi beklenir. Yani tek bir popülasyon için otozomal STR çalışması yapılıyorsa sonuç olarak tek küme verisi elde etmemiz beklenmektedir (62). Bu analiz yöntemi yapılan çalışmanın doğruluğunu ispat etmek için de kullanışlı bir araçtır. Eğer yaptığımız çalışmada homojen bir dağılım görünmüyorsa farklı noktalarda bulunan verilerin elektroforegramları tekrar kontrol edilebilir. Eğer burada da bir hata gözlenmiyorsa bu durumun göç olaylarından kaynaklandığını gösterebilmektedir.

Bu yöntem haploid popülasyon verileri analizi için de kullanılabilmektedir. Örneğin X-STR yöntemi ile çalışılan bir haplogrubun yanı sıra analitik düzlemde farklı gruplaşmalar görülebilir. Bu da kabaca bir tahmin yürütmemize, ilgili bölgede SNP çalışmamıza ve primer seçmemize yardımcı olabilmektedir (63).

2.4.3. AMOVA (Moleküler Varyans Analizi)

Moleküler Varyans Analizi (AMOVA), başlangıçta haplotip DNA analizleri için tasarlanırsa da herhangi bir moleküler işaretleme ile de çalışabilmektedir (64). AMOVA doğrudan sekans verilerini kullanarak filogenetik ağaçların çizilmesine olanak tanır. Bunun yanı sıra popülasyonların arasındaki farklılaşmaları direkt olarak moleküler verileri kullanarak tahmin etmemize yarayan bir yöntemdir.

Genler arasındaki gen frekanslarının karşılaştırılmasına dayanan bu hesaplama yöntemi sadece moleküler belirteçlerin sıklığını ortaya çıkarmakla kalmaz, aynı zamanda bize farklı genler arasındaki mutasyonel farklılıkların miktarı hakkında da bilgi vermektedir (65). Bu amaç doğrultusunda yıllardır kullanılmakta olan Mendel gen frekansları yerine moleküler dizilerin analiz edilerek arasındaki farklılıkları gözlemlemek ve popülasyon farklılaşmasını tahmin etmek daha bilgilendirici olmaktadır.

2.4.4. Fiksasyon İndeksi ve F istatistiği

Sewall Wright tarafından tasarlanan genetik yapı hakkında bilgi edinmemizi sağlayan bir istatistik hesaplama yöntemidir (66). Popülasyon genetiği hesaplamalarında beklenen heterozigotluğu bulmak ve popülasyonlar arasındaki farklılaşmayı ölçmek için kullanılmaktadır. Fst ifadesinde alt popülasyonları “s” harfi, karşılaştırılan toplam popülasyonu ise “t” harfi temsil eder.

Fst, incelenen popülasyondaki toplam genetik varyansın alt popülasyondaki toplam çeşitliliğe oranı ile hesaplanır ve 0 ile 1 arasında değişim gösterir (66). Fst değerinin düşük olması incelenen popülasyonlar arasında önemli bir farklılaşma olmadığını göstermektedir. Fst değeri 0.05 - 0.15 arasında ise orta düzeyde, 0.15 - 0.25 arasında ise büyük düzeyde, 0.25 üzerinde değerler hesaplanıyorsa genetik farklılaşmanın yüksek düzeyde olduğu söylenebilir. Göç, doğal seleksiyon gibi etmenler bu değere etki etmektedir. Hs alt popülasyondaki beklenen heterozigotluk ortalaması, Ht toplam popülasyonun heterozigotluk ortalaması olmak üzere Fst hesaplanması için gerekli formül; $1 - Hs/Ht$ şeklinde hesaplanmaktadır.

2.4.5. Bağlantı Dengesizliği (Linkage Disequilibrium)

Bağlantı Dengesizliği genel olarak lokuslar arasındaki uzaklık ile ilişkilidir. Aynı kromozomdaki ya da farklı bir kromozomdaki alellerin bağlantılı olmaları olarak tanımlanabilir (67). Bağlantı dengesizliği Hardy Weinberg eşitliğinden bağımsızdır. Kromozom üzerindeki

birden fazla lokus üzerinde yer alan alellerin birbiriyle olan ilişkisine dayanır. Gözlenen ve beklenen alel sıklıkları bağlantı dengesizliği hakkında bize fikir vermektedir. Beklenen oranda görüntülenen alel çeşitliliği popülasyonda bağlantı dengesizliği meydana geldiğini gösterir. Dolayısıyla rekombinasyon, rastgele olmayan eş seçimleri, mutasyon oranları, genetik bağlantıların yanı sıra popülasyonun büyüklüğü de bağlantı dengesizliğinde rol oynamaktadır. Popülasyon içerisinde doğal seçim ile kendini göstermekte olan bir gen bölgesi bağlantılı olduğu kısımlar için de görülme olasılığını arttırmaktadır. Bu oluşum sayesinde genetik olarak eskiye dönük çalışmalar yapılabilmekte ve evrimleşme açısından genin günümüze kadar olan çeşitliliği hakkında bilgi edinilebilmektedir. Bu araştırmalarda bağlantı dengesizliğinin belirlenmesi ki-kare testi ile uygulanmaktadır. P değeri 0.05'ten düşük olduğu durumlarda incelenen lokuslar arasında bağlantı olduğu ve diğer nesle aktarımı olacağı kanısına varılır.

2.4.6. Uyumsuzluk Dağılım analizi

Çeşitliliği ölçme analizlerinden biri olarak kullanılmaktadır. Aleller arasında frekansların farklılaşmasının ölçülmesiyle incelenen popülasyonun daha önceki zamanlarda büyüklüğü hakkında bilgi edinmemizi sağlar (68). Dağılım ortalaması alınarak da çeşitlilik hakkında bilgi edinilebilmektedir. Göç olarak büyüyen ya da kendi içerisinde bir ivme ile büyüme aşamasında olan bir popülasyonda unimodal yani tek bir pik noktası bulunmaktadır. Birden fazla tepe noktası bulunan incelemelerde dengede ya da darboğaz pozisyonunda bir popülasyondan bahsetmek mümkündür.

RI (Raggedness index); düzensizlik endeksi olarak da adlandırabileceğimiz bu değer, p değeri ile ilişkili olarak bu dağılım analizinin anlamlılığının kontrolünde kullanılmaktadır. Daha düşük RI değerleri için düzgün dağılmış bir popülasyona işaretir.

SSD (Sum of square deviations) kare sapmaların toplam değeri olarak da adlandırılan bu değer; uyumsuzluk dağılım analizinin popülasyonun yayılma biçimi ile karşılaştırma işleminin gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri ile yapılmasıdır. Bu değer küçük olması gözlenen eğrinin beklenenden sapmasının düşük olduğunu gösterir.

Arlequin gibi bir istatistik programında ve ya manuel olarak hesaplanan SSD ve rg değerleri incelendiğinde rg'nin düşük olduğu SSD p değerinin 0.05'in üzerinde olması karşılaştırdığımız popülasyonların genişleme oranlarında benzerliklerin olduğunu göstermektedir (69).

Bu p değerlerini kullanarak elde edilen veriler, beklediğimiz ya da gözlediğimiz verilerin birbirlerine uyum sağlayıp sağlamadığını kontrol etmemiz için olanak tanır. Arlequin programında bu durum için ki-kare testi uygulanmaktadır. P değerinin 0.05'in üzerinde olduğu

durumlarda popülasyon dağılımının tek modlu olduğu varsayılır. Bu durum nüfusun farklı bir neden altında kalmadan artış göstermesine kanıttır.

Oluşan mutasyonların parametreleri de formülleştirilmiştir (69). Mitokondrial DNA mutasyonlarının da kullanıldığı formül ile mutasyonel zaman birimi olan T (Tau) kullanılarak popülasyonun yaşı da hesaplanabilmektedir.

2.5. Popülasyon Genetiği Hesaplamalarında Kullanılan İstatistik Programları

2.5.1. Arlequin

Basit bir anlatım ile kağıt üzerinde ya da Excel gibi programlar kullanılarak hesaplanan formüllerin yazılıma aktarılmasıyla oluşmuş bir istatistik programdır (69,70). Gensel veri analizlerinde yapılan çalışmalar incelendiğinde en sık kullanılan programlardan biri olduğu görülmektedir. F istatistiği, bağlantı dengesizliği, Hardy Weinberg testi, Amova ve Genotip dağılımları-frekanslarını hesaplamak için geliştirilmiş arayüzü ile işlem yapmaktadır. Polimorfik sitesayıları ve gen çeşitliliği, nükleotid çeşitliliği gibi birçok çeşitlilik endekslerini hesaplar. Mismatch Dağılımı yani haplotipler arasındaki ikili farkların sayısının dağılımı üzerinden demografik veya mekansal gelişme parametrelerini belirler. Farklı lokuslardaki alellerin rastgele olmayan ilişkilerini test eder. Diploid bireyler arasında alellerin rastgele olmayan bağlantılarını test eder. Kısa süre içerisinde gerçekleşmiş gensel sapmalar için FST tabanlı gensel mesafe analizi testidir. Panmixia hipotezi altında haplotiplerin rastgele olmayan dağılımlarını test eder. Tahmini alel frekansları ile popülasyonlarda bulunan bireylerin genotiplerini belirler. “hierarchical island” modeli ile FST ve heterozigotluğun ortak dağılımı incelenmesi ile seçilime uğrayan lokusları belirler.

2.5.2. GenAEx 6.05

GenAEx, Excel üzerine eklenti şeklinde kullanılabilen 2006 yılında yapılmış bir programdır (71). Verileri Excel içersine gömülü formüller ile hesaplayarak yine Excel programının grafik özelliklerini kullanarak dışa aktarım yapmaktadır.

2012 yılında yeni güncellemeleri ile geniş bir canlı yelpazesinde hayvanlardan, bitkilerden ve mikroorganizmalardan alınan diploid kodominant, haploid, haplotipik ve ikili genetik verilerin popülasyon genetik analizini yapabilmektedir (72). Mikro satallitler, tek nükleotid polimorfizmleri (SNP’ler), amplifiye fragman uzunluğu polimorfizmleri ve DNA dizileri dahil olmak üzere çok çeşitli genetik işaretçileri barındırır. Alel frekansına ve mesafeye dayalı analiz seçenekleri yapabilmektedir. Heterozigotluk ve genetik çeşitlilik, F istatistikleri,

Nei'nin genetik mesafesi ve akrabalık tahminlerini içerir. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA), Temel Koordinatlar Analizi (PCoA), Mantel testleri, 2D uzamsal oto korelasyonu grafikleri de çizilebilmektedir. Popülasyonlar arası F_{ST} , F'_{ST} , G'_{ST} , G'_{ST} , D_{est} analizleri ve ekoloji alanında kullanılan Shannon bilgi endeksleri (Shannon's information statistics) hesaplamaları da mevcuttur.

Dezavantajları olarak giriş dosyalarını hazırlaması zordur. Notepad uygulamasında analizlerde bozulmalar olmaktadır. Excel'in 2003 ve 2007 versiyonlarında uygulama tam olarak çalışmamaktadır. Windows'un da farklı sürümlerinde hata bildirimleri vermektedir.

2.5.3. GenePop

İlk versiyonu Raymond & Rousset tarafından 1995 yılında yapılan program kesin testleri hesaplamak için kullanılmak üzere tasarlanmıştır (73). Gelişen versiyonları ile Hardy-Weinberg dengesi, popülasyon farklılaşması genotipik dengesizlikleri için kesin testleri hesaplamaktadır.

4. versiyonu ile program tamamen yazılmıştır. Son versiyonu 4.7.5 olup Windows ve Linux ile çalışabilmektedir. Veri girişi diğer versiyonlarına göre daha kolaydır. Windows komut dosyaları “.bat” uzantıları ve komutlar ile çalışabilmektedir. Hardy Weinberg testi, bağlantı dengesizliği, popülasyon farklılaşması, N_m değerleri, F_{st} ve diğer uzaklık testleri de yeni versiyonlarında bulunmaktadır.

Dezavantajları diğer programlarda olduğu gibi giriş dosyalarının hazırlanma zorluğudur ve notepad programı ile yazılan “.bat” uzantılı bazı dosyalar komut sisteminde Windows ile uyumlu çalışmamaktadır.

2.5.4. PowerStats

Promega şirketi tarafından GenePop benzeri olarak Excel üzerinde eklenti şeklinde tasarlanmış bir programdır (74). Hardy weinberg dengesi, beklenen ve gözlenen heterozigotluk, ayırım gücü (power of discrimination), dışlama gücü (power of exclusion) ve alel frekansları hesaplamak için tasarlanmıştır.

En büyük dezavantajı herhangi bir güncelleme olmaması internette erişime açık sitesinden indirilememesi ve daha önce indirilen versiyonlarının analizleri çok uzun sürede tamamlaması ve analizin 50 alel ve 600 kişi ile sınırlı olup daha fazlası ile analiz yapılmasına izin vermemesidir. Ayrıca Powerstats'taki alel kutuları, açıkça belirtilmeyen bir durumda kısmi tekrarları otomatik olarak hesaba katmamakta ve yedi birimden küçük alel kutularını algılamamaktadır.

2.5.5. FORSTAT

FORSTAT, giriş dosyasında verileri üç basamaklı halde alarak STR'lerdeki eksik tekrarları hesaba katmak için tasarlanmıştır (75). Giriş dosyaları GENEPOP dosyası biçiminde veya bialelik lokuslar için iki basamaklı biçimde hazırlanmaktadır. FORSTAT, alele özgü homozigotluk, H_e , H_o , PIC ve adli parametreler PE, MP, DC ve PI'yi hesaplayabilmektedir.

Formüller Huston ve Butler'den alınan formüller kullanılarak Powerstats ile özdeş sonuçlar verecek şekilde kodlanmıştır. Ayrıca FORSTAT, Grafik olarak da verileri yorumlamaya açıktır. Alel frekans dağılımları, alel ısı haritaları ve popülasyonlar arası karşılaştırmalı ısı haritaları için grafik ile sonuç verebilmektedir.

Forstat programı Powerstat programının eksiklerini gidermek için kodlamaları ve formülleri benzer şekilde alarak yapılmıştır. Bu program, Powerstat programındaki 600 kişi, 50 alel, 7 birimden küçük alelleri algılamaması gibi sorunların üstesinden gelmiştir. Dezavantaj olarak yine giriş dosyalarının hazırlanmasında Windows ve notepad dosyalarında uyumsuzluk olması vardır. Diğer özellikler itibari ile önceki programlardan daha kapsamlı ve adli amaçlı kullanıma uygundur.

2.5.6. STRAF

Daha önce bahsettiğimiz programların hepsi istatistik verileri hesaplamaktadır. Ancak direkt olarak adli bilimler açısından verileri kontrol etmek için yeterli olsa da, yeterli tecrübeniz yoksa kullanım açısından giriş dosyaları hazırlanması zor ve zaman alıcıdır. Ayrıca bu programlar Forstat hariç genel olarak popülasyon genetiği ve evrimine odaklanmış programlardır.

Tüm bu sorunları fark ederek çözüm olarak 2017 yılında Alexandre Gouy ve Martin Zieger tarafından STR analizi yapmak üzere STRAF (Adli bilimler için STR analizi, STR Analysis for Forensics) adlı program yapılmıştır. Popülasyon verilerinizi yükledikten sonra tek tek tablo halinde inceleme imkanı sunmaktadır. Her lokus için alel frekansları hesabı, alel frekans tablosu, PIC, GD, PM, Hobs, H, PE, TPI değerlerini tek bir tablo halinde vermektedir. Heterozigotluk, bağlantı dengesizliği ve F istatistik için ayrıca bir tablo oluşturabilmektedir. Temel bileşen analizi (Principal Component Analysis, PCA), Nei'nin mesafesine dayalı Çok Boyutlu Ölçekleme (Multidimensional Scaling, MDS) için grafik oluşturabilmektedir. Birden fazla popülasyon verisi girişi yapıldığında İkili Fst Matrisini (Pairwise Fst Matrix) hesaplayabilmektedir (76).

Bu program online olarak kullanılabilmektedir. Yeni versiyonuna bu çalışmanın da katkısıyla popülasyon verilerinin kullanımı ile genetik ağaç çizimi eklenmiş bulunmaktadır.

Ayrıca bu çalışmada bahsedilen diğer programlarda insanların yaşadığı sıkıntılar üzerine 2.0.4 versiyonu için giriş dosyalarında yeni bir modül ile dosyanızda hangi alele ya da hangi veride hata varsa size bildirerek düzeltmenize olanak veren bir uygulama eklenmiştir. Bu sayede bu tarz programlarda en zor kısım olan veri girişleri daha kolay hale getirilmiştir. Benzer şekilde diğer programlar ile giriş verisini hazırlamak için uzun vakitler harcandığı için de kolaylık sağlaması yönünde bir dosya çevirici eklenmiş ve diğer programlar için hazırlanmış dosyaları Straf için uygun hale getirerek analiz yapmaları mümkün kılınmıştır.

Bu programın şu an için bir eksiği genetik ağaç çiziminde dünyaca ünlü Strider veri bankasını kullansa da bu verilerin yetersiz olmasıdır. Bu veri bankasında yirmiden fazla ülkenin popülasyon verileri bulunsun da kiminin 5 kiminin 10 STR lokusunun bulunması nedeniyle gerçekçi bir ağaç çizimi sağlanamamaktadır. Çok fazla ortak lokus bulunmaması da adli açıdan bir dezavantajdır. Bu çalışmanın bitiminde çıkacak olan makale ile popülasyonumuz ve diğer makalelerden derlenen 15 STR lokusunun ortak olduğu ülkelerin verileri siteye eklenecek ve kullanıma açılacaktır.

3. GEREÇ VE YÖNTEM

Bu tez çalışmasında 2012 ile 2020 yılları arasında İstanbul Üniversitesi-Cerrahpaşa Adli Tıp ve Adli Bilimler Enstitüsüne kanser tedavisi ve tüp bebek tedavisi öncesi 29135 sayılı Resmi Gazetede yayınlanan “Üremeye Yardımcı Tedavi Uygulamaları ve Üremeye Yardımcı Tedavi Merkezleri” hakkındaki yönetmeliğin 20/4 (EK 3) maddesinde belirtildiği üzere (30 Eylül 2014) DNA profili istenen vakalar ile nesep tayini amacıyla başvurmuş ve biyolojik örneğinin akademik çalışmalarda kullanılmasına izin vermiş 789 dosya içerisinde yer alan 1001 kişiye ait kan, kan lekesi ve ağız içi sürüntü örnekleri kullanılmıştır (77).

Biyolojik örneklerden DNA izolasyonu ve DNA miktar tayini yapıldıktan sonra kitapçıklarında belirtilen talimatlara uyularak Identifiler kiti kullanılması sureti ile “D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA, TPOX, D18S51, Amelogenin, D5S818 ve FGA” lokuslarının GeneAmp PCR cihazında (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) amplifikasyonu yapılmış ve ABI 3130 kapiller elektroforez cihazında (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) genotiplendirilmiş, böylece 1001 kişiye ait 16 STR lokusunun Türkiye’deki gen sıklıkları belirlenmiştir (78-81).

3.1. Çalışmada Kullanılan Cihazlar

- Isı Döngü Cihazı-PCR (ABI GeneAmp PCR System 9700)
- Bilgisayar kontrollü Genetik Analizör (ABI PRISM 3130)
- Otoklav (Nüve)
- Qubit Florometre (Invitrogen™)
- Isıtıcı blok (Eppendorf)
- Mikrosantrifüj (Heraeus)
- Vorteks (Nüve)
- Derin dondurucu (Arçelik)
- Buzdolabı (Sharp)
- Otomatik Pipet Seti (Eppendorf) (0.1µl-2.5 µl, 2.5 µl-20 µl, 10 µl-100µl, 100 µl- 1000µl)
- Mini santrifüj
- İzolasyon kabini

3.2. Çalışmada Kullanılan Ticari Kitler Ve Sarf Malzemeleri

- ✓ DNA izolasyon kiti (Qiagen Mini QIAamp®)
- ✓ QubitdsDNA HS Assay Kit (Invitrogen™)
- ✓ Hi-DiFormamid (ThermoFisher Scientific)
- ✓ Etanol (%96-100)
- ✓ 36 cm Capiller (ThermoFisher Scientific)
- ✓ Chelex (Reçine)
- ✓ Genetik analizör tampon çözeltisi (10X Buffer with EDTA- ThermoFisher Scientific)
- ✓ POP-4 Polimer (ThermoFisher Scientific)
- ✓ 96-well optik reaksiyon plate (MicroAmp-ThermoFisher Scientific)
- ✓ 96- wellplatesepta (ThermoFisher Scientific)
- ✓ 1.5 ml'lik Ependorf tüp
- ✓ 0.2 ml'lik PCR tüpü
- ✓ 0.1-10 µl'lik filtreli pipet ucu
- ✓ 1-20 µl'lik filtreli pipet ucu
- ✓ 200 µl'lik filtreli pipet ucu
- ✓ 1000 µl'lik filtreli pipet ucu
- ✓ Tek kullanımlık pudrasız muayene eldiveni, galoş, bone

3.3. Çalışma Planı

Deneyler aşağıda belirtilen plana göre gerçekleştirilmiştir.

- Örneklerden DNA izolasyonu
- İzole edilen DNA'ların miktar tayini
- PCR ile lokusların çoğaltılması
- PCR ürünlerinin kapiller elektroforezde yürütülmesi
- Elde edilen verilerin analizi ve istatistiksel değerlendirmeleri

3.3.1. Örneklerden DNA izolasyonu

3.3.1.1. Kan örneklerinden QiaAmp mini kit ile DNA izolasyonu

200µl EDTA'lı kan 1.5 µl'lik mikrosantrifüj tüpüne konuldu. 20µl proteinaz K ve 200µl AL tamponu eklenerek 15 saniye vortekslendi.

56°C'de 10 dakika inkübe edildi.

200 µl %96-100'lük etanol eklenip 15 saniye vortekslendi.

QIAamp® mini spin kolonu 2 ml toplama tüpüne yerleştirildi ve 3. adımda elde edilen karışım kolona aktarıldı. 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edilip filtratı içeren tüp atıldı.

Kolona 500 µl AW1 eklenip 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Filtratı içeren tüp atıldı.

Kolona 500 µl AW2 eklenip 14000 rpm'de 3 dakika santrifüj edildi. Filtratı içeren tüp atıldı.

Kolon boş olarak 14000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.

QIAamp® mini spin kolon 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüpüne yerleştirildi. 200 µl AE tamponu eklenip oda ısısında 1-2 dakika inkübe edildikten sonra 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.

3.3.1.2. Kan Lekesinden QiaAmp mini kit ile DNA İzolasyonu

Makas ile yaklaşık 1mm²'lik 4 parça kurumuş kan lekesinden (FTA kartı, koton ya da filtre kağıdından) alınarak 1.5µl'lik mikrosantrifüj tüpüne konuldu.

Üzerine 180µl ATL tamponundan eklenerek 10 dakika 85 °C'de inkübe edildi.

20µl proteinaz K eklenip karıştırıldı ve 56°C'de 1 saat inkübe edildi.

200µl AL tamponu eklenip ve karıştırıldı ve 70°C' de 10 dk. inkübe edildi.

200µl % 96-100 saflıkta etanol eklenip karıştırıldı.

Elde edilen karışım QIAamp® mini spin kolona aktarıldı ve 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.

500µl AW1 tamponu eklenip 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Filtratı içeren tüp atıldı.

500µl AW2 tamponu eklenip 14000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Filtratı içeren tüp atıldı.

Kolon boş olarak 14000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.

QIAamp® mini spin kolon steril 1.5µl'lik mikrosantrifüj tüpüne yerleştirildi ve 150µl AE tamponu eklendi.

Oda ısısında 1-2 dakika inkübe edilerek 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.

3.3.1.3. Kandan Reçine (Chelex) ile DNA izolasyonu

İçinde 1 mL steril distile su bulunan mikrosantrifüj tüpüne 40 µl kan örneği eklendi ve yavaşça karıştırılarak 30 dakika oda ısısında inkübe edildi.

3 dakika 15000 rpm'de santrifüj edildi.

Tüpte 20-30µl kalacak şekilde üst faz atıldı ve % 5'lik Chelex çözeltisinden 200 µl eklendi.

20-30 dakika 56° C'de inkübe edildi.

5-10 saniye yüksek hızda vortekslendi.

8 dakika 100°C'de kaynatıldı.

5-10saniye yüksek hızda vortekslendi.

3 dakika 15000 rpm'de santrifüj edildi.

3.3.1.4. Ağız içi sürüntüsünden QiaAmp mini kit ile DNA İzolasyonu

Swap ucu kesilip alınarak 1.5µl'lik mikrosantrifüj tüpüne konuldu ve üzerine 180µl ATL tamponundan eklendi.

10 dakika 85 °C'de inkübe edildi.

20µl proteinaz K eklenip karıştırılıp 56°C'de 1 saat inkübe edildi.

200µl AL tamponu eklenip karıştırıldı ve 70°C'de 10 dakika inkübe edildi.

200µl % 96-100 saflıkta etanol eklenip karıştırıldı.

Elde edilen karışım QIAamp® mini spin kolona aktarılıp 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.

500µl AW1 tamponu eklenip 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Filtratı içeren tüp atıldı.

500µl AW2 tamponu eklenip 14000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Filtratı içeren tüp atıldı.

Kolon boş olarak 14000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.

QIAamp® mini spin kolon steril 1.5µl'lik mikrosantrifüj tüpüne yerleştirilip 150µl AE tamponu eklendi.

Oda ısısında 1-2 dakika inkübe edilerek 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.

3.3.2. DNA Miktarlarının Belirlenmesi

Bu tez çalışmasında; elde edilen DNA izolatlarının florometrik yöntemle miktarlarının belirlenmesinde Quant-iT™ dsDNA HS Assay kiti (Invitrogen™) ve Qubit® fluorometer cihazı kullanılmıştır.

Chelex prosedüründe belirtildiği üzere yüksek sıcaklık kullanımı sonucunda elde edilen DNA'lar tek zincirli olduğundan Quant-it ssDNA kitiyle, QiaAmp mini kit ile izole edilen çift zincirli DNA'lar için Quant-it dsDNA HS kit'i kullanılmıştır.

Her bir örnek için 199 µl buffer ve üzerine 1 µl kit reagent eklendi. (Buffer-reagent karışımının miktarı; 2 adet standart + örnek sayısı göz önünde tutularak hazırlandı.)

Cihazın kalibrasyonu için;

Cihaza özgü 1. tüpe 190 µl buffer-reagent karışımından konuldu ve üzerine 10 µl Standart 1 eklendi.

Cihaza özgü 2. tüpe 190 µl'lik buffer-reagent karışımından konuldu ve üzerine 10 µl Standart 2 eklendi.

Örnekler için; tampon-reagent karışımından cihaza özgü tüpe 190-195 µl konuldu ve üzerine 10-5 µl DNA izolatu eklendi.

- a. Quant-it dsDNA HS kit için oda sıcaklığında 2 dakika
- b. Quant-it ssDNA kit için oda sıcaklığında 20-30 dakika inkübe edildi.

Standart 1 ve Standart 2 sırasıyla okutularak kalibrasyon yapıldı.

Örnek tüpleri cihaza yerleştirilerek DNA miktarları cihazda otomatik olarak hesaplandı.

3.3.3. PCR aşaması (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)

PCR aşaması için Identifiler kitinin içeriğinde bulunan AmpFISTR PCR reaksiyon karışımı, AmpFISTR Identifiler Primer Set ve AmpliTaq Gold DNA Polimeraz kullanılmıştır. Her bir örnek iki ayrı kişi tarafından aşağıda verilen tablo 5'te görüldüğü gibi tam ve yarım reaksiyon olmak üzere iki tekrarlı çalışılmıştır.

Miktarı belirlenmiş olan DNA izolatı 0.05-0.125 ng/ml aralığında olacak şekilde steril distile su ile sulandırıldı.

Örnek sayısına göre yukarıda verilen miktarlar göz önüne alınarak karışım hazırlandıktan sonra kısa bir santrifüj yapıldı.

Her bir PCR reaksiyon tüpüne tam reaksiyon için hazırlanan karışımdan 15 µl, yarım reaksiyon için 7.5 µl eklendi.

DNA izolatı ise tam reaksiyon için 10 µl, yarım reaksiyon için 5 µl olacak şekilde (0.05–0.125 ng/µl) tüpe eklendi.

Pozitif kontrol için kit içerisinde yer alan kontrol DNA'dan tam reaksiyon için 10 µl DNA, yarım reaksiyon için 5 µl DNA eklendi.

Negatif kontrol hazırlarken tam reaksiyon için 10 µl, yarım reaksiyon için 5 µl steril distile su eklendi.

Bir örnek için PCR reaksiyon karışımı (tam reaksiyon, 25 µl);

AmpFISTR PCR reaksiyon karışımı	10.5µl
AmpFISTR Identifiler Primer Set	5.5µl
AmpliTaQ Gold DNA Polimeraz	0.5µl

Bir örnek için PCR reaksiyon karışımı (yarım reaksiyon, 12.5µl);

AmpFISTR PCR reaksiyon karışımı	5.25µl
AmpFISTR Identifiler Primer Set	2.275µl
AmpliTaQ Gold DNA Polimeraz	0.25µl

PCR karışımları hazırlandıktan sonra tablo 6'da belirtilen parametrelere göre PCR cihazı programlanarak amplifikasyon işlemi gerçekleştirilmiştir.

Tablo 6. PCR parametreleri

İşlem Basamakları	Sıcaklık	Süre (Dakika)	Döngü Sayısı
Denatürasyon (Başlangıç)	95	11	
Denatürasyon	94	1	28
Primer Bağlanması	59	1	
Zincirin Uzaması	72	1	
Zincirin son uzaması	60	60	

3.3.4. Elde Edilen Örneklerin Kapiller Elektrophorez ile Yürütülmesi

Örneklerin 4 kapillerli ABI PRISM®3130 Genetik Analizör cihazında yürütülmesi için 36 cm kapiler, POP4 (Life Technologies), HiDiFormamid, GeneScan™500 LIZ® Size Standard, MicroAmp® Optik 96 Kuyucuklu Reaksiyon Plaka kullanılmıştır.

Örnekler ABI 3130 cihazında yürütülmeden önce pozitif, negatif kontrol ve alelleri belirleyen genetik belirteç de dahil olmak üzere her bir örnek için 8,7µl Hi-Di Formamid ve 0.3µl LIZ ile edilen karışım hazırlandı.

Formamid ve liz karışımının üzerine 1 µl PCR ürünü eklendi.

Karışımın homojen olması için pipetaj yapıldı.

Karışım örnek tepsisine plate üzerinde uygun numaralı kuyucuğa aktarıldı.

Hava kabarcığı olup olmadığı kontrol edilerek ve ABI 3130'a yerleştirildi ve tablo 7'de belirtilen şekilde ABI 3130 parametreleri ayarlandı.

Tablo 7. Elektrophorez Parametreleri

Enjeksiyon Süresi	10 sn
Enjeksiyon Voltajı	12 Kv
Yürütme Süresi	1500 sn
Matriks	G5
Filtre	

3.3.5. Yürütülen Örneklerin Elektrophoregramlarının Değerlendirilmesi

Kapillerelektrophorezde yürütülen örneklerin ham verilerin değerlendirilmesi için Genemapper® IDX (ThermoFisherScientific) yazılımı kullanıldı. 6-FAM™ ile işaretlenen D7S1517, D3S1744, D12S391, D2S1360, D6S474, D4S2366 bölgeleri mavi renk; BTG ile

işaretlenen D8S1132, D5S2500, D18S51, D21S2055 bölgeleri yeşil renk; BTY ile işaretlenen D10S2325, SE33 bölgeleri sarı renk; BTO ile işaretlenmiş olan DNA size standard 550/BTO ise elektroforegramda turuncu renk ile gözlemlendi.

Elektroforezden sonra elektroforegramları değerlendirmek için alelik ladder ile karşılaştırma yapıldı. Negatif ve pozitif kontrol ile kontaminasyon olup olmadığı denetlendi. Ekler kısmında alelik ladder, pozitif kontrol, negatif kontrol ve kontrol DNA'ya ait elektroforegramlar verilmiştir.

3.3.6. İstatiksel Analiz

Elektroforez sonrası 15 STR bölgeleri belirlenen örneklerin istatistiksel verilerinin popülasyon içerisinde değerlendirmesi Poptree, Arlequin v.3.5.1.2 ve STRAF programları kullanılarak gerçekleştirildi.

Arlequin programı ve STRAF programı ile alel sıklıkları, Hardy-Weinberg dengesi, beklenen ve gözlenen heterozigotluk oranı (Het), eşleşme olasılığı (PM), polimorfik bilgi içeriği (PIC), ayırım gücü (PD), dışlama gücü (PE) ve babalık indeksi (TPI)' hesaplandı. Aynı zamanda farklı popülasyonlar ile alel frekansları ile karşılaştırılarak Fst değerleri belirlendi. Genetik ağaç çizimde Poptree ve Straf programları kullanılarak karşılaştırmalı şekilde çizimler gerçekleştirildi.

4. BULGULAR

Bu tez çalışmasında ENFSI üyesi, ISO 17025 kapsamında TÜRKAK tarafından akredite edilmiş İ.Ü.-C Adli Tıp ve Adli bilimler Enstitüsü Adli Moleküler Genetik Laboratuvarına farklı nedenlerle başvurmuş ve biyolojik örneğinin kullanımına izin vermiş ülke çapındaki 7 bölgenin nüfus dağılım oranları da dikkate alınarak seçilmiş, aralarında akrabalık bağı bulunmayan 1001 gönüllü katılımcı dahil edilmiştir. Çalışmamızda biyolojik örneklerin adli kimliklendirilmesinde en sık kullanılan 15 STR (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, VWA, TPOX, D18S51, D5S818 ve FGA) lokusunun alel frekansları, filogenetik ağaç çizimi ve adli istatistik parametreleri Arlequin v.3.2, Straf v.2.0 ve Poptree programları ile hesaplanmış ve elde edilen veriler doğrultusunda popülasyonlar arası filogenetik ilişkiler belirlenmiştir.

4.1. Retrospektif Çalışma Bulguları

Ele alınan dosyalardan genel durum bilgileri de taranmıştır. 2012-2020 yılları arasında incelenen olgu dosyalarına bakıldığında 789 dosya içerisinde, 757 özel başvuru, 27 mahkemeden gelen başvuru ve 4 adet karşılaştırma testi ile 1 adet ilaç ön testi için gelen başvurular bulunmaktadır.

İncelenen dosyalarda cinsiyeti, doğum tarihi, medeni hali belirtilmiş kişilerin 589'u erkek, 389'u kadın ve 375'i evli 606'sı bekardır. Kişilerin doğum yılları ortalaması ise yaklaşık 1984'tür.

520 dosya Türkak akreditasyonu kapsamında rapor düzenlenerek ve Türkak antetli olarak verilmiştir.

57 yabancı uyruklu vatandaşın kanser, tüp bebek ve kurumsal başvurular için identifikasyonu yapılmıştır.

789 dosyanın içerisinde 7 annelik istemi dosyası 102 babalık istemi dosyası ve 676 identifikasyon istemi ve 5 adet farklı amaçlarla yapılmış identifikasyon dosyası bulunmaktadır.

Toplamda 789 dosya içerisinde bulunan biyolojik örneklerden 1001 adet profil elde edilmiştir. Bu dosyalarda bulunan 3 vakada transfüzyon 1 vakada transplantasyon bulunmaktadır.

676 identifikasyon dosyası içerisinde 325 tüp bebek için identifikasyon istemi dosyası, 329 kanser ve benzeri hastalıklar için, 22 adet de herhangi bir sebep belirtilmemiş özel identifikasyon istemi dosyası bulunmaktadır.

İdentifikasyonu yapılan biyolojik örnek türlerine bakacak olursak; 681 Ağız içi sürüntüsü, 642 tam kan, 642 kan lekesi, 9 doku, 7 adet de kemik-diş-kıl örneği çalışılmıştır. Çalışmalarda 640 örnek Chelex yöntemi ile, 1344 örnek silika tabanlı izolasyon kiti ile izole edilmiştir. Aynı olgu için birden fazla biyolojik örnek, farklı izolasyon yöntemi ile iki farklı kişi tarafından izole edilmiştir.

Kanser hastalıklarla başvuran kişilerin 123'ü testis kanseri veya tümörü, 48'i meme kanseri veya tümörü, 76'sı lenfoma, 16'sı herhangi bir tanım yapılmamış olmakla beraber kanser teşhisi konmuş kişilerden oluşmaktadır.

Bununla beraber 7 rektum kanseri, 6 osteosarkom, 5 kemik kanseri, 5 kolon kanseri, 4 beyin tümörü, 4 nazofarenks tümörü, 3 bacak kanseri, 3 akciğer kanseri, 3 yumurtalık kanseri, 2 aplastik anemi, 2 disgerminom, 3 Ewing sarkomu, 2 hipogonadizm, 2 tiroid kanseri ve birer adet mide, boyun, cilt, dil kanseri ile birer kişi turner sendromu, wilms tümörü, sarkom tümörü, yumusak doku tümörü, medulloblastoma, malign mezenkimal, küçük hücreli karsinom, miksoid liposarkom ve multiple skleroz şikayetleri sonucu başvurmuştur. Aşağıda toplam başvuru sayıları ve başvuru nedenleri belirtilmiş kişilerin verileri tablolar halinde verilmiştir. Gelen başvuruları bölgesel olarak inceleyecek olursak:

4.1.1. Marmara Bölgesi

- En fazla başvurunun 163 kişi ile İstanbul ilinden olduğu görülmektedir.
- Aynı şekilde 67 kişi ile en fazla kanser ve benzeri kemoterapi gerektiren hastalık nedeni ile başvuru İstanbul ilinden.
- Tüp bebek için en fazla başvuru 49 kişi ile yine İstanbul ilinden.
- En az başvuru 1 kemik kanseri vakası ile Yalova ilinden.
- Hastalıklar sebebiyle gelen en fazla başvuruyu 40 kişi ile testis kanseri veya tümörü sebebiyle gelenler oluştururken onu 20 kişi ile lenfoma, 12 kişi ile meme kanseri izlemektedir.
- Genel doğum yılı ortalaması 1989,3 olup, hastalık sebebiyle başvuran kişilerin ortalaması 1992,2'dir.
- Genel başvuranların 127'si erkek, 102'si kadındır. Hastalık sebebiyle başvuranların 70'i erkek 27'si kadındır ve doğum yılı ortalamaları sırasıyla erkeklerde 1993,4 kadınlarda 1988,96'dır. Tüm başvurular tablo 8'de liste halinde verilmiştir.

Tablo 8.Marmara Bölgesi

Şehir	Kişi	Tüp bebek	Hasta	Tam
Yalova	1	0	1	Kemik kanseri
Bolu	2	1	1	Hipogonadizm
Çanakkale	2	0	1	Bacakta tümör
Edirne	3	2	1	Hodgking lenfoma
Bilecik	4	2	0	
Kırklareli	4	1	2	Rektum kanseri, meme kanseri
Sakarya	6	1	1	2 Testis kanseri, meme kanseri
Tekirdağ	8	3	5	3 Testis, lenfoma, medulloblastoma
Bursa	9	1	4	3 Testis kanseri, meme kanseri
Balıkesir	11	5	5	2 Meme kanseri, testis kanseri, lenfoma, kanser
Kocaeli	17	3	4	2 Testis kanseri, lenfoma, rektum kanseri
İstanbul	163	49	67	Kemik kanseri, multiple skleroz, 29 testis kanseri, akciğer kanseri, rektum kanseri, turner sendrom, 2 ewing sarkom, 2 osteoblastik osteosarkom, 7 meme kanseri, 2 aplastik anemi, kolon kanseri, oligozoospermi, nazofarenks tümörü, 16 lenfoma, 3 lösemi

4.1.2. Doğu Anadolu Bölgesi

- En fazla başvurunun 28 kişi ile Erzurum ilinden olduğu görülmektedir.
- 9 kişi ile en fazla kanser ve benzeri kemoterapi gerektiren hastalık nedeni ile başvuru Malatya ilinden gerçekleşmiştir.
- Tüp bebek için en fazla başvuru 8'er kişi ile Van, Malatya, Erzurum illerinden gerçekleşmiştir.
- En az başvuru Hakkari ilinden 3 kişi ile gerçekleşmiştir.
- Hastalıklar sebebiyle gelen en fazla başvuruyu 12 kişi ile testis kanseri veya tümörü sebebiyle gelenler oluştururken onu 9 kişi ile meme kanseri 5 kişi ile lenfoma izlemektedir.
- Başvuran kişilerin doğum yılı ortalamaları 1984,25 olup 99'u erkek, 53'ü kadındır.
- Hasta kişilerin 13'ü kadın 33'ü erkektir. Erkeklerin doğum yılı ortalamaları 1991,67 iken kadınların ortalaması 1989,85'tir.

Tüm başvurular tablo 9'da liste halinde verilmiştir.

Tablo 9.Doğu Anadolu Bölgesi

Şehir	Kişi	Tüp bebek	Hasta	Tanı
Hakkari	3	1	1	Meme kanseri
Bingöl	4	0	2	Lösemi, meme kanseri
Iğdır	4	2	1	Testis kanseri, kanser
Muş	4	2	1	Dil kanseri
Şırnak	4	3	1	Testis tümörü
Elazığ	5	3	1	Osteosarkom
Bitlis	6	4	1	Kanser
Tunceli	7	3	1	Testis kanseri
Ağrı	9	3	1	Disgerminom
Kars	11	1	3	Testis kanseri, lenfoma, meme kanseri
Ardahan	12	4	4	2 Meme kanseri, testis kanseri, kemik tümörü
Erzincan	15	3	7	Osteosarkom, meme kanseri, kanser, disgerminom nazofarenks tümörü,2 testis kanseri, lenfoma,
Van	18	8	5	Ewing sarkom, 2 testis kanseri, lenfoma, meme kanseri
Malatya	25	8	9	Lenfoma, kolon kanseri, 3 testis kanseri, kemik tümörü, rektum kanseri, kanser
Erzurum	28	8	7	Immature teratome, hipogonadizm, kemik kanseri, lösemi, lenfoma, 2 meme kanseri

4.1.3. Güneydoğu Anadolu Bölgesi

- En fazla başvurunun 27 kişi ile Diyarbakır ilinden olduğu görülmektedir.
- 8 kişi ile en fazla kanser ve benzeri kemoterapi gerektiren hastalık nedeni ile başvuru Mardin ilinden gerçekleşmiştir.
- Tüp bebek için en fazla başvuru 8 kişi ile Diyarbakır ilinden, en az başvuru Kilis ilinden 6 kişi ile yapılmıştır.
- Hastalıklar sebebiyle gelen en fazla başvuruyu 13 kişi ile testis kanseri veya tümörü sebebiyle gelenler oluştururken onu 8 kişi ile meme kanseri izlemektedir.
- Başvuruların 74'ü erkek, 33'ü kadın olup yaş ortalaması 1987,7'dir.
- Hasta başvurularının 29'unu erkekler 10 tanesini kadınlar oluşturmaktadır doğum yılı ortalamaları sırası ile erkeklerde 1990,24 kadınlarda ise 1987,4'tür.

Tüm başvurular tablo 10'da liste halinde verilmiştir.

Tablo 10.Güneydoğu Anadolu Bölgesi

Şehir	Kişi	Tüp bebek	Hasta	Tanı
Kilis	6	0	4	4 Testis kanseri
Adıyaman	9	4	2	
Batman	12	2	5	2 Testis kanseri, lenfoma, meme kanseri
Siirt	12	2	4	3 Meme kanseri, beyin tümörü
Şanlıurfa	12	3	4	Miksoid liposarkom, meme kanseri, 2 testis kanseri
Gaziantep	9	2	3	2 Testis kanseri, meme kanseri
Mardin	20	1	8	2 Meme ve 2 testis kanseri, 2 lenfoma, varikosel
Diyarbakır	27	8	7	Willms ve 2 beyin tümörü, akciğer ve testis kanseri, lösemi

4.1.4. Ege Bölgesi

- En fazla başvurunun 10'ar kişi ile Muğla ve İzmir illerinden olduğu görülmektedir.
- 3 kişi ile en fazla kanser ve benzeri kemoterapi gerektiren hastalık nedeni ile başvuru Kütahya ilinden gerçekleşmiştir.
- Tüp bebek için en fazla başvuru 3'er kişi ile Manisa ve İzmir illerinden gerçekleşmiştir.
- En az başvuru Afyon ilinden 5 kişi ile gerçekleşmiştir.
- Hastalıklar sebebiyle gelen en fazla başvuruları 5 kişi ile lenfoma, 4 kişi ile testis kanseri veya tümörü sebebiyle gelenler oluşturmaktadır.
- Başvuran kişilerin doğum yılı ortalaması 1983,8, hasta kişilerin ortalaması ise 1987,25'tir.
- Hasta kişilerin 21'i erkek 4'ü kadın olup doğum yılı ortalamaları sırasıyla erkeklerin 1988,3, kadınların 1983'tür.

Tüm başvurular tablo 11'de liste halinde verilmiştir.

Tablo 11.Ege Bölgesi

Şehir	Kişi	Tüp bebek	Hasta	Tanı
Afyon	5	0	1	Lenfoma
Denizli	7	0	0	
Kütahya	8	1	3	2 Lenfoma, medular troid
Manisa	8	3	2	2 Lenfoma
Aydın	9	0	2	2 Testis kanseri
İzmir	10	3	2	Meme kanseri, testis kanseri
Muğla	10	0	1	Testis kanseri

4.1.5. Akdeniz Bölgesi

- En fazla başvurunun 10’ar kişi ile Adana ve Hatay illerinden olduğu görülmektedir.
- 3’er kişi ile en fazla kanser ve benzeri kemoterapi gerektiren hastalık nedeni ile başvuru Burdur, Mersin, Hatay illerinden gerçekleşmiştir.
- Tüp bebek için en fazla başvuru 4’er kişi Adana ve Hatay illerinden yapılmıştır.
- En az başvuru Osmaniye ilinden 2 kişi ile gerçekleşmiştir.
- Hastalıklar sebebiyle gelen en fazla başvuruları 6 kişi ile testis kanseri veya tümörü sebebiyle gelenler oluşturmaktadır.
- Hastalık sebebiyle başvuran 2 kadın, 12 erkek bulunmaktadır kadınların doğum yılı ortalamaları 1981, erkeklerin ise 1993’tür.

Tüm başvurular tablo 12’de liste halinde verilmiştir.

Tablo 12.Akdeniz Bölgesi

Şehir	Kişi	Tüp bebek	Hasta	Tam
Burdur	3	0	3	3 Testis kanseri
Osmaniye	2	0	0	
Kahramanmaraş	3	2	0	
Isparta	4	1	1	Kaposi sarkom
Antalya	6	1	2	2 Lenfoma
Mersin	6	2	3	3 Testis kanseri
Adana	10	4	1	Germinom
Hatay	10	4	3	Osteosarkom, 2 meme kanseri

4.1.6. Karadeniz Bölgesi

- En fazla başvurunun 37 kişi ile Giresun ilinden olduğu görülmektedir.
- 14 kişi ile en fazla kanser ve benzeri kemoterapi gerektiren hastalık nedeni ile başvuru Giresun ilinden gerçekleşmiştir.
- Tüp bebek için en fazla başvuru 11'er kişi ile Tokat, Samsun ve Kastamonu illerinden yapılmıştır.
- En az başvuru Bayburt ilinden 2 kişi ile olduğu görülmektedir.
- Hastalıklar sebebiyle gelen en fazla başvuruları 31 kişi ile testis kanseri veya tümörü sebebiyle gelenler oluşturmaktadır. 16 kişi lenfoma, ve 9 kişi de meme kanseri sebebiyle başvurmuştur.
- Genel başvuru 86 kadın 165 erkek olup doğum yılı ortalamaları 1934, 43'tür.
- Hastalık sebebiyle gelen 20 kadın ve 70 erkeğin doğum yılı ortalamaları sırasıyla kadınların 1985,16 erkeklerin 1989,71'dir.

Tüm başvurular tablo 13'te liste halinde verilmiştir.

Tablo 13.Karadeniz Bölgesi

Şehir	Kişi	Tüp bebek	Hasta	Tam
Bayburt	2	0	1	Lenfoma
Çorlu	3	1	1	Testis kanseri
Artvin	3	1	2	2 Testis kanseri
Gümüşhane	3	1	1	Hodgkin lenfoma
Karabük	4	2	2	2 Lenfoma
Bartın	5	3	2	2 Testis kanseri
Amasya	8	4	1	Testis kanseri
Düzce	9	1	3	Kanser, doku kanseri, akciğer kanseri
Zonguldak	13	7	4	2 Testis kanseri, hodgking lenfoma, tiroid kanseri
Çorum	13	5	5	3 Testis kanseri, 2 meme kanseri, lösemi
Rize	15	2	9	3 Lenfoma,2 meme 2 testis 1 kolon 1 cilt kanseri
Sinop	16	6	5	3 Testis kanseri, lenfoma
Tokat	18	11	4	Ewing sarkom, nazofarenks tümörü, testis kanseri
Ordu	20	8	10	Pleomorfik sarkom, bacakta tümör, 1 testis, 1 rektum, 1 meme, 1 troid kanseri, 2 lenfoma, histiositoz, kanser
Samsun	24	11	6	Testis kanseri, 3 lenfoma, meme kanseri, kanser
Trabzon	27	8	11	4 Testis kanseri, primeri belirsiz tümör, kolon kanseri, kanser, 2 meme kanseri, osteosarkom
Kastamonu	31	11	8	4 Testis 1 meme kanseri,2 lenfoma, doku tümörü
Giresun	37	9	14	6 Testis,1 kolon, 2 yumurtalıkkanseri, azospermi, lösemi, kanser, bacakta tümör

4.1.7. İç Anadolu Bölgesi

- En fazla başvurunun 33 kişi ile Sivas ilinden olduğu görülmektedir.
- 11 kişi ile en fazla kanser ve benzeri kemoterapi gerektiren hastalık nedeni ile başvuru Sivas ilinden gerçekleşmiştir.
- En az başvuru Kırıkkale ilinden 1 kişi olduğu görülmektedir.
- Hastalıklar sebebiyle gelen en fazla başvuruyu 9 kişi ile testis kanseri veya tümörü sebebiyle gelenler oluşturmaktadır.
- Genel başvuruların 41'i erkek 38'i kadın olup doğum yılı ortalamaları 1982,7 'dir.

Hastalık sebebiyle başvuranların 18'i erkek 9'u kadın olup doğum yılı ortalamaları sırasıyla erkeklerin 1988,1 kadınların 1988,2'dir. Tüm başvurular tablo 14'te liste halinde verilmiştir.

Tablo 14. İç Anadolu Bölgesi

Şehir	Kişi	Tüp bebek	Hasta	Tanı
Kırıkkale	1	0	1	Testis kanseri
Niğde	2	1	1	Testis kanseri
Yozgat	2	1	1	Testis kanseri
Eskişehir	3	2	0	
Kırşehir	3	1	1	Testis kanseri
Aksaray	5	1	1	Testis kanseri
Çankırı	5	2	2	Hodgking lenfoma, nazofarenks tümörü
Ankara	7	3	3	2 lenfoma, meme kanseri
Kayseri	8	3	3	Hodgkin lenfoma, boyun kanseri, testis kanseri
Konya	9	2	2	Kronik mledi lösemi, testis kanseri
Sivas	33	15	11	3 meme, 1 yumurtalık, 1 mide, 1 rektum 2 testis kanseri, 2 lösemi, küçük hücreli karsinom

Tablo 15.Yabancı uyruklu başvurular

Şehir	Kişi	Tüp bebek	Hasta	Tanı
Afganistan	1	0	1	Lösemi
Arjantin	1	0	0	
Azerbaycan	1	0	0	
Belarus	1	0	0	
Belçika	1	0	0	
İspanya	1	0	0	
Fas	1	0	0	
İran	1	1	0	
Katar	1	0	0	
Kazakistan	1	1	0	
Norveç	1	0	1	Testis kanseri
Almanya	2	1	0	
Romanya	2	0	0	
Rusya	2	0	0	
Türkmenistan	2	0	0	
Amerika	3	0	0	
Irak	3	0	0	
Libya	3	0	0	
Nijerya	3	0	0	
Ukrayna	3	0	0	
Özbekistan	4	0	0	
Yunanistan	4	0	0	
Bulgaristan	5	1	0	
Kıbrıs	5	0	1	Testis kanseri
Suriye	5	0	5	2 Testis kanseri, 2 lösemi, lenfoma
Çin	10	0	0	

4.2. Adli İstatistik Bulguları

4.2.1. Genel Adli İstatistik Bulguları

Tablo 16.Türkiye popülasyonu alel frekansları tablosu

	CSF1PO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
6										0,0005			0,2712		
7	0,0010	0,0010	0,0005						0,0025	0,0220			0,1773	0,0010	
7.3													0,0005	0,0005	
8	0,0020	0,1349	0,0340						0,0070	0,1568	0,0130		0,1434	0,5305	
8.3													0,0005		
9	0,0360	0,0974	0,1663	0,0020	0,0005	0,0005			0,0574	0,0984	0,0095		0,2073	0,0989	
9.3						0,0010							0,1708		
10	0,2782	0,0664	0,0874	0,0060	0,0025				0,0924	0,2827	0,0969	0,0005	0,0255	0,0869	0,0005
10.2				0,0005											
11	0,3132	0,2807	0,3117	0,0190	0,0030			0,0005	0,3042	0,2448	0,0674	0,0005	0,0025	0,2473	
11.2					0,0035										
12	0,3087	0,3057	0,2463	0,1449	0,1019		0,0010	0,0015	0,3272	0,1668	0,1129			0,0330	0,0005
12.2					0,0295										
12.3									0,0005						
13	0,0534	0,0824	0,1264	0,1434	0,2328	0,0005	0,0010	0,0035	0,1928	0,0245	0,2907			0,0010	0,0050
13.2					0,0470										
14	0,0065	0,0295	0,0250	0,1793	0,2527		0,0010	0,0544	0,0120	0,0015	0,2123	0,0010		0,0010	0,0854
14.2				0,0010	0,0465										
14.3					0,0025										
15	0,0010	0,0020	0,0025	0,1294	0,1159		0,0010	0,2512	0,0015		0,1394	0,0005			0,1064
15.2					0,0734										
15.3					0,0005										
16				0,1324	0,0460		0,0460	0,2577	0,0005		0,0480				0,2228
16.2					0,0305										
17				0,1094	0,0040		0,2073	0,2532		0,0010	0,0095	0,0015			0,2922
17.2					0,0055										
18				0,0584	0,0005		0,1124	0,1603			0,0005	0,0115			0,1938
18.2					0,0010										
18.3							0,0005								
19				0,0400		0,0010	0,1099	0,0155		0,0010		0,0574			0,0799

İncelenen 15 STR lokuslarına ait farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 1 ile 16 arasında verilmiştir. Türkiye'nin 7 bölgesine ait (Marmara, Karadeniz, Ege, Akdeniz, Güneydoğu Anadolu, Doğu Anadolu ve İç Anadolu Bölgesi) adli istatistik parametreleri ve alel frekansları sırasıyla ek 16 ile 22 arasında verilmiştir.

4.2.1.1. D8S1179 Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 17'de, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 1'de verilmiştir.

Tablo 17.D8S1179 lokusuna ait adli istatistiksel parametreleri ve alel frekansları

Adli İstatistik Parametreleri		Lokus	Alel	Frekans
TPI	2,8277	D8S1179	8	0,0130
PE	0,6427		9	0,0095
PD	0,9455		10	0,0969
PM	0,0545		11	0,0674
PIC	0,7997		12	0,1129
Hobs	0,8232		13	0,2907
Hexp	0,8221		14	0,2123
Nall	11		15	0,1394
			16	0,0480
			17	0,0095
			18	0,0005

4.2.1.2. D21S11 Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 18’de, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 2’de verilmiştir.

Tablo 18. D21S11 lokusuna ait adli istatistiksel parametreleri ve alel frekansları

Adli İstatistik Parametreleri		Lokus	Alel	Frekans
TPI	3,0518	D21S11	9	0,0005
PE	0,6678		9.3	0,0010
PD	0,9574		13	0,0005
PM	0,0426		19	0,0010
PIC	0,8251		24.3	0,0005
Hobs	0,8362		25	0,0020
Hexp	0,8435		26	0,0025
Nall	26		27	0,0110
			28	0,1284
			28.2	0,0010
			28.3	0,0005
			29	0,2532
			29.2	0,0015
			29.3	0,0005
			30	0,2078
			30.2	0,0385
			31	0,0495
			31.1	0,0005
			31.2	0,1044
			32	0,0135
			32.2	0,1239
			33	0,0010
			33.2	0,0509
			34.2	0,0045
			35	0,0010
			35.2	0,0005

4.2.1.3. D7S820 Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 19’da, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 3’te verilmiştir.

Tablo 19. D7S820 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
D7S820	6	0.0005	TPI	2,0100
	7	0.0220	PE	0,5119
	8	0.1568	PD	0,9312
	9	0.0984	PM	0,0688
	10	0.2827	PIC	0,7672
	11	0.2448	Hobs	0,7512
	12	0.1668	Hexp	0,7974
	13	0.0245	Nall	11
	14	0.0015		
	17	0.0010		
	19	0.0010		

4.2.1.4. CSF1PO Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 19’da, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 4’te verilmiştir.

Tablo 20. CSF1PO lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
CSF1PO	7	0.0010	TPI	1,8401
	8	0.0020	PE	0,4733
	9	0.0360	PD	0,8744
	10	0.2782	PM	0,1256
	11	0.3132	PIC	0,6741
	12	0.3087	Hobs	0,7283
	13	0.0534	Hexp	0,7254
	14	0.0065	Nall	9
	15	0.0010		

4.2.1.5. D3S1358 Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 21’de, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 5’te verilmiştir.

Tablo 21. D3S1358 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
D3S1358	11	0.0005	TPI	1,8004
	12	0.0015	PE	0,4636
	13	0.0035	PD	0,9181
	14	0.0544	PM	0,0819
	15	0.2512	PIC	0,7410
	16	0.2575	Hobs	0,7223
	17	0.2532	Hexp	0,7778
	18	0.1603	Nall	10
	19	0.0155		
	20	0.0020		

4.2.1.6. TH01 Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 22’de, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 6’da verilmiştir.

Tablo 22. TH01 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
TH01	6	0,2712	TPI	2,3608
	7	0,1773	PE	0,5773
	7.3	0,0005	PD	0,9303
	8	0,1434	PM	0,0697
	8.3	0,0005	PIC	0,7718
	9	0,2073	Hobs	0,7882
	9.3	0,1708	Hexp	0,8020
	10	0,0255	Nall	11
	11	0,0025		
	23	0,0005		
	26	0,0005		

4.2.1.7. D13S317 Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 23’de, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 7’de verilmiştir.

Tablo 23. D13S317 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
D13S317	7	0.0010	TPI	2,3388
	8	0.1349	PE	0,5737
	9	0.0974	PD	0,9220
	10	0.0664	PM	0,0780
	11	0.2807	PIC	0,7585
	12	0.3057	Hobs	0,7884
	13	0.0824	Hexp	0,7884
	14	0.0295	Nall	9
	15	0.0020		

4.2.1.8. D16S539 Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 24’te, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 8’de verilmiştir.

Tablo 24. D16S539 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
D16S539	7	0.0005	TPI	2,2750
	8	0.0340	PE	0,5629
	9	0.1663	PD	0,9255
	10	0.0874	PM	0,0745
	11	0.3117	PIC	0,7589
	12	0.2463	Hobs	0,7802
	13	0.1264	Hexp	0,7895
	14	0.0250	Nall	9
	15	0.0025		

4.2.1.9. D2S1338 Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 25'te, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 9'da verilmiştir.

Tablo 25. D2S1338 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
D2S1338	12	0.0010	TPI	3,5000
	13	0.0010	PE	0,7090
	14	0.0010	PD	0,9737
	15	0.0010	PM	0,0263
	16	0.0460	PIC	0,8685
	17	0.2073	Hobs	0,8571
	18	0.1124	Hexp	0,8805
	18.3	0,0005	Nall	20
	19	0.1099		
	19,3	0.0010		
	20	0.1329		
	21	0.0350		
	22	0.0465		
	23	0.1094		
	23.3	0.0005		
	24	0.1049		
	25	0.0774		
	26	0.0105		
	27	0.0015		
	28	0.0005		

4.2.1.10. D19S433Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 26'da, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 10'da verilmiştir.

Tablo 26. D19S433 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
D19S433	9	0,0005	TPI	2,5025
	10	0,0025	PE	0,5994
	11	0,0030	PD	0,9536
	11.2	0,0035	PM	0,0464
	12	0,1019	PIC	0,8275
	12.2	0,0295	Hobs	0,8002
	13	0,2328	Hexp	0,8448
	13.2	0,0470	Nall	21
	14	0,2527		
	14.2	0,0465		
	14.3	0,0025		
	15	0,1159		
	15.2	0,0734		
	15.3	0,0005		
	16	0,0460		
	16.2	0,0305		
	17	0,0040		
	17.2	0,0055		
	18	0,0005		
	18.2	0,0010		
	25	0,0005		

4.2.1.11. vWA Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 27’de, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 11’de verilmiştir.

Tablo 27. vWA lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
vWA	10	0.0005	TPI	2,5667
	12	0.0005	PE	0,6087
	13	0.0050	PD	0,9340
	14	0.0854	PM	0,0660
	15	0.1064	PIC	0,7746
	16	0.2228	Hobs	0,8052
	17	0.2922	Hexp	0,8027
	18	0.1938	Nall	13
	19	0.0799		
	20	0.0100		
	21	0.0020		
	23	0.0010		
	24	0.0005		

4.2.1.12. TPOX Lokusuna Ait bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 28’de, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 12’de verilmiştir.

Tablo 28. TPOX lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
TPOX	7	0,0010	TPI	1,3788
	7.3	0,0005	PE	0,3381
	8	0,5305	PD	0,8216
	9	0,0989	PM	0,1784
	10	0,0869	PIC	0,5918
	11	0,2473	Hobs	0,6374
	12	0,0330	Hexp	0,6394
	13	0,0010	Nall	9
	14	0,0010		

4.2.1.13. D18S51 Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 29’da, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 13’te verilmiştir.

Tablo 29. D18S51 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
D18S51	9	0,0020	TPI	4,2778
	10	0,0060	PE	0,7611
	10.2	0,0005	PD	0,9700
	11	0,0190	PM	0,0300
	12	0,1449	PIC	0,8611
	13	0,1434	Hobs	0,8831
	14	0,1793	Hexp	0,8747
	14.2	0,0010	Nall	20
	15	0,1294		
	16	0,1324		
	17	0,1094		
	18	0,0584		
	19	0,0400		
	20	0,0175		
	21	0,0075		
	22	0,0050		
	22.2	0,0005		
	23	0,0030		
	29	0,0005		
	30	0,0005		

4.2.1.14. D5S818 Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 30'da, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 14'te verilmiştir.

Tablo 30. D5S818 lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli istatistik parametreleri	
D5S818	7	0,0025	TPI	1,9861
	8	0,0070	PE	0,5068
	9	0,0574	PD	0,8929
	10	0,0924	PM	0,1071
	11	0,3042	PIC	0,7108
	12	0,3272	Hobs	0,7483
	12.3	0,0005	Hexp	0,7516
	13	0,1928	Nall	13
	14	0,0120		
	15	0,0015		
	16	0,0005		
	21	0,0015		
	23	0,0005		

4.2.1.15. FGA Lokusuna Ait Bulgular

Türkiye popülasyonu adli istatistik parametreleri ve alel frekansları tablo 31'de, farklı 17 popülasyon ile alel sıklıkları karşılaştırılması ek 15'te verilmiştir.

Tablo 31. FGA lokusuna ait adli istatistiksel parametreler ve alel frekansları

Lokus	Alel	Frekans	Adli İstatistik Parametreleri	
FGA	10	0,0005	TPI	2,9792
	11	0,0005	PE	0,6600
	14	0,0010	PD	0,9663
	15	0,0005	PM	0,0337
	17	0,0015	PIC	0,8489
	18	0,0115	Hobs	0,8322
	19	0,0574	Hexp	0,8645
	19.3	0,0005	Nall	26
	20	0,0884		
	21	0,1663		
	21.2	0,0020		
	21.3	0,0030		
	22	0,1808		
	22.2	0,0025		
	23	0,1598		
	23.2	0,0035		
	23.3	0,0005		
	24	0,1638		
	24.2	0,0005		
	24.3	0,0010		
	25	0,0999		
	25.2	0,0005		
	26	0,0435		
	27	0,0075		
	28	0,0025		
	29	0,0005		

4.2.2. Adli Genetik Verilerinin İstatistiksel Sonuçları

Tablo 32.Adli genetik verilerinin istatistiksel sonuçları

Locus	PE	TPI	PIC	PM	PD	Hobs	Hexp	Fst	pHW
CSF1PO	0,4733	1,8401	0,6741	0,1256	0,8744	0,7283	0,7254	0.0014	0.3300
D13S317	0,5737	2,3388	0,7585	0,0780	0,9220	0,7862	0,7884	0.0022	0.1040
D16S539	0,5629	2,2750	0,7589	0,0745	0,9255	0,7802	0,7895	0.0000	0.0600
D18S51	0,7611	4,2778	0,8611	0,0300	0,9700	0,8831	0,8747	0.0002	0.3740
D19S433	0,5994	2,5025	0,8275	0,0464	0,9536	0,8002	0,8448	0.0035	0.0000
D21S11	0,6678	3,0518	0,8251	0,0426	0,9574	0,8362	0,8435	0.0006	0.0120
D2S1338	0,7090	3,5000	0,8685	0,0263	0,9737	0,8571	0,8805	0.0020	0.1490
D3S1358	0,4636	1,8004	0,7410	0,0819	0,9181	0,7223	0,7778	0.0000	0.0000
D5S818	0,5068	1,9861	0,7108	0,1071	0,8929	0,7483	0,7516	0.0000	0.0040
D7S820	0,5119	2,0100	0,7672	0,0688	0,9312	0,7512	0,7974	0.0018	0.0010
D8S1179	0,6427	2,8277	0,7997	0,0545	0,9455	0,8232	0,8221	0.0000	0.0630
FGA	0,6600	2,9792	0,8489	0,0337	0,9663	0,8322	0,8645	0.0007	0.0000
TH01	0,5773	2,3608	0,7718	0,0697	0,9303	0,7882	0,8020	0.0013	0.0000
TPOX	0,3381	1,3788	0,5918	0,1784	0,8216	0,6374	0,6394	0.0006	0.2640
vWA	0,6087	2,5667	0,7746	0,0660	0,9340	0,8052	0,8027	0.0010	0.0200

PE: Dışlama Gücü

TPI: Babalık İndeksi (Typical Paternity Index)

PIC:Polimorfik Bilgi içeriği (Polymorphism Information Content)

PM:Eşleşme Olasılığı(Probability of Match)

PD:Ayrım Gücü (Power of Discrimination)

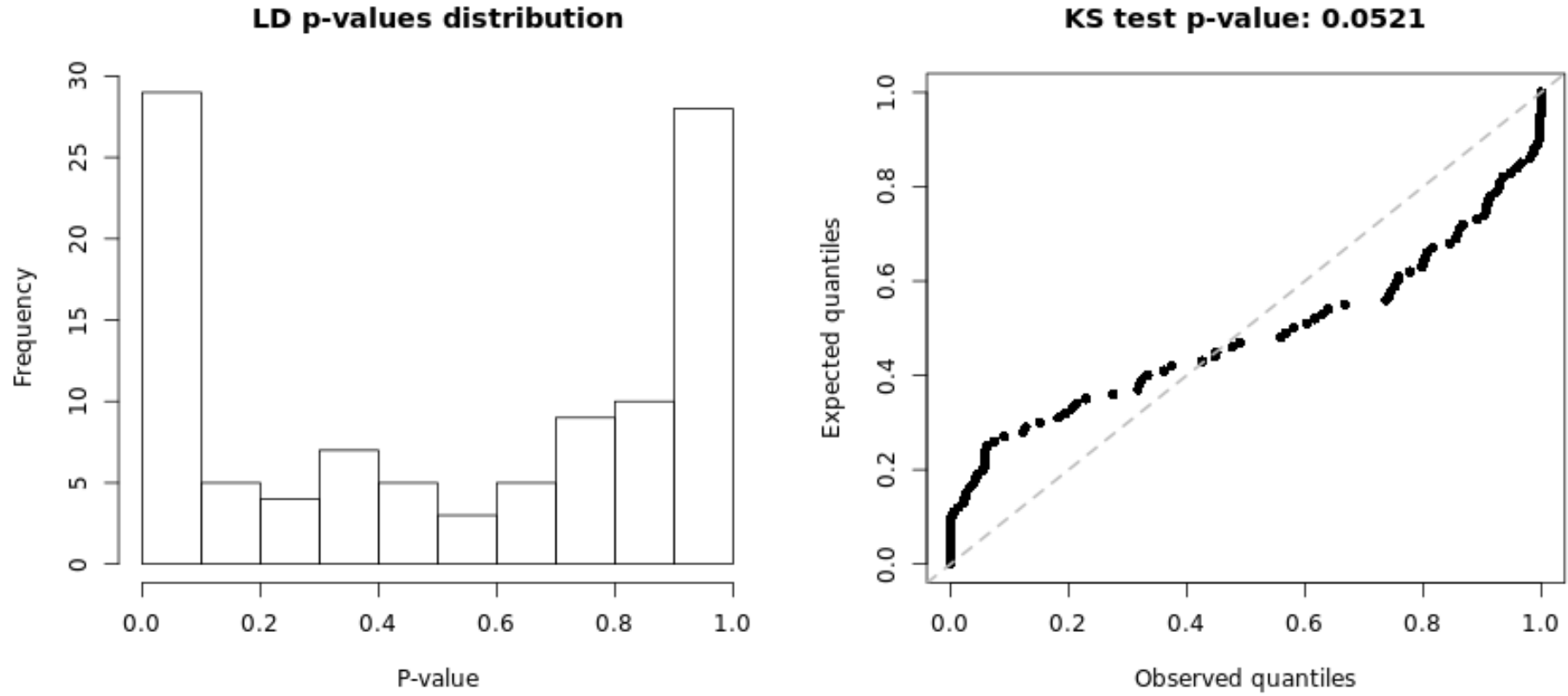
Hobs: Gözlenen heterozigotluk (Observed heterozygosity)

Hexp: Beklenen heterozigotluk (Expected Heterozygosity)

Fst:Pairwise Fst genetic distance

pHW: Hardy Weinberg dengesi (Hardy-Weinberg Equilibrium)

4.2.3. Bağlantı Dengesizliği P Değerleri Dağılımı Ve Kolmogorov-Smirnov Testi Sonuçları



Şekil 1. Bağlantı dengesizliği p değerleri dağılımı ve Kolmogorov-Smirnov testi

33.İkili Bağlantı dengesizliği p-değerleri

33.İkili Bağlantı dengesizliği p-değerleri

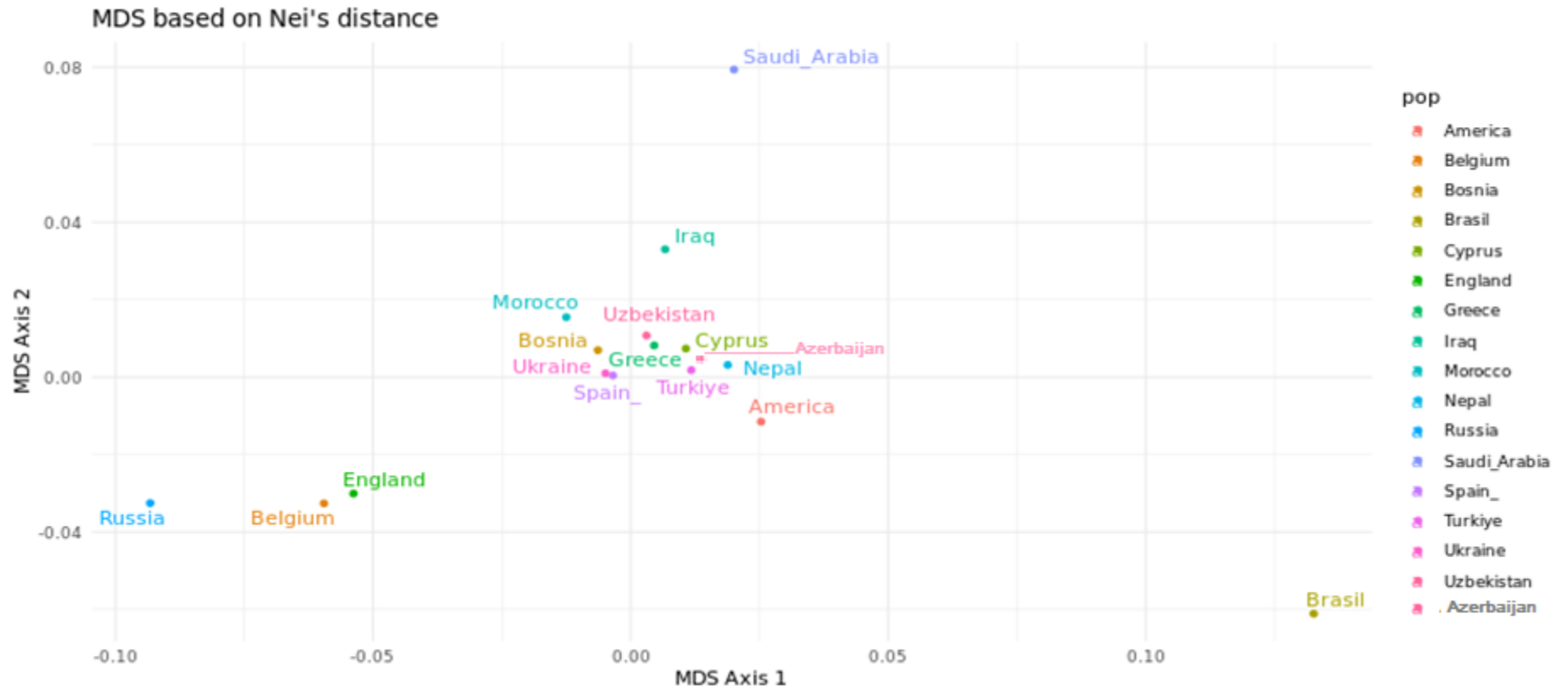
[illegible]

4.2.5. Ülkelerarası Karşılaştırma Sonuçları

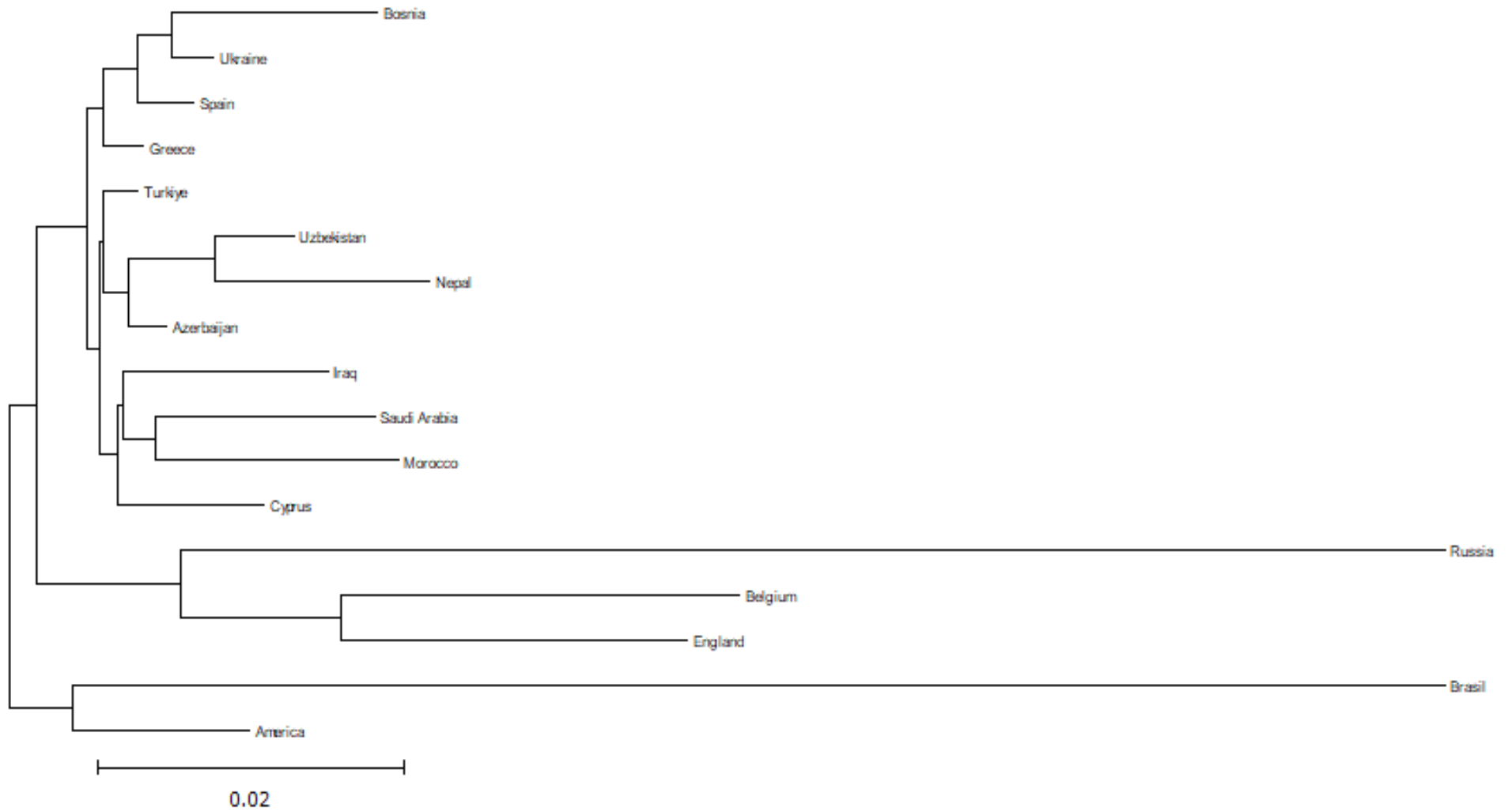
15 otozomal STR lokusunun 1001 kişilik Türkiye popülasyonu için elde edilen alel frekansları ile daha önce aynı lokuslarla çalışma yapılan Bosna Hersek, Brezilya, Irak, Rusya, Özbekistan, Ukrayna, Belçika, Suudi Arabistan, Nepal, Kıbrıs, Yunanistan, İngiltere, Fas, Amerika, İspanya ve Azerbaycan popülasyonlarına ait alel frekansları karşılaştırılarak elde edilen Fst değerleri Tablo 34’te gösterilmektedir.

Tablo 34. Nei's uzaklık prensibine göre frekans değerleri baz alınarak yapılan ülkeler arası genetik uzaklık değerleri

[illegible]



Şekil 2. Nei's genetik uzaklık prensibine göre MDS tabanlı koordinat düzlemi

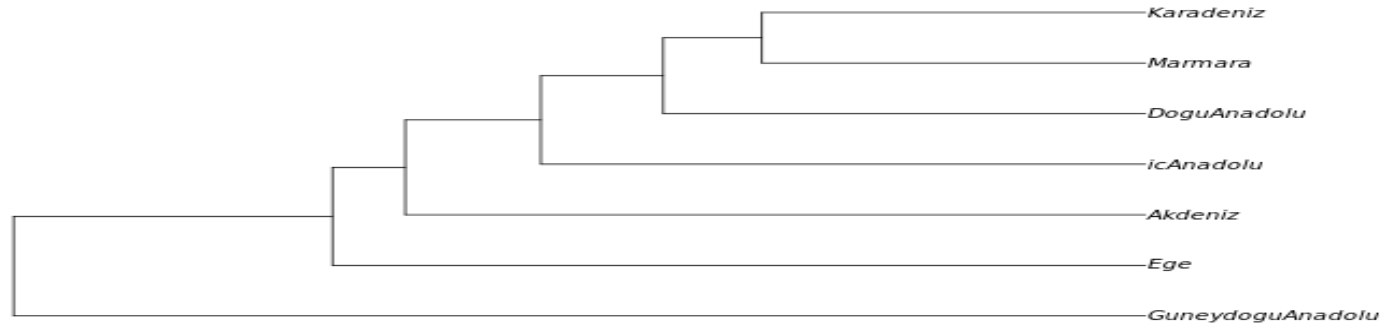


Şekil 3. Frekanslarına göre Nei's genetik uzaklık prensibine göre çizilmiş genetik ağaç

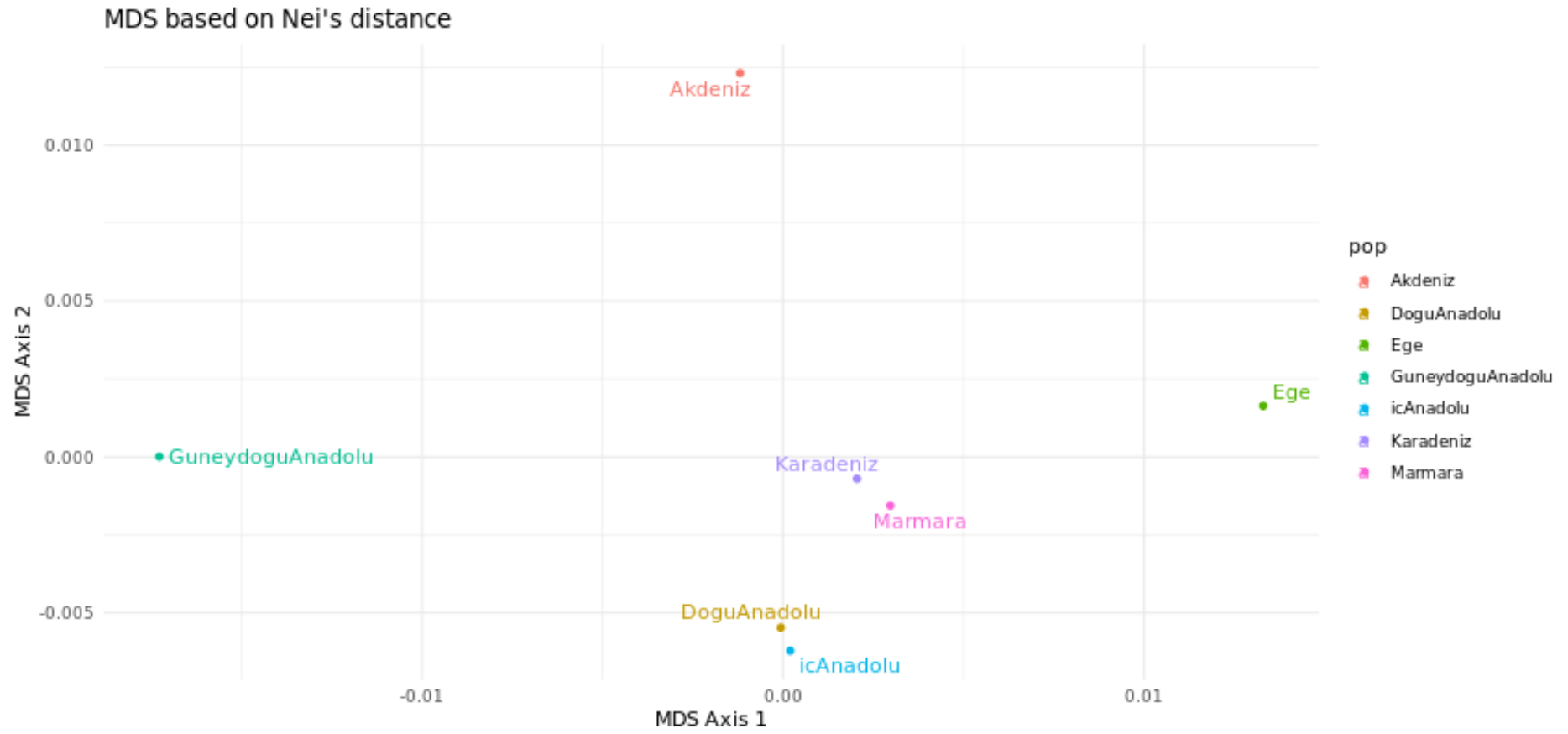
4.2.6. Türkiye'nin Coğrafi Bölge Arası Karşılaştırma Sonuçları

Tablo 35. Nei's genetik uzaklık prensibine göre bölgelerin uzaklık değerleri

	Ege	İç Anadolu	Doğu Anadolu	Güneydoğu Anadolu	Akdeniz	Marmara	Karadeniz
Karadeniz	0,0007	0,0001	0,0001	0,0017	0,0004	0,0004	
Marmara	0,0001	0,0002	0,0006	0,0025	0,0007		
Akdeniz	0,0004	0,0002	0,0009	0,0009			
Güneydoğu Anadolu	0,0023	0,0011	0,0011				
Doğu Anadolu	0,0004	0,0001					
İç Anadolu	0,0003						
Ege							

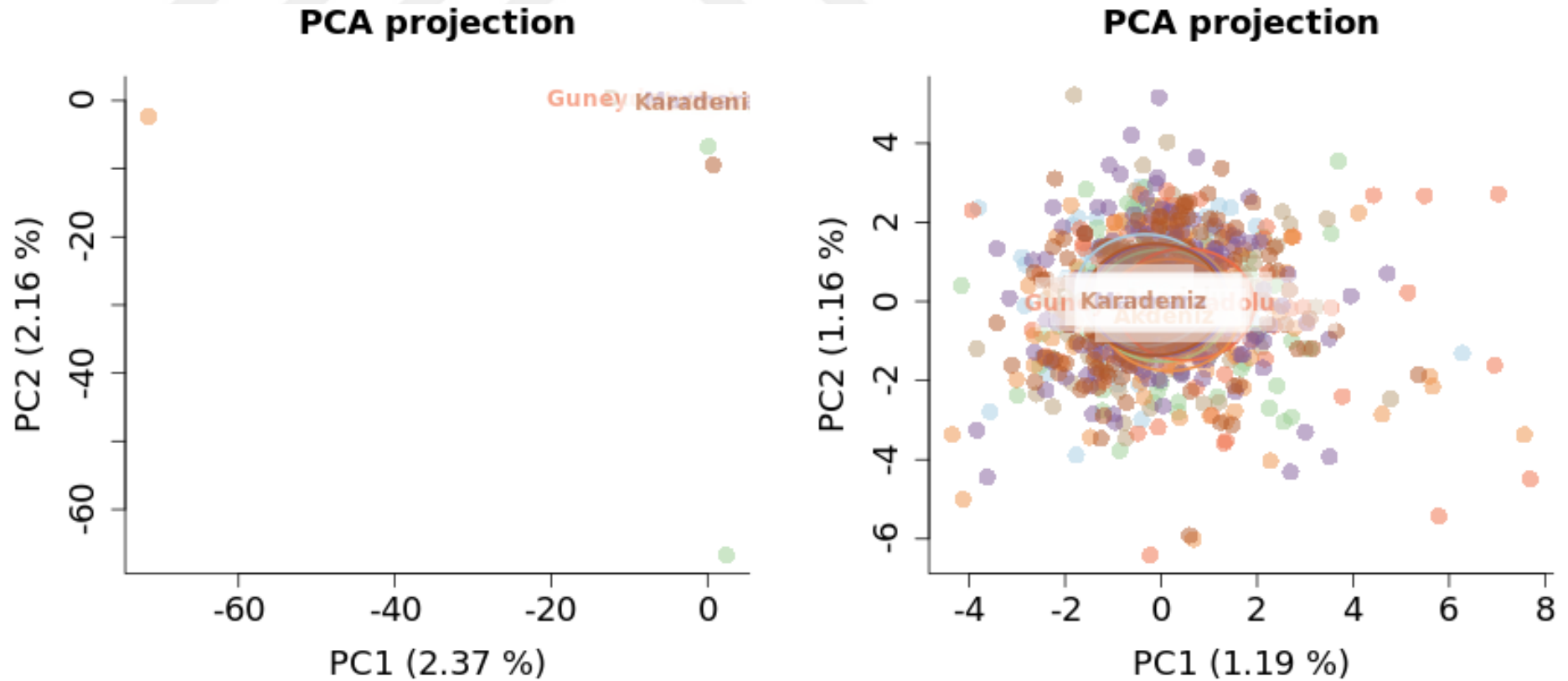


Şekil 4. Nei's genetik uzaklık prensibine göre bölgelerin genetik ağaç çizimi



Şekil 5.Nei's genetik uzaklık prensibine göre bölgelerin mds tabanlı koordinat düzlemi

Şekil 6' ya göre Türkiye'nin yedi coğrafik bölgesinden toplanan örneklerin ilk temel bileşen (PCA) analizine göre kümelendiği (n=...) ve bazı istisnaların (n=4) kümelene dışında sapma gösterdiği tespit edilmiştir. Bu kişiler çıkartılarak yapılan ikinci analiz örnekleme daha yakından bakmamızı sağlamaktadır.



Şekil 6. Türkiye'nin yedi coğrafi bölge popülasyonunun 15 otozomal STR lokusuna dayalı temel bileşen analizi (PCA)

5. TARTIŞMA

Tıp ve hukuk alanı uzun yıllardır insanların sosyal hayattaki sorunlarının çözülmesinde başvurulmuş ve başarı ile kullanılmakta olan bilimsel alanlardır (82). Bu iki bilim alanının en önemli ortak noktası ve yardımcısı ise fiziksel ve biyolojik delillerin kriminal olaylarda kullanılmasıdır. Biyolojik delil denildiğinde ilk akla gelen şey ise DNA'dır.

Tıp alanında genetik hastalıkların tayininde, öncesinde veya tedavi sırasında uygun ilaç kullanımı da dahil olmak üzere birçok alanda kullanılmaktadır. Hukuk alanında ise suçun tespiti, şüpheli, olay yeri ve zanlılar arasında bağlantı kurmanın yanı sıra miras davaları, annelik-babalık davaları, nesep tayinleri, kayıp kişilerin tespit edilmesi gibi birçok alanda kullanılmaktadır.

Günümüzde teknolojinin sağladığı faydalar ile kimliklendirme için birçok yöntem bulunsa da otomasyona uygunluğu, rutin analizlerde kısa sürede sonuçlar alınması gibi özellikleri ile STR sistemleri ön plana çıkmaktadır (83). Standartta yer alan STR sayıları sürekli artmakla beraber her yeni eklenen STR için kullanılacak popülasyonda frekans çalışmaları yapılması gerekmektedir. Tüm dünyada olduğu gibi ülkemizde de bu şekilde çalışmalar yapılmaktadır. Bizim çalışmamızda popülasyonumuz için tespit ettiğimiz verileri bu bağlamda incelersek;

Tablo 31'de görülen lokusların her biri için ayırım gücünü ifade eden PD (Power Of Discrimination) ve dışlama olasılığını ifade eden PE (Probability Of Exclusion) değerleri Straf programı ile hesaplandı. Ayrıca programda yer almayan birleşik ayırım gücü (Combined Power Of Discrimination, CPD) ve birleşik dışlama olasılığını ifade eden CPE (Combined Probability Of Exclusion) değerleri sırasıyla $CPD = 1 - (1 - DP1)(1 - DP2)(1 - DP3) \dots (1 - DPn)$ ve $CPE = 1 - (1 - PE1)(1 - PE2)(1 - PE3) \dots (1 - PEn)$ formülleri kullanılarak hesaplandı. Birleşik ayırım gücü 0,99999999999999996063 ve birleşik dışlama olasılığı 0,999999979 olarak bulundu.

Çalışmamızda elde edilen sonuçlar Arlequin v 3.5.1.2 programında ve Straf v 2.0 programında 15 lokus için beklenen ve gözlemlenen heterozigotluk değerleri hesaplanarak Hardy Weinberg dengesi kontrol edildi. Bu test sonucu verilerin p değerlerinin anlamlılığının değerlendirilmesinde Bonferonni düzeltmesi uygulandı. Anlamlılık düzeyi için $p = 0.05/15$ olacak şekilde 0,003333 hesaplandı ve $p > 0,003333$ şeklinde değerlendirildi.

Bu hesaplamalar yapıldıktan sonra D19S433, D3S1358, D7S820, FGA, TH01 lokusları için istatistiksel açıdan Hardy-Weinberg dengesinden sapma gözlemlendi. Ancak Fst değerlerinde önemli bir farklılaşma olmadığı görüldü.

Türkiye popülasyonunda 15 otozomal STR lokusları arasındaki LD değerleri Straf programı kullanılarak hesaplandı. Tablo 32’de görüldüğü üzere p değerlerinin dağılımları verilmiştir.

İkinci grafikte ise eksenin baş ve son kısımlarında ihmal edilebilir düzeyde bir sapma ile normal bir dağılım gösterdiği anlaşılmaktadır. Hesaplanan p değerlerinin anlamlılık düzeyi Bonferroni düzeltmetesti sonrası $p > 0,0033$ olarak alındı. Lokuslar arası LD değerleri tablo 34’te aktarılmıştır. Tablodan da görüldüğü üzere 0.0033 anlamlılık düzeyinde lokuslar arası bağlantı tanımlanmamıştır.

Tablo 35’te Nei’s genetik uzaklık prensibine göre PopTree analiz uygulamasında ülkelerin birbirlerine olan uzaklık değerlerine şekil 2’de bu verilere göre çizilen filogenetik ağaç ve şekil 1’de Straf programı kullanılarak analiz edilen çok boyutlu ölçeklem yapılmıştır. Çok boyutlu ölçeklemdeki verilere göre genetik mesafeler, filogenetik ağaç ve koordinat düzlemindeki mesafeler popülasyonların birbirlerine olan yakınlık ve uzaklıklarını göstermektedir.

Ülkelerin frekans verileri kullanılarak yapılan analiz sonucu Şekil 1’de görüldüğü üzere Türkiye popülasyonu sağ üst bölgede yakınında Kıbrıs, Azerbaycan, Özbekistan ve Yunanistan, Nepal popülasyonları ve biraz daha uzağında Irak ve Suudi Arabistan popülasyonları aynı düzlemde. Sol üst düzlemde İspanya Ukrayna, Bosna Hersek, Fas popülasyonları, sol alt düzlemde İngiltere, Belçika ve Rusya popülasyonları ve sağ altta Amerika ve Brezilya popülasyonları görülmektedir (84-97).

Şekil 2’de görülen filogenetik ağaca göre Türkiye’nin öncelikle Azerbaycan, daha sonra Kıbrıs, Özbekistan ve Yunanistan’a diğerlerine göre genetik olarak daha yakın mesafede olduğu görülmektedir. Kıbrıs popülasyonun da bulunduğu grupta Irak, Suudi Arabistan ve Fas’a Kıbrıs popülasyonuna göre daha uzak mesafededir. Yunanistan ile aynı grupta olduğu İspanya, Bosna Hersek ve Ukrayna popülasyonlarına göre daha uzak mesafede olduğu anlaşılmaktadır. Daha uzağa gidildikçe sırasıyla İngiltere, Belçika, Rusya popülasyonları ve en uzak olarak Amerika ve Brezilya popülasyonları gözlenmektedir.

Analizleri Straf programında yapılan 15 otozomal STR lokusu bakımından Türkiye popülasyonun 7 alt bölgesine ait Nei’s genetik uzaklık prensibine göre bölgelerin uzaklık değerleri tablo 36’da ve Nei’s genetik uzaklık prensibine göre bölgelerin genetik ağaç çizimi şekil 3’te ve Nei’s genetik uzaklık prensibine göre bölgelerin mds tabanlı koordinat düzlemi ise

şekil 4’te verilmiştir. Lokusların alel frekansları dikkate alınarak yapılan alt popülasyonlar arası karşılaştırmada düzeltilmiş Fst değerleri kullanılmıştır. Bu değerler 0-1 arasında yer alır ve 0’a yaklaştıkça daha küçük bir genetik farklılaşmayı ifade eder Bu genetik uzaklık verileri ve genetik ağaç çiziminde görüldüğü üzere Marmara Bölgesi Karadeniz, Doğu Anadolu ve İç Anadolu ile diğer bölgelere göre daha fazla benzerlik göstermektedir. Koordinat düzleminde de buna benzer bir durum olduğu görülmektedir. Doğu Anadolu Bölgesi’nden Karadeniz Bölgesi’ne mevsimlik göç ya da Karadeniz ve Doğu Anadolu Bölgesi’nden Marmara Bölgesi’ne daimi göç olması bu bölgelerinin birbirine genetik olarak yakın olmasıyla ilişkilendirilebilir. Güneydoğu Anadolu Bölgesi’nin diğerlerine göre genetik olarak daha uzakta yer alması ise içerisinde birçok etnik grup barındırması ve bazı grupların diğer gruplara göre daha izole olması ile açıklanabilir.

Daha önce bahsettiğimiz üzere belli bir popülasyon üzerinde otozomal STR çalışması yapıldığında temel bileşenler analizi koordinat düzleminde birbirine yakın noktalarda gruplaşmasını bekleriz. Çalışmamızda şekil 5’te ikinci analizde görüldüğü gibi 7 bölgenin STR sonuçları aynı düzlem üzerinde örülmüştür. Birinci analizdeki düzlemin yakınında görülen iki nokta ve farklı uçlarda bulunan diğer iki nokta popülasyonda bulunan bireylerden bazılarını temsil etmektedir. Bu kişiler tespit edilip elektroforegramları tekrar incelenmiş ve doğru olduğu görülmüştür. Analitik düzlem üzerinde 2 kişinin çok farklı noktalarda bulunması göç veya popülasyona dışarıdan dahil olmuş olabileceklerini göstermektedir. Bu dört kişinin profilleri incelendiğinde 90 numaralı örneğin D7S820 lokusunda bulunan 19 numaralı alelin incelenen popülasyonlar arasında yalnızca Türkiye popülasyonunda ve yalnızca bu kişide olduğu görülmektedir. Benzer şekilde 521 numaralı örneğin D21S11 lokusunun 13 numaralı aleli yalnızca Türkiye popülasyonunda bu örnekte ve diğer incelenen ülkeler arasında yalnızca Brezilya popülasyonunda görülmüştür. Diğer iki örneğin birinde D7S820 lokusunda 19 numaralı alel diğerinde D2S1338 lokusunda bulunan 12 numaralı alel yalnızca Türkiye popülasyonundabu örneklerde tespit edilmiştir.

Çalışma sonuçlarını lokus bazında değerlendirecek olursak;

D8S1179 lokusu için;

Tablo 17’deki verilere göre Türkiye genelinde 11 farklı alel tespit edilmiş olup en sık görülen 13 (0,2907) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 18 (0,0005), 9 ve 17 (0,0095) numaralı alellerdir. 18 numaralı alel yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005

olarak hesaplanmıştır. Bu alelin popülasyona dışarıdan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 1'deki verilere göre hemen hemen tüm ülkelerde en sık görülen alel 13 (0,4200) numaralı alel olup en yüksek frekansı Rusya'da göstermiştir. Türkiye popülasyonunda yalnızca 1 kişide görülen 18 numaralı alel Kıbrıs, Yunanistan, Özbekistan, Brezilya ve İspanya popülasyonlarında ise daha yüksek frekanslarda gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu, Ege, Doğu Anadolu ve Akdeniz Bölgesi'nde en sık görülen alel 13 numaralı alel olup frekansı sırasıyla 0,3206, 0,2982, 0,3107, 0,2569, 0,3133, 0,2467, 0,2718'dir.

Marmara Bölgesi'nde ve İç Anadolu'da en az görülen 17 (0,0045), (0,0097), Karadeniz Bölgesi'nde 18 (0,0022), Güneydoğu Anadolu, Ege ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde 9 (0,0092), (0,0060), (0,0099) ve Akdeniz Bölgesi'nde en az görülen alel 9 ve 17 (0,0097) numaralı alellerdir.

D21S11 lokusu için;

Tablo 18'deki verilere göre Türkiye genelinde 26 farklı alel tespit edilmiş olup en sık görülen 30 (0,2078) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 9, 13, 24.3, 28.3, 29.3, 31.1, 35.2 (0,0005), 9.3, 19, 28.2, 28.3, 29.3, 31.1, 35.2 (0,0010) numaralı aleldir. 9, 13, 24.3, 28.3, 29.3, 31.1, 31.1 numaralı aleller yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmıştır. Bu alellerin popülasyona dışardan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 2'deki verilere göre hemen hemen tüm ülkelerde en sık görülen aleller 29 ve 30 numaralı aleller olup en yüksek frekansı 29 (0,2890) numaralı alel Suudi Arabistan'da göstermiştir. Türkiye popülasyonunda yalnızca 1 kişide görülen 13 numaralı alel Brezilya popülasyonunda, 29.3 numaralı alel İngiltere popülasyonunda, 35.2 numaralı alel Bosna, Özbekistan, Nepal ve İspanya popülasyonlarında daha sık gözlemlenmiştir.

19 (0,0010) numaralı alel tüm ülkeler arasında yalnızca Türkiye'de görülürken 28.2 numaralı alel Yalnızca Türkiye (0,0010), Özbekistan (0,0040) ve Nepal (0,0090)'de görülmüştür.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, İç Anadolu, Ege, Doğu Anadolu ve Akdeniz Bölgesi'nde en sık görülen alel 29 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,2354, 0,2961, 0,2831, 0,3026 ve 0,2379'dur. Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde 29 ve 30 numaralı aleller 0,2248 frekansla en sık görülen alel olurken Karadeniz Bölgesi'nde en sık görülen 0,2325 frekans ile 30 numaralı alel olmuştur.

Marmara Bölgesi'nde 28.2, 29.2, 33 (0,0022), Karadeniz Bölgesi'nde 26, 29.2, 34.2, 35.2 (0,0022), İç Anadolu Bölgesi'nde 24.3, 29.2, 32, 34.2 (0,0049), Güneydoğu Anadolu Bölgesinde 28.3, 29.3, 34.2 (0,0046) Ege Bölgesi'nde 34.2 (0,0060), Doğu Anadolu Bölgesi'nde 26, 32, 34.2 (0,0033), Akdeniz Bölgesi'nde 9, 13, 26, 28.2, 31.1, (0,0049) en az görülen alellerdir.

D7S820 lokusu için;

Tablo 19'daki verilere göre Türkiye genelinde 11 farklı alel tespit edilmiş olup en sık görülen 10 (0,2827) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 6 (0,0005), 17 ve 19 (0,0010) numaralı alellerdir. 6 numaralı alel yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmıştır. Bu alelin popülasyona dışardan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 3'teki verilere göre hemen hemen tüm ülkelerde en sık görülen alel 13 (0,4200) numaralı alel olup en yüksek frekansı Rusya'da göstermiştir. Türkiye popülasyonunda yalnızca 1 kişide görülen 6 numaralı alel yalnızca Kıbrıs popülasyonunda görülmüştür. 17 ve 19 numaralı aleller Türkiye popülasyonu dışında gözlemlenmemiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu, Ege, Doğu Anadolu ve Akdeniz Bölgesi'nde en sık görülen alel 10 numaralı alel olup frekansı sırasıyla 0,2578, 0,3092, 0,2476, 0,3028, 0,2952, 0,2993, 0,2961'dir.

Marmara Bölgesi'nde en az görülen 15 (0,0022), Karadeniz Bölgesi'nde 14 (0,0219), İç Anadolu Bölgesi'nde 17 (0,0097), Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde en az görülen alel 7 ve 13 (0,0138), Ege, Doğu Anadolu, Akdeniz ve Karadeniz Bölgeleri'nde ise 14 numaralı alel olup frekansı sırasıyla 0,0060, 0,0033, 0,0049, 0,0219'dur.

CSF1PO lokusu için;

Tablo 20'deki verilere göre Türkiye genelinde 9 farklı alel tespit edilmiştir. En sık görülen 11 (0,3132) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 7 ve 15 (0,0010) numaralı alellerdir.

Ek 4'teki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen aleller 10,11,12 numaralı aleller olup en yüksek frekansı 12 (0,4060) numaralı alel Özbekistan'da göstermiştir. 6 numaralı alel sadece Brezilya ve Suudi Arabistan'da 16 numaralı alel ise sadece Ukrayna ve İngiltere'de gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz ve Akdeniz Bölgesi'nde 11 numaralı alel en sık görülen alel olup frekansları sırasıyla 0,3565, 0,3158, 0,3398'dir. İç Anadolu ve

Ege Bölgesi'nde ise sırasıyla 0,3301 ve 0,3434 frekans değerleri ile 12 numaralı alel en sık görülen alel olmuştur.

Marmara, Güneydoğu Anadolu, Ege, Doğu Anadolu Bölgeleri'nde en az görülen alel 14 numaralı alel olup sırasıyla 0,0067, 0,0046, 0,0060, 0,0033, 0,0097 frekansları ile gözlemlenmiştir. En az görülen 14 numaralı alele ek olarak Ege Bölgesi'nde alel 15 (0,0060), Doğu Anadolu Bölgesi'nde 7 (0,0033) numaralı aleller gözlemlenmiştir.

Diğer bölgelerden farklı olarak Karadeniz Bölgesi'nde 8, 15 (0,0022) ve İç Anadolu Bölgesi'nde 17 (0,0049) numaralı aleller en az görülen aleller olmuştur.

D3S1358 lokusu için;

Tablo 21'deki verilere göre Türkiye genelinde 10 farklı alel gözlemlenmiştir. En sık görülen 16 (0,2575) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 11 (0,0005), 12 (0,0015) numaralı aleldir. 11 numaralı alel yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmıştır. Bu alellin popülasyona dışardan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 5'teki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen aleller 15, 16 ve 17 numaralı alellerdir. En yüksek frekans 0,4348 ile Amerika'da 15 numaralı alele gözlemlenmiştir. 17.1 numaralı alel sadece Belçika'da gözlemlenmiştir. Türkiye popülasyonunda yalnızca tek kişide görülen 11 numaralı alel Özbekistan, Ukrayna, Belçika ve İspanya popülasyonlarında daha yüksek frekans değerleri ile gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara Bölgesi'nde en sık görülen alel 15 (0,2668), Karadeniz Bölgesi'nde en sık görülen aleller 15, 17 (0,2522), İç Anadolu, Ege ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde 17 numaralı alel sırasıyla 0,2670, 0,2169, 0,2769 frekansları ile gözlemlenmiştir. Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde ise 13 (0,2936), Akdeniz Bölgesi'nde 16 (0,2718) numaralı aleller en sık görülenler olmuştur.

Marmara Bölgesi'nde en az görülen alel 11 (0,0022), Karadeniz ve Ege Bölgesi'nde 20 (0,0044), (0,0060), Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde 13 (0,0046), İç Anadolu Bölgesi'nde ise 13 ve 20 (0,0049) numaralı alellerdir. Doğu Anadolu Bölgesi ve Akdeniz Bölgesi'nde ise en az görülen alel 19 (0,0132), (0,0146) numaralı aleldir.

TH01 lokusu için;

Tablo 22'deki verilere göre Türkiye genelinde 11 farklı alel tespit edilmiş olup en sık görülen 6 (0,2712) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 7.3, 8.3, 23 ve 26 (0,0005) ve 11 (0,0025) numaralı aleldir. 7.3, 8.3, 23 ve 26 numaralı alel yalnızca tek kişide görülmüş olduğu

için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmıştır. Bu alellerin popülasyona dışardan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 6'daki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen aleller 6,7,9 ve 9.3 numaralı alellerdir. En yüksek frekans Fas popülasyonunda 9 (0,3750) numaralı alelde gözlemlenmiştir. 11 numaralı alel yalnızca Türkiye ve Ukrayna popülasyonunda gözlemlenmiştir. 3 numaralı alel sadece Kıbrıs popülasyonunda, 8.3 numaralı alel Suudi Arabistan popülasyonunda, 12 ve 13 numaralı aleller sadece Brezilya popülasyonunda gözlemlenmiştir. Türkiye popülasyonunda yalnızca tek kişide görülen 7.3 numaralı alel incelenen popülasyonlar arasında yalnızca Suudi Arabistan popülasyonunda, 8.3 numaralı alel ise Rusya, Suudi Arabistan ve İngiltere popülasyonunda gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu, Ege, Doğu Anadolu ve Akdeniz Bölgeleri'nin tamamında en sık görülen alel 6 numaralı alel olup frekansı sırasıyla 0,2780, 0,2741, 0,2670, 0,2573, 0,2470, 0,2961, 0,2573'tür.

Marmara, Karadeniz, İç Anadolu ve Ege Bölgesi'nde en az görülen 11 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,0022, 0,0022, 0,0049, 0,0060 ve 0,0049'dur. Ek olarak Akdeniz Bölgesi'nde 7.3(0,0049) Karadeniz Bölgesi'nde 8.3 (0,0022), İç Anadolu Bölgesi'nde 23,26 (0,0049) numaralı aleller 11 numaralı ile aynı frekansta görülmüştür. Güneydoğu Anadolu ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde ise en az görülen alel 10 numara olup frekansı sırasıyla 0,0183, 0,0197'dir.

D13S317 lokusu için;

Tablo 23'teki verilere göre Türkiye genelinde 9 farklı alel gözlemlenmiş olup en sık görülen 12 (0,3057) numaralı aleldir. En az görülen alel ise 7 (0,0010) numaralı aleldir.

Ek 7'deki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen aleller 11 ve 12 numaradır. En yüksek frekans değeri 12 numaralı alelde Suudi Arabistan popülasyonunda görülmüştür. 5 numaralı alel yalnızca İngiltere, 10.1 numaralı alelyalnızca Nepal popülasyonunda gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, Ege ve Akdeniz Bölgesi'nde en sık görülen alel 12 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,3049, 0,3224, 0,2711, 0,3058'dir. İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu ve Doğu Anadolu Bölgeleri'nde en az görülen alel ise 11 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,3107, 0,3624 ve 0,3257'dir.

Marmara ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde en az görülen alel 7, Karadeniz ve Akdeniz Bölgesi'nde en az görülen alel 15 olup frekansları sırasıyla 0,0022, 0,0033 ve 0,0022, 0,0049'dur. İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu, Ege ve Akdeniz Bölgesi'nde en az görülen alel14

olup frekansları sırasıyla 0,0340, 0,0183, 0,0482, 0,0049'dur. 14 numaralı alelin yanı sıra İç Anadolu Bölgesi'nde en az görülen 10 (0,0340) numaralı aleldir.

D16S539 lokusu için;

Tablo 24'deki verilere göre Türkiye genelinde 9 farklı alel gözlemlenmiş olup en sık görülen 11 (0,3117) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 7 (0,0005) ve 15 (0,0025) numaralı aleldir. 7 numaralı alel yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmıştır. 15 numaralı alelin popülasyona dışardan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 8'deki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen aleller 11 ve 12'dir. En yüksek frekans değeri 11 (0,3820) numaralı alele Suudi Arabistan popülasyonunda gözlemlenmiştir. 5 numaralı alel Brezilya, 6 numaralı alel Nepal, 7 numaralı alel Yunanistan ve 12.2 numaralı alel yalnızca Suudi Arabistan popülasyonunda gözlemlenmiştir. Türkiye popülasyonunda yalnızca bir kişide görülen 7 numaralı alel karşılaştırılan ülkeler arasında yalnızca Yunanistan'da gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu, Ege ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde en sık görülen alel 11 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,3117, 0,3311, 0,3155, 0,3211, 0,3193 ve 0,2895'tir. Akdeniz Bölgesi'nde en sık görülen alel ise 12 (0,2961) numaralı aleldir.

Marmara ve İç Anadolu Bölgesi'nde en az görülen 15 numaralı alel olup frekansları 0,0022 ve 0,0097'dir. Doğu Anadolu ve Akdeniz Bölgesi'nde en az görülen alel 14 numaralı alel olup frekansları 0,0230 ve 0,0243'tür. Güneydoğu Anadolu ve Ege Bölgesi'nde en az görülen alel 8 numaralı alel olup frekansları 0,0321, 0,0060'dır. Karadeniz Bölgesi'nde ise en az görülen alel 7 (0,0022) numaralı aleldir.

D2S1338 lokusu için;

Tablo 25'te yer alan verilere göre Türkiye genelinde 20 farklı alel gözlemlenmiş olup en sık görülen 17 (0,2073) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 18.3, 23.3, 28 (0,0005) ve 12, 13, 14, 15 ve 19.3 (0,0010) numaralı aleldir. 18.3, 23.3 ve 28 numaralı aleller yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmış ve popülasyona dışardan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 9'daki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen alel 17 numaralı olup 0,2750 ile frekansı en yüksek görülen değer Fas popülasyonunda bulunmaktadır.

19.3 numaralı alel yalnızca Türkiye popülasyonunda, 28 numaralı alel Türkiye popülasyonundaki bir kişi hariç yalnızca İngiltere popülasyonunda, 29 numaralı alel yalnızca Ukrayna popülasyonunda görülmüştür.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu, Ege, Doğu Anadolu ve Akdeniz Bölgesi'nde en sık görülen alel 17 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,1861, 0,2039, 0,1699, 0,2615, 0,1687, 0,2237, 0,2476'dır.

Marmara Bölgesi'nde en az görülen alel 15 (0,0022) numara, Karadeniz Bölgesi'nde en az görülen alel 14 (0,0022) , İç Anadolu Bölgesi'nde en az görülen alel 26 (0,0049) numara, Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde en az görülen alel 14, 23.3, 25 (0,0046) numara, Ege Bölgesi'nde en az görülen alel 15 (0,0060) numara, Doğu Anadolu Bölgesi'nde en az görülen alel 26, 28 (0,0033) numara ve Akdeniz Bölgesi'nde en az görülen alel 18.3 ve 26 (0,0049)'dır.

D19S433 lokusu için;

Tablo 26'daki verilere göre Türkiye genelinde 21 farklı alel gözlemlenmiştir, en sık görülen 14 (0,2527) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 9, 15.3, 18, 25 (0,0005) ve 18.2 (0,0010) numaralı alellerdir. 9, 15.3, 18 ve 25 numaralı aleller yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmış ve popülasyona dışardan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 10'daki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen alel 11 numaralı olup 0,2750 ile frekansı en yüksek görülen değer Fas popülasyonunda bulunmaktadır. Türkiye popülasyonunda yalnızca bir kişide görülen 9 numaralı alel Brezilya popülasyonu, 18 numaralı alel Kıbrıs ve İngiltere popülasyonunda gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, İç Anadolu, Ege ve Akdeniz Bölgesi'nde en sık görülen alel 14 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,2780, 0,2654, 0,2913, 0,2229 ve 0,2184'tür. Güneydoğu Anadolu ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde en sık görülen alel 13 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,2202 ve 0,2664'tür.

Marmara Bölgesi'nde en az görülen 17, 14.2 (0,0022) numara, Karadeniz Bölgesi'nde 10, 17.2, 18.2 (0,0022), İç Anadolu Bölgesi'nde 14.3, 17.2 (0,0049), Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde 9, 10, 14.3(0,0046), Ege Bölgesi'nde 10, 11, 11.2 (0,0060), Doğu Anadolu Bölgesi'nde 11, 11.2, 18.2 (0,0033), Akdeniz Bölgesi'nde en az görülen alel 17.2, 15.3 (0,0049) 'tür.

vWA lokusu için;

Tablo 27'deki verilere göre Türkiye genelinde 11 farklı alel tespit edilmiştir. En sık görülen 17 (0,2922) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 10, 12, 24 (0,0005), 23 (0,0010)

numaralı aleldir. 10, 12 ve 24 numaralı alel yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmıştır. Popülasyona dışardan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 11'deki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen aleller 16 ve 17 numaralı alellerdir. En yüksek frekans 17 (0,3516) numaralı alel ile Azerbaycan popülasyonunda görülmüştür. 23 numaralı alel yalnızca Türkiye popülasyonunda, 7 numaralı alel Brezilya popülasyonunda, 18.2 numaralı alel Ukrayna popülasyonunda gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu ve Akdeniz Bölgesinde en sık görülen alel 17 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,2915, 0,2917, 0,3010, 0,3257 ve 0,2767'dir. Ege ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde en sık görülen alel ise 16 numaralı alel frekansları sırasıyla 0,2651 ve 0,2993'tür.

Marmara Bölgesi'nde en az görülen 13, 20 (0,0022) numara Karadeniz Bölgesi'nde en az görülen aleller 10, 12, 13, 23, 24 (0,0022), İç Anadolu Bölgesi'nde en az görülen alel 20 (0,0194) numara, Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde en az görülen alel 13 (0,0046) numara ve Akdeniz Bölgesi'nde en az görülen alel 20 (0,0049) numaradır.

TPOX lokusu için;

Tablo 28'deki verilere göre Türkiye genelinde 9 farklı alel gözlemlenmiştir. En sık görülen 8 (0,5305) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 7.3 (0,0005), 7, 13 ve 14 (0,0010) numaralı aleldir. 7.3 numaralı alel yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmıştır. Bunun nedeninin alelin popülasyona dışardan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 12'deki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen alel 8 numara olup en yüksek frekans 0,5800 ile Ukrayna popülasyonunda gözlenmiştir. 14 numaralı alel yalnızca Türkiye popülasyonunda gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu, Ege, Doğu Anadolu ve Akdeniz Bölgesi'nde en sık 8 numaralı alel gözlemlenmiş olup frekansları sırasıyla 0,5448, 0,5022, 0,5485, 0,5596, 0,5000, 0,5230 ve 0,5485'tir.

Marmara Bölgesi'nde en az görülen aleller 7, 13 (0,0022) numara, Karadeniz Bölgesi'nde en az görülen alel 14 (0,0044), İç Anadolu Bölgesi'nde en az görülen alel 12 (0,0340) numara, Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde en az görülen alel 7, 7.3 (0,0046) numara, Ege Bölgesi'nde en az görülen alel 13 (0,0060) numara, Doğu Anadolu Bölgesi'nde en az görülen alel 12 (0,0197) numara ve Akdeniz Bölgesi'nde en az görülen alel 12 (0,0194)'dir.

D18S51 lokusu için;

Tablo 29'daki verilere göre Türkiye genelinde 20 farklı alel tespit edilmiştir. En sık görülen 14 (0,1793) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 10.2, 22.2, 29, 30 (0,0005) ve 14.2 (0.0010) numaralı aleldir. 10.2, 22.2, 29 ve 30 numaralı aleller yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmıştır. Bunun nedeninin alellin popülasyona dışarıdan gelmesiyle ya da mutasyon nedeniyle oluşmuş olabileceğinden genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Tablo 13'teki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen aleller 14, 15, 16 ve 17 numaralı alellerdir. En yüksek frekans 12 (0,3360) numaralı alele Brezilya popülasyonundagözlemlenmiştir. 6, 7 ve 13,2 numaralı alel yalnızca Brezilya popülasyonunda, 12.2 ve 27 numaralı aleller yalnızca Amerika popülasyonunda, 14.2 numaralı alel yalnızca Türkiye ve Ukrayna popülasyonunda gözlemlenmiştir. Aynı zamanda Türkiye'de yalnızca bir kişide görülen 10.2 numaralı alel Brezilya, Suudi Arabistan ve Kıbrıs popülasyonlarında gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde en sıkgörülen alel 14 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,1996, 0,2654, 0,1650, 0,2018 ve 0,1875'tir. Ege Bölgesi'nde en sık görülen alel 16 (0,1747), Akdeniz Bölgesi'nde ise 12 (0,1602) numaralı aleldir.

Marmara Bölgesi'nde en az görülen alel 23 (0,0022) numara, Karadeniz Bölgesi'nde 10, 10.2, 17.2, 18.2 (0,0022), İç Anadolu Bölgesi'nde 10, 14.2, 22 (0.0049), Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde 9 (0,0046) numara, Doğu Anadolu Bölgesi'nde 22.2, 23 (0,0033), Ege Bölgesi'nde 10, 11, 22, 23 (0,0060), ve Akdeniz Bölgesi'ndeise 9, 29 ve 30 (0,0049)numaralı alellerdir.

D5S818 lokusu için;

Tablo 30'daki verilere göre Türkiye genelinde 13 farklı alel gözlemlenmiştir. En sık görülen 12 (0,3272) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 12.3, 16, 23 (0,0005), 15, 21 (0.0015) numaralı aleldir. 12.3, 16, ve 23 numaralı numaralı alel yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmıştır. Bunun nedeninin alellin popülasyona dışardan geldiği ya da mutasyon varlığı nedeniyle genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 14'teki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen aleller 11 ve 12 numaralı alellerdir. En yüksek frekans gösteren alel 11 (0,4379) numara ile Amerika popülasyonunda görülmüştür. 21 numaralı alel yalnızca Türkiye popülasyonunda, 6 numara yalnızca Brezilya popülasyonunda 13.2 numaralı alel yalnızca Rusya ve Amerika popülasyonlarında gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz, Güneydoğu Anadolu, Doğu Anadolu ve Akdeniz Bölgesi'nde en sık görülen alel 12 numaralı alel olup frekansları sırasıyla 0,3386, 0,3158, 0,3486, 0,3257 ve 0,1602'dir. Ege ve İç Anadolu Bölgesi'nde en sık görülen alel ise 11 numaralı aleldir (0,3133), (0,3252).

Marmara Bölgesi'nde en az görülen 15 (0,0022), Karadeniz Bölgesi'nde 7, 15 (0,0022), Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde 7, 21, 23 (0,0046), Doğu Anadolu Bölgesi'nde 7, 8 (0,0066) Akdeniz Bölgesi'nde 17, 8, 12.3, 15, 16 (0,0097), Ege Bölgesi'nde 8, 14 (0,0060), İç Anadolu Bölgesi'nde 11 (0,3252) en az görülen alel 8 (0,0049) numaralı alellerdir.

FGA lokusu için;

Tablo 31'deki verilere göre Türkiye genelinde en sık görülen 22 (0,1808) numaralı aleldir. En az görülen aleller ise 10, 11, 15, 19.3, 23.3, 24.2, 25.2 ve 29 (0,0005), 14, 24.3 (0,0010) numaralı aleldir. 10, 11, 15, 19.3, 23.3, 24.2, 25.2 ve 29 numaralı alel yalnızca tek kişide görülmüş olduğu için frekansı 0,0005 olarak hesaplanmıştır. Bunun nedeninin alellin popülasyona dışardan geldiği ya da mutasyon varlığı nedeniyle genetik ağaç çizimine dahil edilmemiştir.

Ek 15'teki verilere göre tüm ülkelerde en sık görülen aleller 21, 22, 23 ve 24 numaralı alellerdir. En yüksek frekans gösteren alel 23 (0,2563) numara ile Fas popülasyonunda görülmüştür. Türkiye popülasyonunda yalnızca bir kişide görülen 24.2 numaralı alel birçok farklı popülasyonda, 25.2 numaralı alel Özbekistan, Kıbrıs ve Yunanistan popülasyonlarında ve 29 numaralı alel Brezilya ve Suudi Arabistan popülasyonlarında gözlemlenmiştir.

Bölgesel olarak bakıldığında; Marmara, Karadeniz ve Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde en sık görülen alel 22 numara olup frekansları sırasıyla 0,1682, 0,1930 ve 0,1972'dir.

Marmara Bölgesi'nde en az görülen aleller 21.2, 25.2, 28 (0,0022), Karadeniz Bölgesi'nde 14,17,27 (0,0022), İç Anadolu Bölgesi'nde 15,18, 21.3, 22.2, 28, 29 (0,0049), Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde 10,11,14, 19.3, 21.2 23.3, 24.3 (0,0046), Ege Bölgesi'nde 18 (0,0060), Doğu Anadolu Bölgesi'nde 21.2, 27, 28 (0,0066) ve Akdeniz Bölgesi'nde 18,19,21.2, 23.2, 24, 24.3, 27 (0,0049) numaralı alellerdir.

Bölgeler bazında adli istatistik sonuçlarını değerlendirecek olursak;

Marmara Bölgesi için;

En fazla alel 16 farklı şekilde D18S51 lokusunda gözlemlenmiştir. Ayrım gücü 0,9707 ve polimorfizm bilgi içeriği 0,8717 ile en yüksek frekans değerine sahip lokus D2S1338, dışlama gücü ve tipik babalık endeksi en yüksek frekans değerine sahip lokuslar 0,7799 değeri

ile yine D2S1338 ve ek olarak D18S51'dir. 7 alel ile en az alel çeşidi, en düşük ayırım gücü 0,8123, en az polimorfizm bilgi içeriği 0,5727, en düşük dışlama gücü ve tipik babalık endeksi 0,3314 ile TPOX lokusunda gözlemlenmiştir.

Akdeniz Bölgesi için;

En fazla alel 17 farklı şekilde D21S11 lokusunda, 5 farklı şekilde en az çeşit TPOX lokusunda gözlemlenmiştir. Ayırım gücü 0,9658 ile en yüksek olan ve eşleşme olasılığı 0,0342 ile en düşük frekans değerine sahip olan lokus D2S1338'dir. Dışlama gücü 0,8014, polimorfizm bilgi içeriği 0,8691 ve tipik babalık endeksi 5,15 ile en yüksek frekans değerine sahip lokus D18S51'dir. Eşleşme olasılığı 0,2095 ile en yüksek, ayırım gücü 0,7905, dışlama gücü 0,3427, polimorfizm bilgi içeriği 0,5545 ve tipik babalık endeksi 1,3919 ile en düşük frekans değerine sahip lokusun TPOX olduğu gözlemlenmiştir.

Güneydoğu Anadolu Bölgesi için;

En fazla alel 16 farklı şekilde FGA lokusunda gözlemlenmiştir. TH01 ve CSF1PO 6 farklı alel ile en az alel çeşidi gösteren lokuslardır. Ayırım gücü 0,9610, polimorfizm bilgi içeriği 0,8546 ile en yüksek frekans değerine sahip lokus FGA'dır. 0,0390 frekans değeri ile en düşük eşleşme olasılığı FGA lokusundadır. Dışlama gücü 0,7378 ve babalık endeksi 3,8929 ile en yüksek frekansa sahip lokus D18S51'dir. Ayırım gücü 0,7964, dışlama gücü 0,3205, polimorfizm bilgi içeriği 0,5672 ve babalık endeksi 1,3293 ile en düşük frekansasahip olan ve 0,2036 frekans değeri ile en yüksek eşleşme olasılığı gösteren lokus TPOX'tur.

Doğu Anadolu Bölgesi için;

En fazla alel 16 farklı şekilde D19S433 lokusunda, 5 farklı alel ile en az alel çeşidi TPOX lokusunda görülmüştür. 0,9666 frekans değeri ile ayırım gücü en yüksek lokus D21S1338'dir. Dışlama gücü 0,8116, babalık endeksi 5,4286 ve polimorfizm bilgi içeriği 0,8640 ile en yüksek frekans değerine sahip lokus D18S51'dir. Ayırım gücü 0,8159, Dışlama gücü 0,3570, polimorfizm bilgi içeriği 0,5983, babalık endeksi 1,4340 ile en düşük, eşleşme olasılığı 0,1841 ile en yüksek frekans değerlerine sahip lokus TPOX'tur.

İç Anadolu Bölgesi için;

En fazla alel 16 farklı çeşit ile FGA lokusunda, 5 farklı alel ile en az alel çeşidi TPOX lokusunda görülmüştür. Ayırım gücü 0,9673, polimorfizm bilgi içeriği 0,8710 ile en yüksek, eşleşme olasılığı 0,0327 ile en düşük frekans değerlerine sahip lokus D2S1338'dir. Dışlama

gücü0,6654, Babalık endeksi3,0294 ile en yüksek frekans değerlerine sahip lokus FGA'dır. Ayrım gücü0,8125, dışlama gücü 0,3051, polimorfizm bilgi içeriği 0,5782, babalık endeksi 1,2875'dir.

Ege Bölgesi için;

En fazla alel 15 farklı çeşit ile D19S433 lokusunda, 6 farklı alel ile en az alel çeşidi TPOX lokusunda görülmüştür. Ayrım gücü0,9624, dışlama gücü0,8028, polimorfizm bilgi içeriği 0,8686, babalık endeksi5,1875 ile en yüksek, eşleşme olasılığı 0,0376 frekans değeri ile en düşük olan lokus D2S1338'dir. Ayrım gücü0,8471, polimorfizm bilgi içeriği 0,6270, babalık endeksi 0,1529 ile en düşük, eşleşme olasılığı 0,1529 ile en yüksek frekans değerlerine sahip lokus TPOX'tur. Dışlama gücü0,3902, babalık endeksi1,5370 ile en düşük frekans değerlerine sahip lokus CSF1PO'dur.

Karadeniz Bölgesi için;

En fazla alel 16 farklı çeşit ile D19S433 lokusunda, 6 farklı alel ile en az alel çeşidi TPOX lokusunda görülmüştür. Ayrım gücü0,9706, polimorfizm bilgi içeriği 0,8698 ile en yüksek, eşleşme olasılığı 0,0294 ile en düşük frekans değerlerine sahip lokus D2S1338'dir. Dışlama gücü0,7580 ve babalık endeksi 4,2222 ile en yüksek frekans değerlerine sahip lokus D18S51'dir. Eşleşme olasılığı 0,6633 ile en yüksek, ayrım gücü0,8362, dışlama gücü0,3248, polimorfizm bilgi içeriği 0,6152, babalık endeksi1,3412 ile en düşük lokus TPOX'tur.

6. SONUÇ

Türkiye popülasyonu için 15 STR bölgesinin çalışarak oldukça detaylı bir şekilde yapılan bu tez çalışması esasen daha önce ülkemizde yapılan çeşitli çalışmalardan birçok açıdan farklılık göstermektedir. Bu farklılıklar içerisinde öncelikle Türkiye'nin 7 bölgesinde temel bileşenler analizi yapılarak koordinat düzleminde kişilerin ve bölgelerin dağılımının gösterilmesi gelmektedir. Akabinde Türkiye'nin 7 bölgesi için filogenetik ağaç çizimi yapılmış ve çok boyutlu ölçeklem üzerinde bölgelerin dağılımı gösterilmiştir. Diğer bir farklılık için Türkiye popülasyonunun ülkelerle ne kadar yakınlık ve uzaklık ilişkisi gösterdiği hem Nei's genetik uzaklık prensibine göre filogenetik ağaç çizimi ile hem de çok boyutlu ölçeklem üzerinde gösterilmiş olmasıdır. Bunlara ek olarak çalışmamızda bağlantı dengesizliği p değerleri belirtilmiş olup bu değerlerin dağılımına göre Kolmogorov-Smirnov testi yapılmıştır. Çalışmamızda ayrıca teker teker lokus ve alel bazında 16 ülke ile karşılaştırılarak nadir görülen aleller bazında detaylı bir analiz ile değerlendirilmiştir. Gerçekleştirilen bu doktora tez çalışmasında elde edilen verilerin kriminal olayların aydınlatılmasında ve genetik kimliklendirme çalışmalarında katkı sunacağını düşünmekteyiz.

7. KAYNAKLAR

1. Kashyap, V. K., Sitalaximi, T., Chattopadhyay, P., & Trivedi, R. (2004). DNA profiling technologies in forensic analysis. *International Journal of Human Genetics*, 4(1), 11-30.
2. Schneider, P. M., Bender, K., Mayr, W. R., Parson, W., Hoste, B., Decorte, R., ... & Greenhalgh, M. (2004). STR analysis of artificially degraded DNA—results of a collaborative European exercise. *Forensic Science International*, 139(2-3), 123-134.
3. Bianchi L, Liò P. (2007) Forensic DNA and bioinformatics. *Brief Bioinform.* 2007 Mar;8(2):117-28.
4. Aşicioğlu, F., Akyüz, F., Cetinkaya, U., Yılmaz, S., Koluçık, S., Vural, B., & Ozbek, U. (2002). Turkish population data on nine short tandem repeat loci: HumCSF1PO, HumTHO1, HumTPOX, HumFES/FPS, HumF13B, HumVWA, D3S1358, D7S820, D16S539. *Forensic Science International*, 126(3), 252-253.
5. Asicioglu, F., Akyuz, F., Cetinkaya, U., & Ozbek, U. (2002). Allele distribution data of nine short tandem repeat loci for Turkish population: D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317, D7S820. *Forensic Science International*, 129(1), 75-77.
6. Ülkür, Ü., Kurtuluş-Ülkür, M., Elma, C., Kesici, T., & Menevşe, S. (2004). Short tandem repeat (STR) polymorphisms in Turkish population. *Journal of Genetics*, 83(2), 197-199.
7. AKSOY, A. (2010). Doğu Anadolu bölgesi Elazığ il popülasyonuna ait 15 STR lokusları için allel frekansları dağılımının incelenmesi/Determination of allele frequency of 15 STR loci in Elazığ districts of the Eastern Anatolia region.
8. Öztürk, T. S. (2019). Yeni 10 str lokusunun (D7S1517, D3S1744, d12s391, d2s1360, d6s474, D4S2366, D8S1132, D5S2500, D21S2055, d10S2325) türkiye'deki gen sıklığının belirlenmesi
9. Canturk, K. M., Gurkan, C., Sevey, H., & Emre, R. (2017). Evaluation of the genetic parameters for 10 common and five new ESS core autosomal STR loci in seven major geographic regions and the largest metropolitan province of Turkey. *Annals Of Human Biology*, 44(2), 149-163.
10. Adli Genetik, Çavuş Yonar F. , Yükseloğlu E. H., Suç Araştırmalarında Kriminal Yaklaşımlar, Dr.Öğr.Üyesi Yakup Gülekçi, Editör, Akademisyen, Ankara, ss.163-184, 2020

11. Jeffreys, A. J., Wilson, V., & Thein, S. L. (1985). Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. *Nature*, 314(6006), 67-73.
12. Goodwin, W., Alsafiah, H. M., & Al - Janabi, A. A. (2020). Short tandem repeat markers applied to the identification of human remains. *Forensic Science and Humanitarian Action: Interacting with the Dead and the Living*, 491-508.
13. Ruitberg, C. M., Reeder, D. J., & Butler, J. M. (2001). STRBase: a short tandem repeat DNA database for the human identity testing community. *Nucleic Acids Research*, 29(1), 320-322. doi: 10.1093/nar/29.1.320
14. Butler, J. M. (2006). Genetics and genomics of core short tandem repeat loci used in human identity testing. *Journal Of Forensic Sciences*, 51(2), 253-265.
15. Hares, D. R. (2015). Selection and implementation of expanded CODIS core loci in the United States. *Forensic Science International. Genetics*, 17, 33-34.
16. Welch, L. A., Gill, P., Phillips, C., Ansell, R., Morling, N., Parson, W., Bastisch, I. (2012). European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI): evaluation of new commercial STR multiplexes that include the European Standard Set (ESS) of markers. *Forensic Science International: Genetics*, 6(6), 819-826.
17. Gymrek, M. (2017). A genomic view of short tandem repeats. *Current Opinion In Genetics & Development*,
18. Luftig, M. A., & Richey, S. (2000). DNA and Forensic Science. *New Eng. L. Rev.*, 35, 609.
19. Lefrère, J. J., & Berche, P. (2009). Karl Landsteiner discovers the blood groups. *Transfusion clinique et biologique: journal de la Societe francaise de transfusion sanguine*, 17(1), 1-8.
20. Landsteiner, K., & Miller Jr, C. P. (1925). Serological Studies On The Blood Of The Primates: II. The Blood Groups In Anthropoid Apes. *The Journal Of Experimental Medicine*, 42(6), 853.
21. Emel Hülya Yükseloğlu, HLA-DQA1 Lokusunun Polimeraz Zincir Tepkimesine (PCR) Dayanan 2 Farklı Teknik ile Tiplenmesinin Adli Bilimler Açısından Değerlendirilmesi,
22. Genetik Kimliklendirmenin Tarihçesi, Yükseloğlu E.H., Adli Bilimlerde Adli Tıp ve Adli Genetik Uygulamaları, Osman CELBİŞ, Emel Hülya YÜKSELOĞLU, Editör, Akademisyen Kitabevi, Ankara, ss.1-20, 2021
23. Mullis, K. B. (1990). The unusual origin of the polymerase chain reaction. *Scientific American*, 262(4), 56-65.
24. Hamilton, M. B. (2021). *Population genetics*. John Wiley & Sons.

25. Glišović, N. (2011, September). System for random match probability. In 2011 IEEE 9th International Symposium on Intelligent Systems and Informatics (pp. 131-132). IEEE.
26. Kalinowski, S. T. (2005). Do polymorphic loci require large sample sizes to estimate genetic distances?. *Heredity*, 94(1), 33-36.
27. Slatkin, M., & Rannala, B. (2000). Estimating allele age. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 1(1), 225-249.
28. Collins, F. S. (1999). Medical and societal consequences of the Human Genome Project. *New England Journal of Medicine*, 341(1), 28-37.
29. Komarov, V. M. (1999). On spectral identification of DNA-base pairs polymorphism. *Journal of Biological Physics*, 24(2), 167-184.
30. Bülbül, Ö. (2009). Kimliklendirme ve nesep tayini için otozomal SNP lokuslarının belirlenmesi ve validasyonu.
31. Yukseloglu, E. H., Ortug, A., Rayimoglu, G., Yonar, F. C., Erkan, I., Kara, U., ... & Karatas, O. (2019). Association of 10 single nucleotide polymorphism loci with nicotine addiction in the Anatolian population?. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 33(1), 1011-1017.;
32. Yavaser, G. B., Yukseloglu, E. H., Yonar, F. C., & Erkan, I. (2021). Assessment of 13 Single Nucleotide Polymorphisms Loci for Identification in Forensic Sciences for Turkish Population: 13 SNP Loci Identification for Turkish Population. *International Journal of Biology and Chemistry*, 14(1), 56-63.
33. McCarroll, S. A., Huett, A., Kuballa, P., Chilewski, S. D., Landry, A., Goyette, P., ... & Xavier, R. J. (2008). Deletion polymorphism upstream of IRGM associated with altered IRGM expression and Crohn's disease. *Nature Genetics*, 40(9), 1107-1112.
34. Düvenci, A. (2015). 30 insersiyon/delesyon (INDEL) lokusunun Türkiye'deki polimorfizmi.
35. Plohl, M., Meštrović, N., & Mravinac, B. (2012). Satellite DNA evolution. *Repetitive DNA*, 7, 126-152.
36. Weber, J. L. (1990). Human DNA polymorphisms and methods of analysis. *Current Opinion in Biotechnology*, 1(2), 166-171.
37. Nakamura, Y., Leppert, M., O'Connell, P., Wolff, R., Holm, T., Culver, M., ... & White, R. (1987). Variable number of tandem repeat (VNTR) markers for human gene mapping. *Science*, 235(4796), 1616-1622.

38. Schlötterer, C. (2000). Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. *Chromosoma*, 109(6), 365-371.
39. Akgüneş, E. (2008). Adli kimliklendirmede VNTR ile STR sistemlerinin ayırım güçlerinin karşılaştırılması.
40. Akbar, H. (2018). Kısa Ardışık Tekrar Bölgelerinin ("Short Tandem Repeats"-STR) Analizi Doku Karışıklığına Çözüm Olabilir Mi ve Aynı Hastada Non-Neoplastik ve Neoplastik Bölgeler Arası STR Profilinin Karşılaştırılması?-Ön Çalışma.
41. X ve Y Kromozomları Polimorfizmi, Erkan I., Adli Bilimlerde Adli Tıp ve Adli Genetik Uygulamaları, Osman CELBİŞ, Emel Hülya YÜKSELOĞLU, Editör, Akademisyen Kitabevi, Ankara, ss.21-42, 2021
42. Bär, W., Brinkmann, B., Budowle, B., Carracedo, A., Gill, P., Lincoln, P., ... & Olaisen, B. (1997). DNA recommendations. *International Journal of Legal Medicine*, 110(4), 175.
43. Sparkes, R., Kimpton, C., Watson, S., Oldroyd, N., Clayton, T., Barnett, L., Arnold, J., Thompson, C., Hale, R., Chapman, J., Urquhard, A. ve Gill, P. (1996). The validation of a 7-lokus multiplex STR test for use in forensic casework: mixtures, ageing, degradation and species studies. *International Journal of Legal Medicine*, 109, 186-194.
44. Fan, H., & Chu, J. Y. (2007). A brief review of short tandem repeat mutation. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 5(1), 7-14.
45. Budowle, B., Shea, B., Niezgoda, S., & Chakraborty, R. (2001). CODIS STR loci data from 41 sample populations. *Journal of Forensic Science*, 46(3), 453-489.
46. Moretti, T. R., Moreno, L. I., Smerick, J. B., Pignone, M. L., Hizon, R., Buckleton, J. S., ... & Onorato, A. J. (2016). Population data on the expanded CODIS core STR loci for eleven populations of significance for forensic DNA analyses in the United States. *Forensic Science International: Genetics*, 25, 175-181.
47. Asplen, C., & Lane, S. A. (2004). International perspectives on forensic DNA databases. *Forensic Sci Int*, 146(Suppl), S119-S121.
48. Martin, P. D., Schmitter, H., & Schneider, P. M. (2001). A brief history of the formation of DNA databases in forensic science within Europe. *Forensic science international*, 119(2), 225-231.
49. Evett, I., Pope, S., & Puch-Solis, R. (2016). Providing scientific guidance on DNA to the judiciary. *Science & Justice*, 56(4), 278-281.
50. Schneider, P. M. (2009). Expansion of the European standard set of DNA database loci-the current situation. *Profiles in DNA*, 12, 6-7.

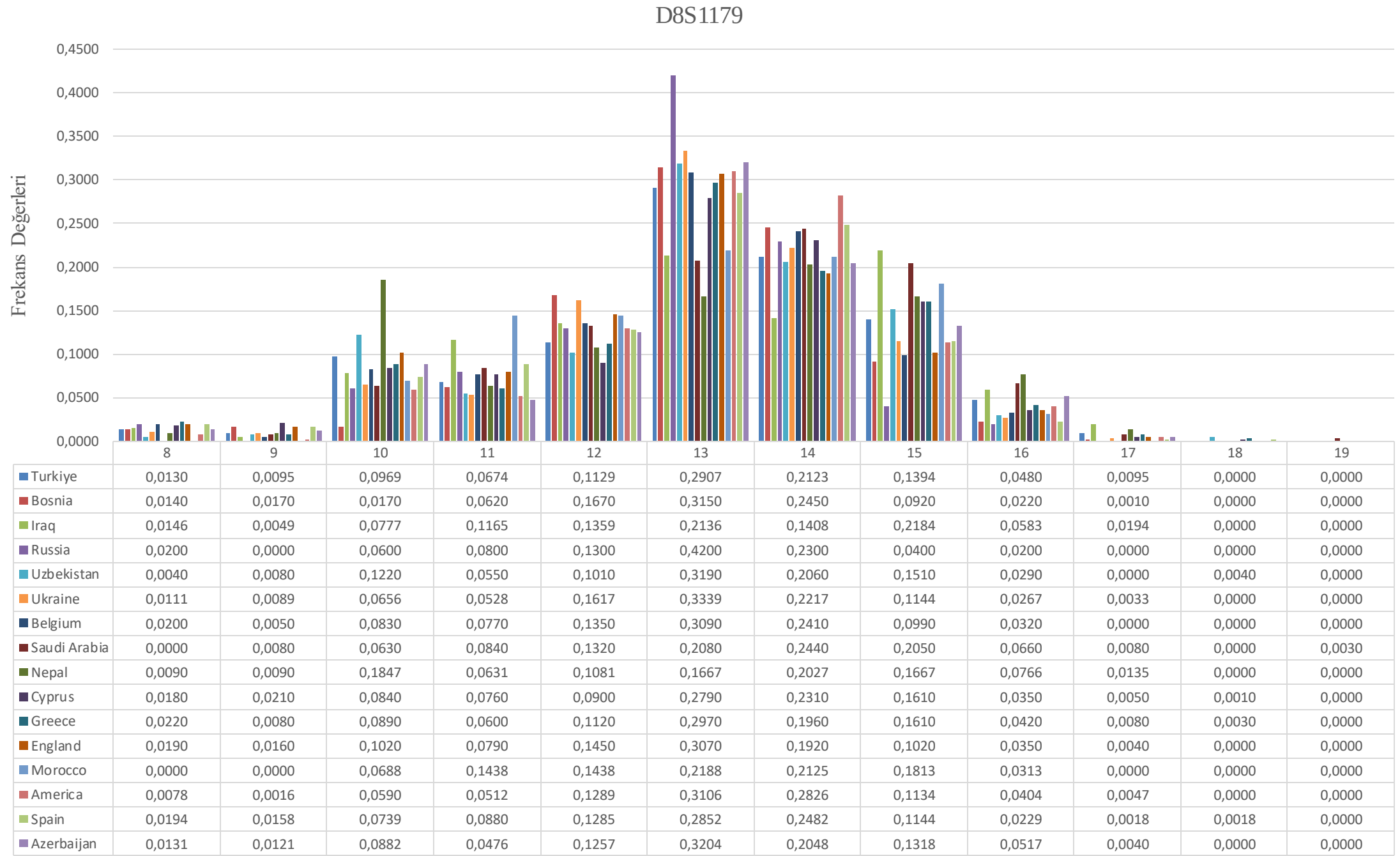
51. Gill, P., Fereday, L., Morling, N., & Schneider, P. M. (2006). The evolution of DNA databases—recommendations for new European STR loci. *Forensic science international*, 156(2-3), 242-244.
52. Wiegand, P., Budowle, B., Rand, S., & Brinkmann, B. (1993). Forensic validation of the STR systems SE 33 and TC 11. *International Journal Of Legal Medicine*, 105(6), 315-320.
53. Ertaş, T. (2017). Biyoinformatik; Gensel veri analizi tabanlı yazılımların karşılaştırılması
54. Mayo, O. (2008). A century of Hardy–Weinberg equilibrium. *Twin Research and Human Genetics*, 11(3), 249-256.
55. Çavuş Yonar F. , Sarıca S.;Adli Genetik Verilerin Değerlendirilmesinde Kullanılan İstatistikî Yöntemler, Adli Bilimlerde Adli Tıp ve Adli Genetik Uygulamaları, Osman CELBİŞ,Emel Hülya YÜKSELOĞLU, Editör, Akademisyen Kitabevi, Ankara, ss.175-194, 2021
56. Genetikçiler ve Hukukçular için Temel Adli Genetik Yükseloğlu E. H. , Kara U.Nobel Yayın Dağıtım, İstanbul, 2015
57. Nei, M. (1983). Genetic polymorphism and the role of mutation in evolution. *Evolution of genes and proteins*, 71, 165-190.
58. Meirmans, P. G. (2012). The trouble with isolation by distance. *Molecular Ecology*, 21(12), 2839-2846.
59. Miles, L. S., Rivkin, L. R., Johnson, M. T., Munshi - South, J., & Verrelli, B. C. (2019). Gene flow and genetic drift in urban environments. *Molecular Ecology*, 28(18), 4138-4151.
60. James, J. W. (1970). The founder effect and response to artificial selection. *Genetics Research*, 16(3), 241-250.
61. Kitchen, A. (2018). Genetic bottleneck. *The International Encyclopedia of Biological Anthropology*, 1-2.
62. Reich, D., Price, A. L., & Patterson, N. (2008). Principal component analysis of genetic data. *Nature genetics*, 40(5), 491-492.
63. Horne, B. D.,& Camp, N. J. (2004). Principal component analysis for selection of optimal SNP - sets that capture intragenic genetic variation. *Genetic Epidemiology: The Official Publication of the International Genetic Epidemiology Society*, 26(1), 11-21.

64. Meirmans, P. G. (2012). AMOVA-based clustering of population genetic data. *Journal of Heredity*, 103(5), 744-750.
65. Excoffier, L., Smouse, P. E., & Quattro, J. M. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2), 479-491.
66. Wright, S. (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 395-420.
67. Pritchard, J. K., & Przeworski, M. (2001). Linkage disequilibrium in humans: models and data. *The American Journal of Human Genetics*, 69(1), 1-14.
68. Schneider, S., & Excoffier, L. (1999). Estimation of past demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites: application to human mitochondrial DNA. *Genetics*, 152(3), 1079-1089.
69. Excoffier, L., & Lischer, H. E. (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10(3), 564-567.
70. Excoffier, L., Laval, G., & Schneider, S. (2005). Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics*, 1, 117693430500100003.
71. Peakall, R. O. D., & Smouse, P. E. (2006). GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6(1), 288-295.
72. Smouse, R. P. P., & Peakall, R. (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537-2539.
73. Rousset, F. (2008). genepop'007: a complete re - implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, 8(1), 103-106.
74. Promega Biotech Co. Ltd. Powerstates V12. xls.[EB/OL] <http://www.promega.com/geneticidtools/>.
75. Ristow, P. G., & D'Amato, M. E. (2017). Forensic statistics analysis toolbox (FORSTAT): A streamlined workflow for forensic statistics. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 6, e52-e54.
76. Gouy, A., & Zieger, M. (2017). STRAF—a convenient online tool for STR data evaluation in forensic genetics. *Forensic Science International: Genetics*, 30, 148-151.

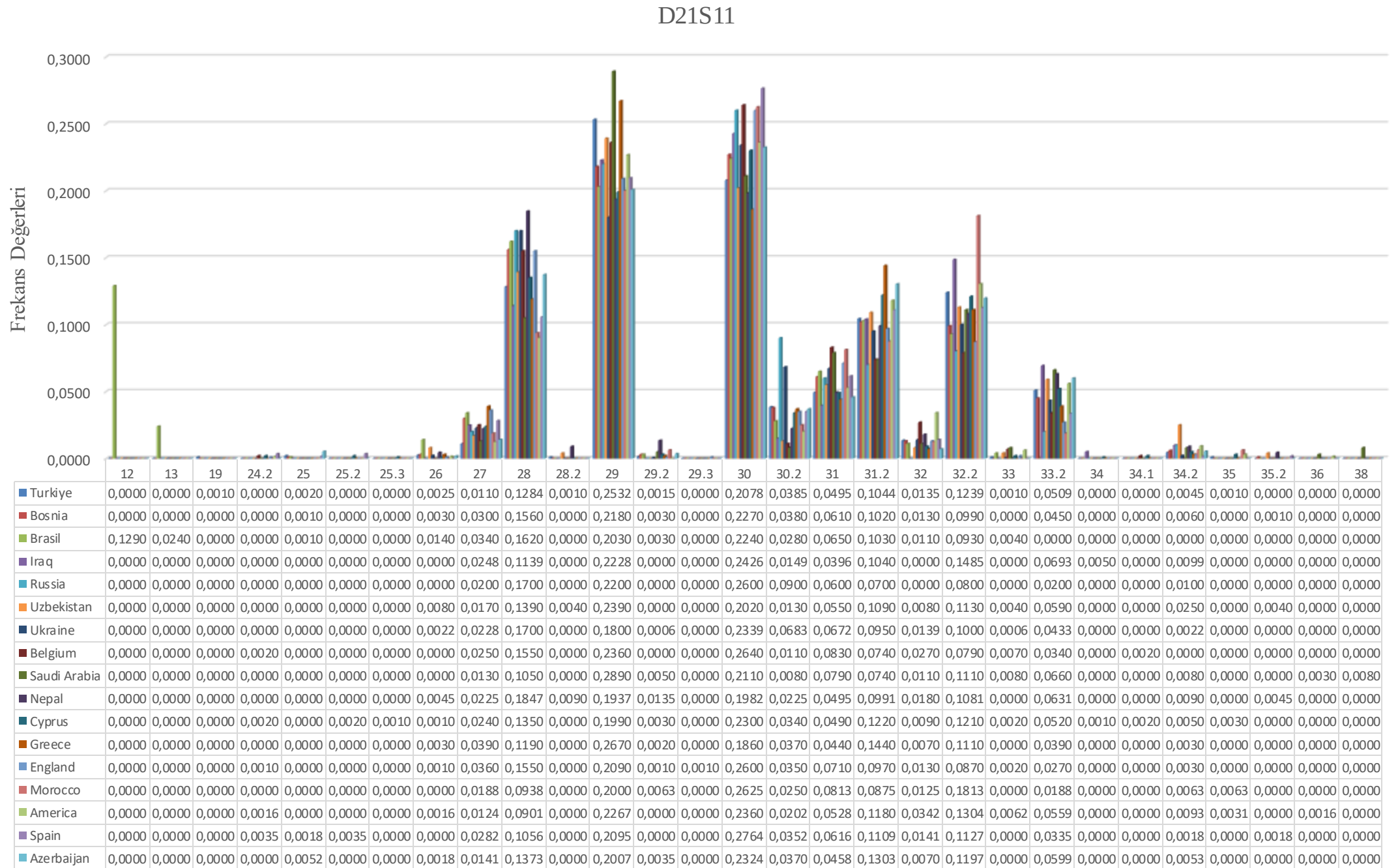
77. Resmî Gazete Tarihi: 30.09.2014 Resmî Gazete Sayısı: 29135 Üremeye Yardımcı Tedavi Uygulamaları Ve Üremeye Yardımcı Tedavi Merkezleri Hakkında Yönetmelik
78. <https://www.qiagen.com/ch/resources/download.aspx?id=62a200d6-faf4-469b-b50f-2b59cf738962&lang=en>
79. Phillips, K., McCallum, N., & Welch, L. (2012). A comparison of methods for forensic DNA extraction: Chelex-100® and the QIAGEN DNA Investigator Kit (manual and automated). *Forensic Science International: Genetics*, 6(2), 282-285.
80. https://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/Quant_iT_dsDNA_HS_Assay_UG.pdf
81. https://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/cms_041201.pdf
82. Madea, B. (Ed.). (2014). *Handbook Of Forensic Medicine*. John Wiley & Sons.
83. Kistler, L., Johnson, S. M., Irwin, M. T., Louis, E. E., Ratan, A., & Perry, G. H. (2017). A massively parallel strategy for STR marker development, capture, and genotyping. *Nucleic Acids Research*, 45(15), e142-e142.
84. Besecker, J., Peri, G., Davis, M., Zubizarreta, J., & Hampikian, G. (2018). Allele frequencies of 15 STR loci (Identifiler™ kit) in Basque-Americans. *Legal Medicine*, 31, 17-19.
85. Besecker, J., Peri, G., Davis, M., Zubizarreta, J., & Hampikian, G. (2018). Allele frequencies of 15 STR loci (Identifiler™ kit) in Basque-Americans. *Legal Medicine*, 31, 17-19.
86. Nasibov, E., Bulbul, O., Jabrayili, G., Zorlu, T., Shahzad, M. S., Cengiz, S., ... & Sadixov, G. (2013). Allele frequencies of 15 STR loci in Azerbaijan population. *Forensic Science International: Genetics*, 7(3), e99-e100.
87. Krzeminska-Ahmadzai, U., Buckley, B., Loake, T., Nicholson, C., Beesley, D., & Randall, C. (2021). Population data for 23 autosomal STR loci in White British population. *Legal Medicine*, 50, 101863.
88. Pilav, A., Pojski, N., Ahatovi, A., Dehverovi, M., & Marjanovi, D. (2017). Allele frequencies of 15 STR loci in Bosnian and Herzegovinian population. *Croatian Medical Journal*, 58(3), 250-256.
89. Fridman, C., dos Santos, P. C. C., Kohler, P., Garcia, C. F., Lopez, L. F., Massad, E., & Gattás, G. J. F. (2008). Brazilian population profile of 15 STR markers. *Forensic Science International: Genetics*, 2(2), e1-e4.
90. Sánchez-Diz, P., Menounos, P. G., Carracedo, A., & Skitsa, I. (2008). 16 STR data of a Greek population. *Forensic Science International: Genetics*, 2(4), e71-e72.

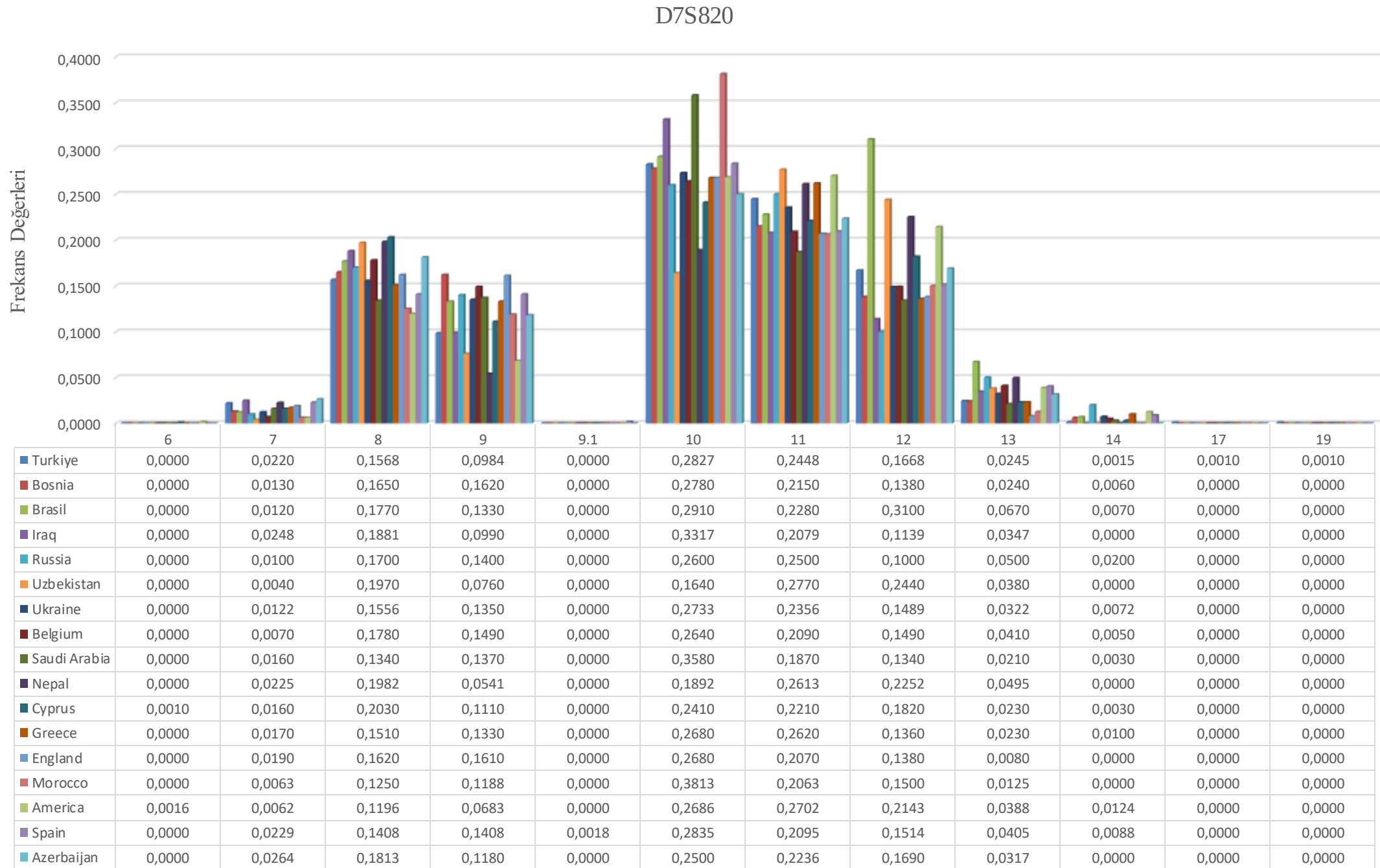
91. Barni, F., Berti, A., Pianese, A., Boccellino, A., Miller, M. P., Caperna, A., & Lago, G. (2007). Allele frequencies of 15 autosomal STR loci in the Iraq population with comparisons to other populations from the middle-eastern region. *Forensic Science International*, 167(1), 87-92.
92. García, O., Alonso, J., Cano, J. A., García, R., Luque, G. M., Martín, P., ... & Yurrebaso, I. (2012). Population genetic data and concordance study for the kits Identifiler, NGM, PowerPlex ESX 17 System and Investigator ESSplex in Spain. *Forensic Science International: Genetics*, 6(2), e78-e79.
93. Terali, K., Zorlu, T., Bulbul, O., & Gurkan, C. (2014). Population genetics of 17 Y-STR markers in Turkish Cypriots from Cyprus. *Forensic Science International: Genetics*, 10, e1-e3.
94. Reguig, A., El Houate, B., Yahia, H., Naasse, Y., Rouba, H., & Harich, N. (2015). Genetic diversity of 15 autosomal STR loci in a Moroccan population. *International Journal of Scientific and Research Publications*, 323.
95. Di Cristofaro, J., Buhler, S., Temori, S. A., & Chiaroni, J. (2012). Genetic data of 15 STR loci in five populations from Afghanistan. *Forensic Science International: Genetics*, 6(1), e44-e45.
96. Reguig, A., El Houate, B., Yahia, H., Naasse, Y., Rouba, H., & Harich, N. (2015). Genetic diversity of 15 autosomal STR loci in a Moroccan population. *International Journal of Scientific and Research Publications*, 323.
97. Serga, S. V., Dombrovskiy, I. V., Maistrenko, O. M., Ostapchenko, L. I., Demydov, S. V., Krivda, R. G., & Kozeretska, I. A. (2017). Allele frequencies for 15 STR loci in the Ukrainian population. *Forensic Science International: Genetics*, 29, e40-e41.
98. Ota, M., Droma, Y., Basnyat, B., Katsuyama, Y., Asamura, H., Sakai, H., & Fukuhsima, H. (2007). Allele frequencies for 15 STR loci in Tibetan populations from Nepal. *Forensic Science International*, 169(2-3), 234-238.
99. Stepanov, V. A., Melnikov, A. V., Lash-Zavada, A. Y., Kharkov, V. N., Borinskaya, S. A., Tyazhelova, T. V., ... & Yankovsky, N. K. (2010). Genetic variability of 15 autosomal STR loci in Russian populations. *Legal Medicine*, 12(5), 256-258.
100. Reguig, A., El Houate, B., Yahia, H., Naasse, Y., Rouba, H., & Harich, N. (2015). Genetic diversity of 15 autosomal STR loci in a Moroccan population. *International Journal of Scientific and Research Publications*, 323.

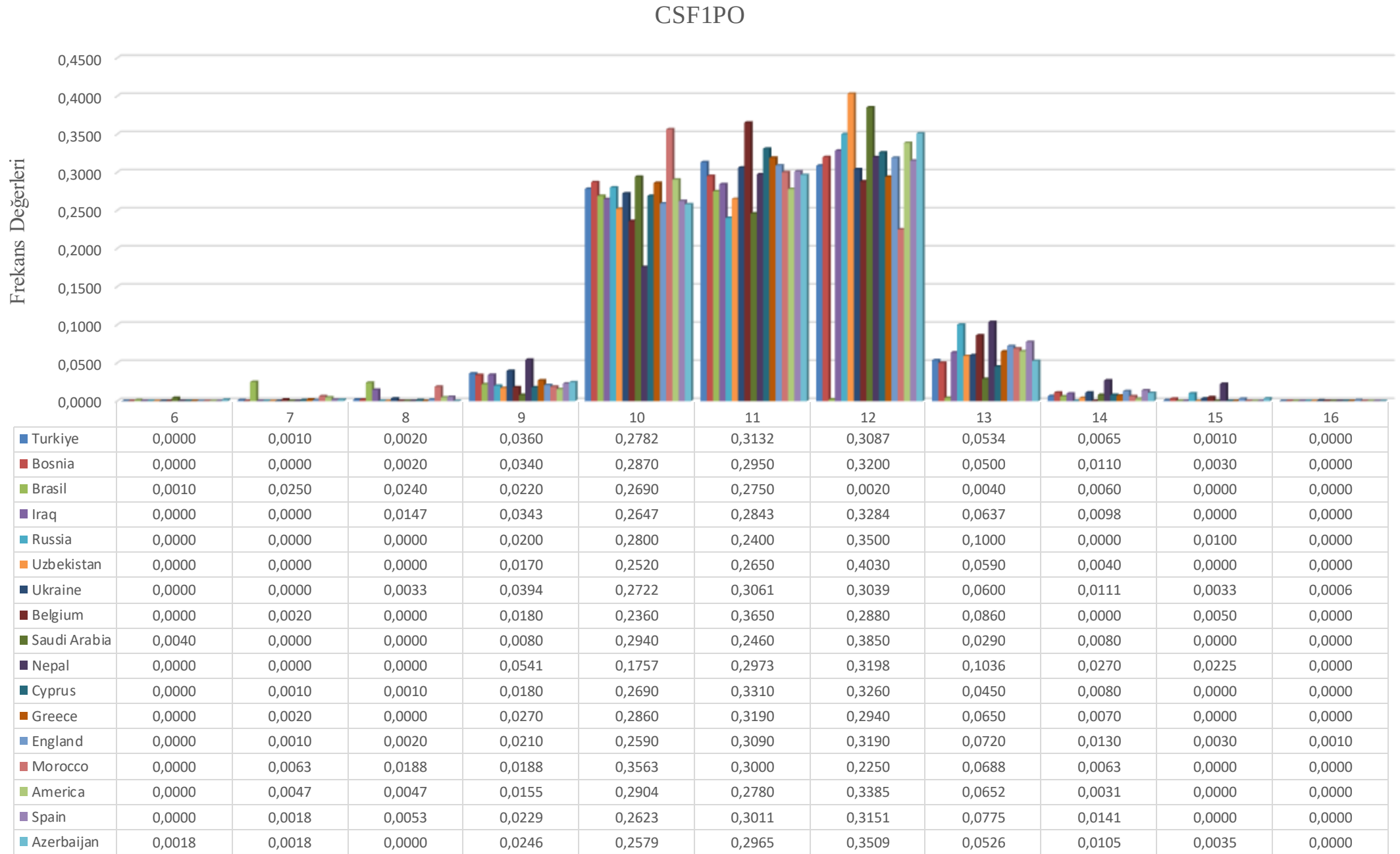
EK 1. D18S1179 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği



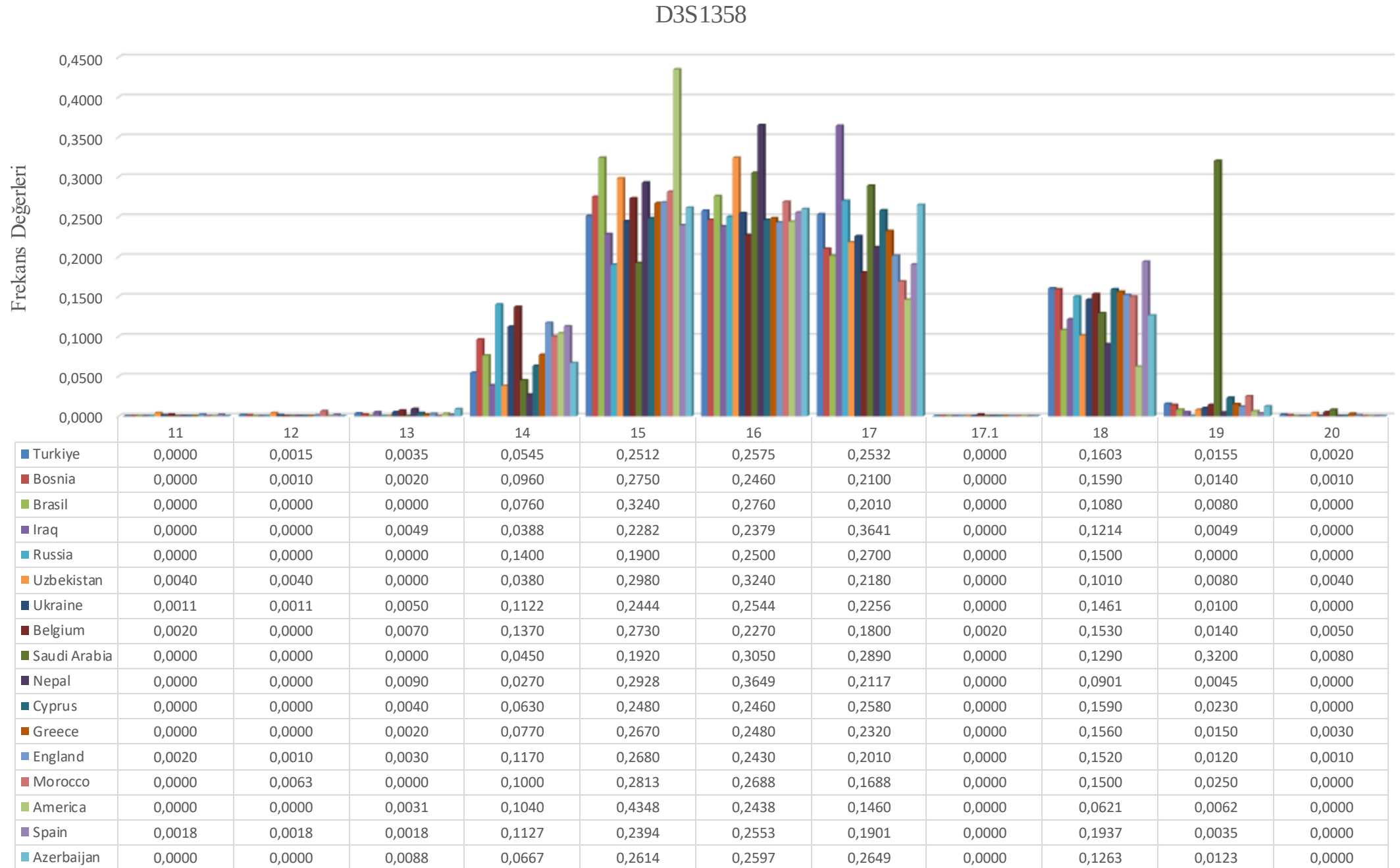
EK 2. D21S11 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği



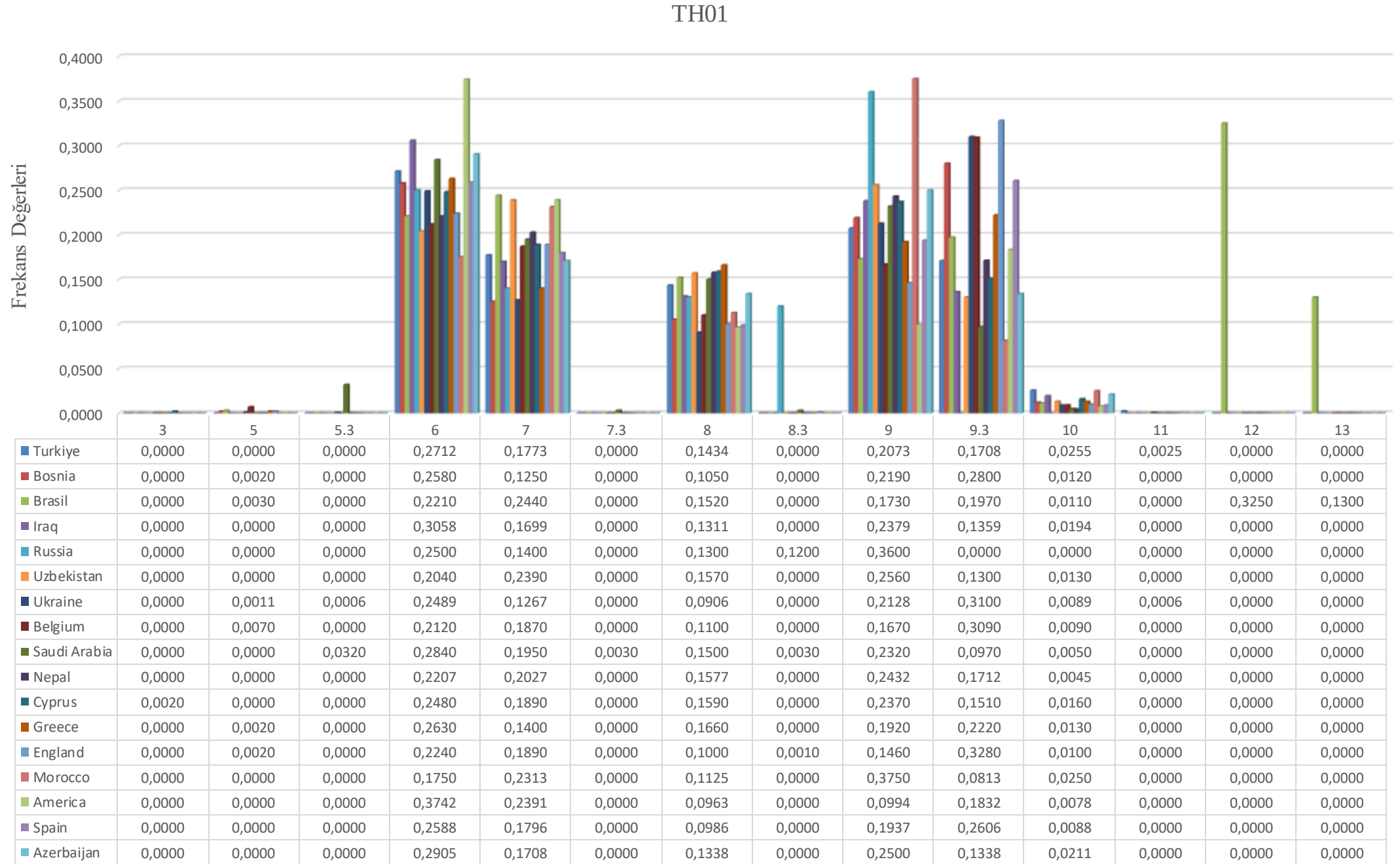
EK 3. D7S820 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği

EK 4. CSF1PO lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği

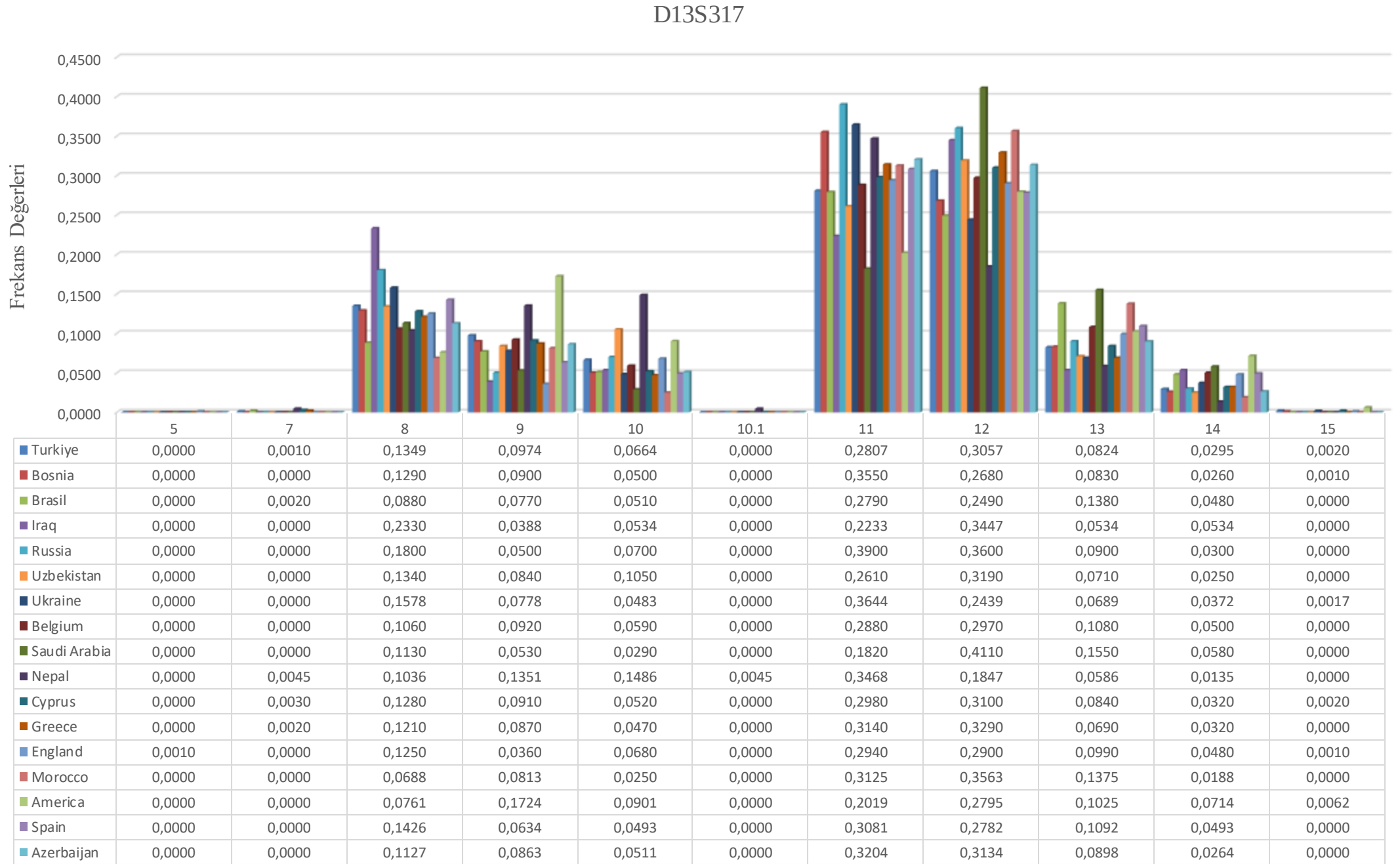
EK 5. D3S1358 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği

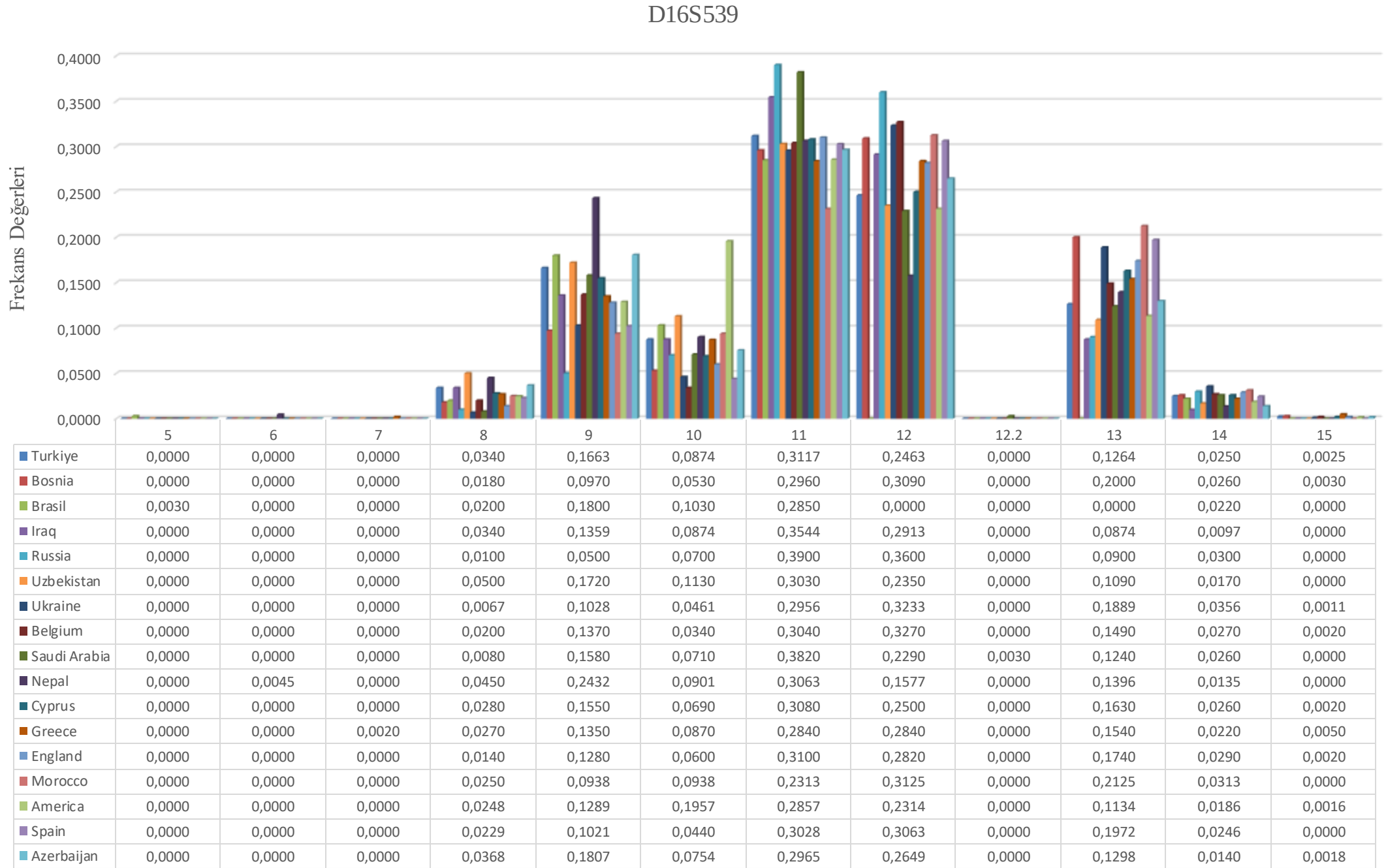


EK 6. TH01 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği

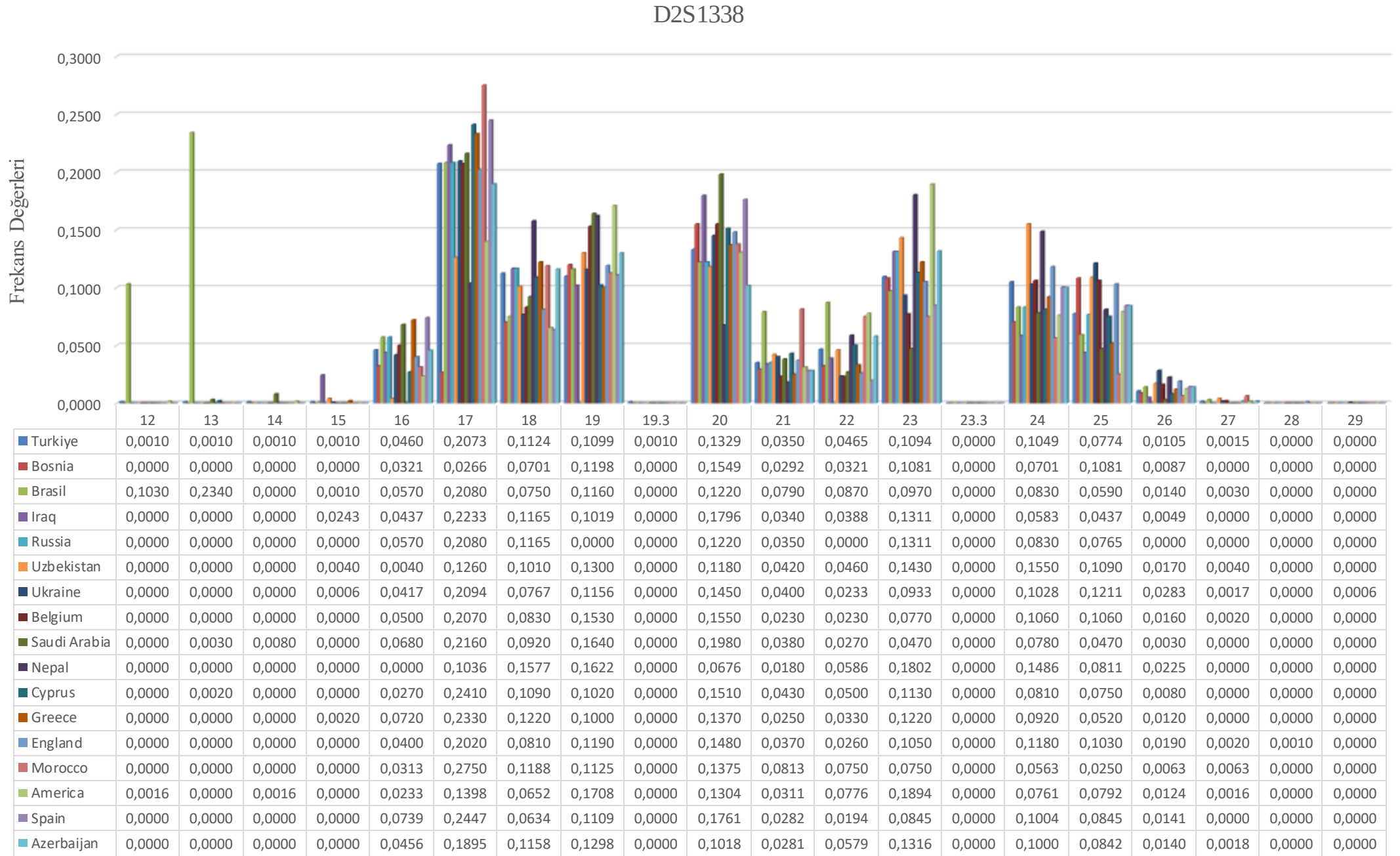


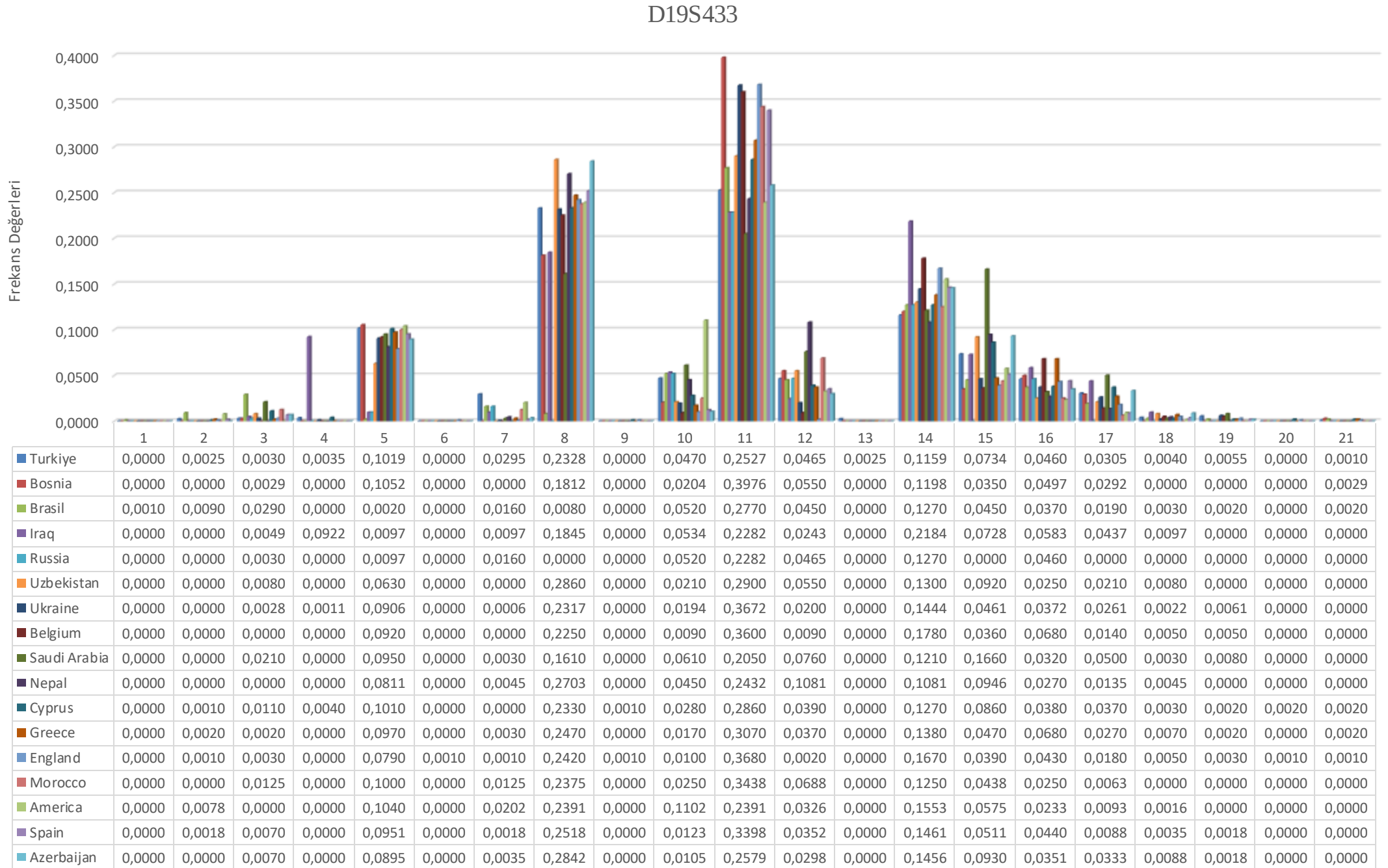
EK 7.D13S317 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği



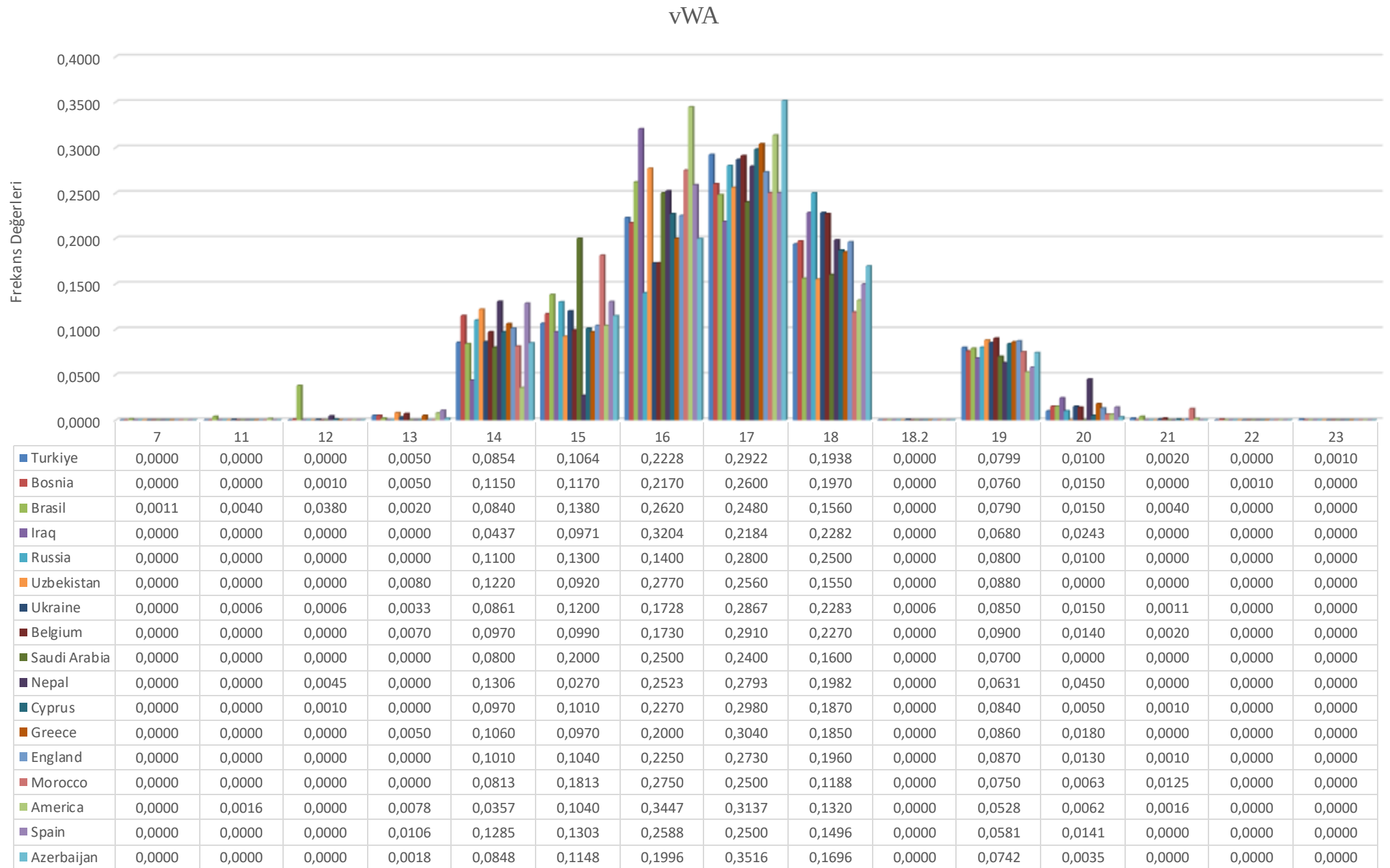
EK 8. D16S539 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği

EK 9. D2S1338 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği

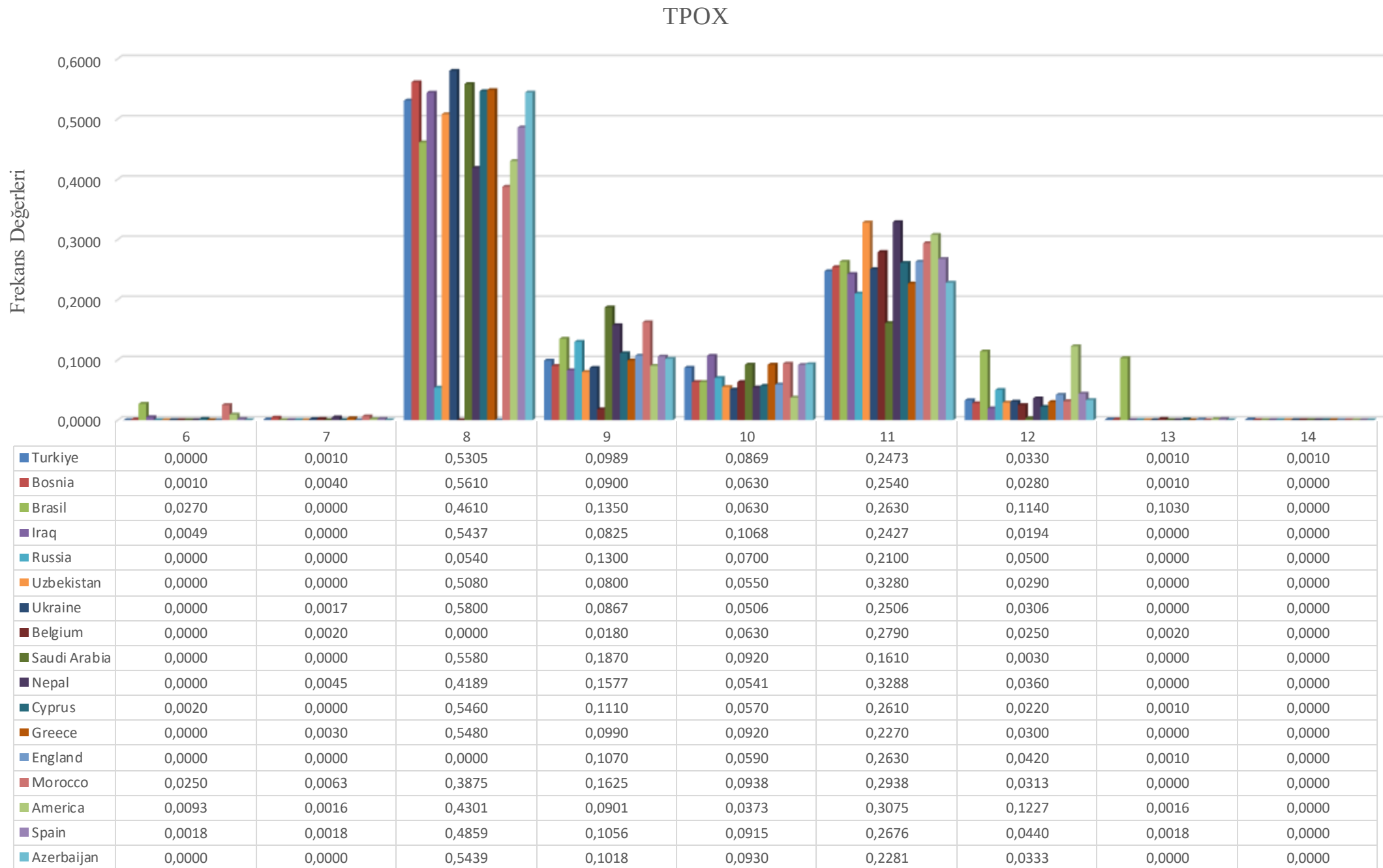


EK 10. D19S433 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği

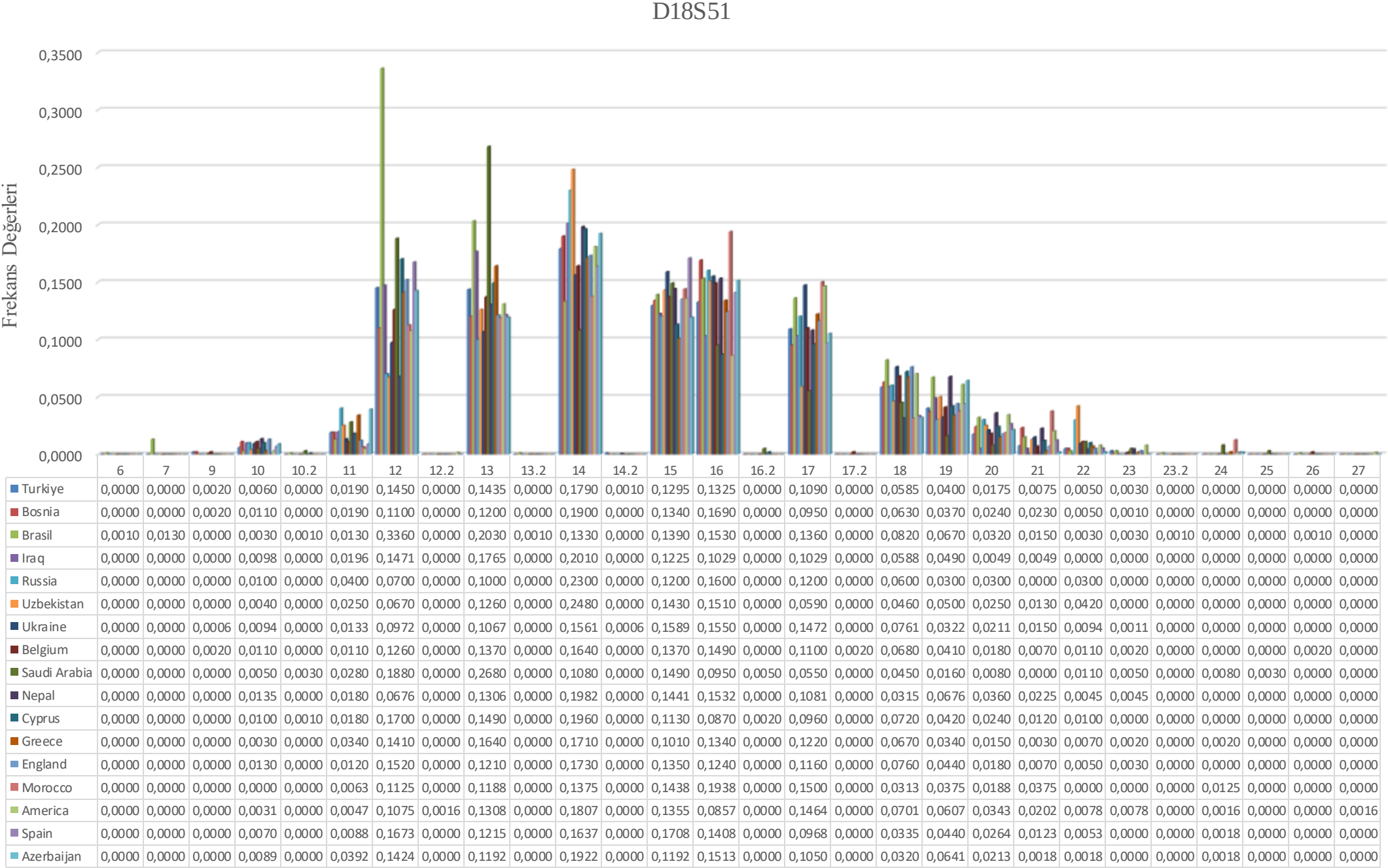
EK 11. vWA lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği



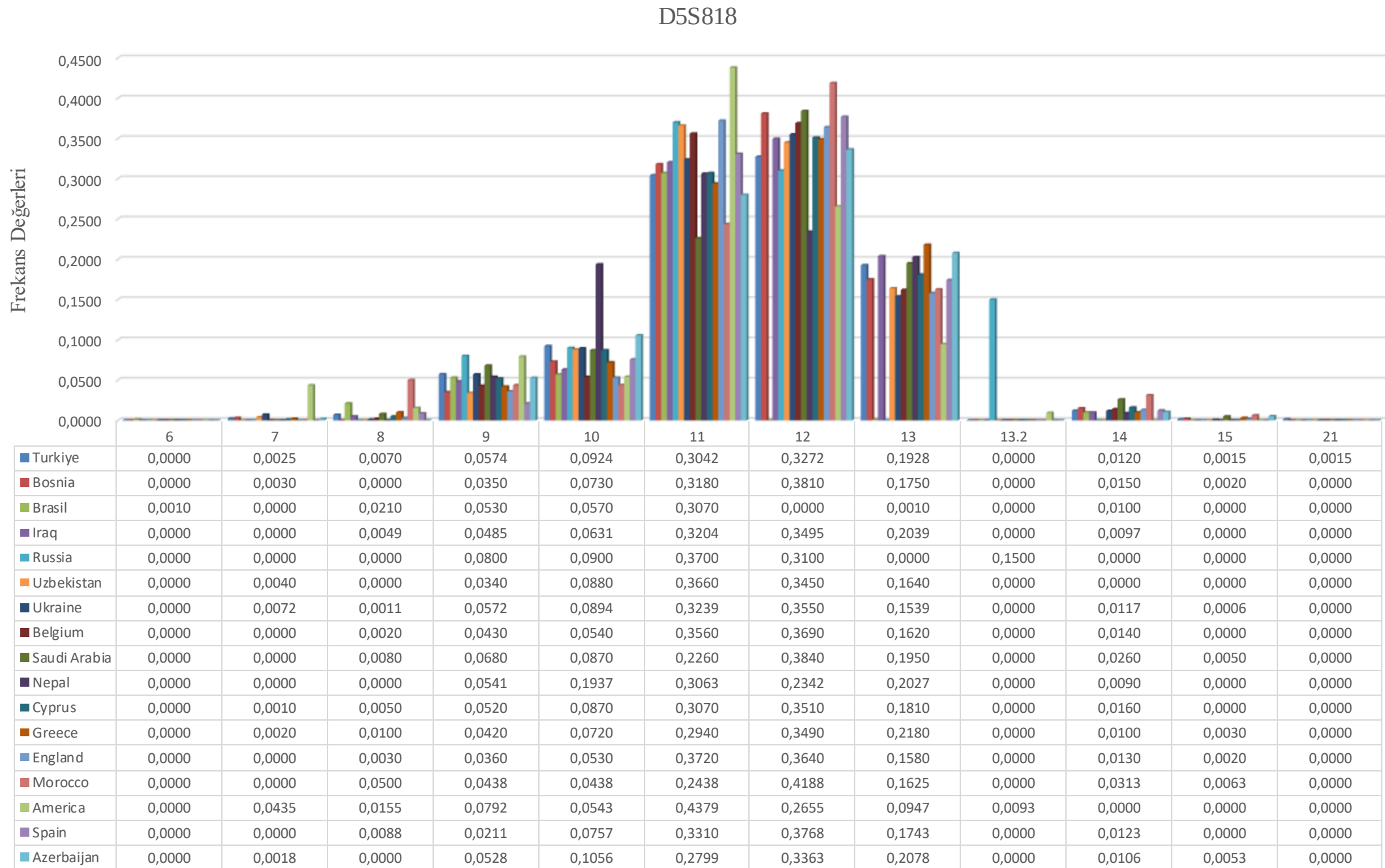
EK 12. TPOX lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği



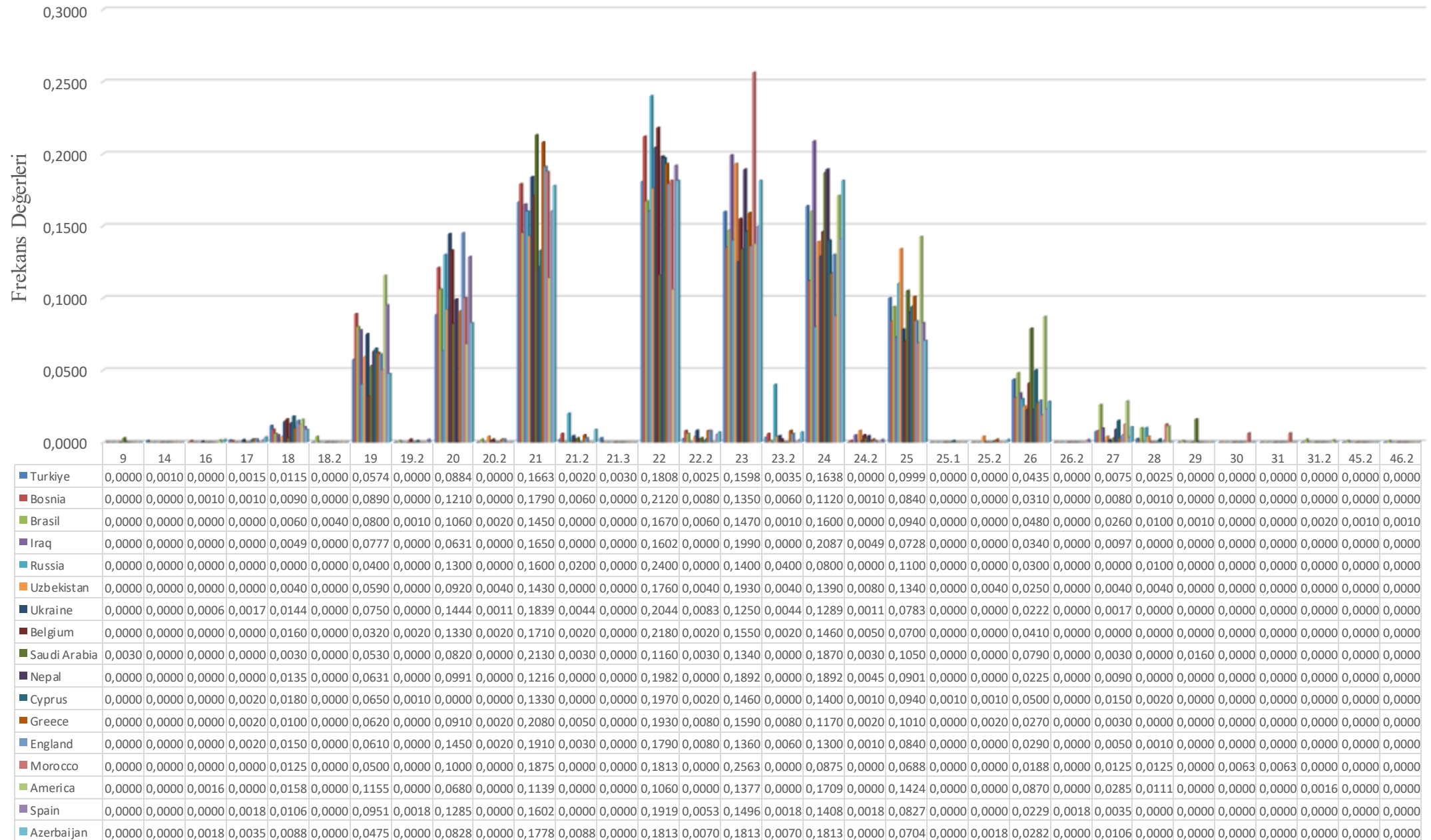
EK 13. D18S51 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği



EK 14. D5S818 lokusu ülkeler arası karşılaştırma grafiği



FGA



EK 16. Marmara Bölgesi adli istatistik bulguları

[illegible]

Marmara Bölgesi adli istatistik bulguları -2

	CSF1PO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
32						0,0135									
32.2						0,1502									
33						0,0022									
33.2						0,0448									
34.2						0,0090									

Lokus	Nall	GD	PIC	PM	PD	Hobs	PE	TPI
CSF1PO	6	0,7297	0,6800	0,1241	0,8759	0,7444	0,5002	1,9561
D13S317	8	0,7884	0,7569	0,0807	0,9193	0,7892	0,5792	2,3723
D16S539	8	0,7903	0,7579	0,0765	0,9235	0,7758	0,5549	2,2300
D18S51	16	0,8667	0,8499	0,0353	0,9647	0,8924	0,7799	4,6458
D19S433	12	0,8201	0,7957	0,0621	0,9379	0,8027	0,6040	2,5341
D21S11	14	0,8472	0,8270	0,0425	0,9575	0,8206	0,6379	2,7875
D2S1338	14	0,8851	0,8717	0,0293	0,9707	0,8924	0,7799	4,6458
D3S1358	8	0,7810	0,7441	0,0791	0,9209	0,7309	0,4777	1,8583
D5S818	8	0,7419	0,6967	0,1236	0,8764	0,7803	0,5629	2,2755
D7S820	8	0,8020	0,7707	0,0693	0,9307	0,7444	0,5002	1,9561
D8S1179	10	0,8134	0,7887	0,0595	0,9405	0,7848	0,5711	2,3229
FGA	14	0,8668	0,8499	0,0379	0,9621	0,8700	0,7346	3,8448
TH01	7	0,7979	0,7653	0,0757	0,9243	0,7937	0,5874	2,4239
TPOX	7	0,6258	0,5757	0,1877	0,8123	0,6323	0,3314	1,3598
vWA	8	0,8022	0,7717	0,0690	0,9310	0,8072	0,6124	2,5930

EK 17. Karadeniz Bölgesi adli istatistik bulguları

	CSF1PO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
6													0,2741		
7			0,0022						0,0022	0,0263			0,1798		
7.3															
8	0,0022	0,1535	0,0417						0,0066	0,1667	0,0088		0,1711	0,5022	
8.3													0,0022		
9	0,0395	0,0987	0,1623						0,0461	0,0899	0,0110		0,1974	0,1009	
9.3													0,1338		
10	0,2982	0,0811	0,0768	0,0022	0,0022				0,1009	0,3092	0,1053		0,0395	0,1162	0,0022
10.2				0,0022											
11	0,3158	0,2346	0,3311	0,0197	0,0044				0,2982	0,2368	0,0658		0,0022	0,2478	
12	0,3004	0,3224	0,2149	0,1469	0,0789		0,0044	0,0066	0,3158	0,1491	0,1031			0,0285	0,0022
12.2					0,0175										
13	0,0351	0,0811	0,1447	0,1360	0,2412			0,0066	0,2149	0,0219	0,2982				0,0022
13.2					0,0197										
14	0,0066	0,0263	0,0219	0,1711	0,2654		0,0022	0,0526	0,0132		0,2083	0,0022		0,0044	0,0592
14.2					0,0570										
15	0,0022	0,0022	0,0044	0,1338	0,1316			0,2522	0,0022		0,1491				0,1096
15.2					0,0789										
16				0,1096	0,0504		0,0504	0,2456			0,0395				0,2566
16.2					0,0395										
17				0,1162	0,0066		0,2039	0,2522			0,0088	0,0022			0,2917
17.2					0,0022										
18				0,0680			0,1031	0,1667			0,0022	0,0132			0,1689
18.2					0,0022										
19				0,0548			0,1250	0,0132				0,0395			0,0877
19.3															
20				0,0263			0,1228	0,0044				0,0811			0,0110
21				0,0066			0,0504					0,1645			0,0044
22				0,0044			0,0329					0,1930			
23				0,0022			0,1053					0,1601			0,0022
23.2												0,0088			
23.3															
24							0,1075					0,1732			0,0022
25					0,0022		0,0833					0,0987			
25.2															
26						0,0022	0,0088					0,0570			
27						0,0066						0,0022			
28						0,1513						0,0044			

Karadeniz Bölgesi adli istatistik bulguları -2

	CSF1PO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
29						0,2281									
29.2						0,0022									
30						0,2325									
30.2						0,0526									
31						0,0439									
31.2						0,1075									
32						0,0110									
32.2						0,1075									
33						0,0022									
33.2						0,0482									
34.2						0,0022									
35.2						0,0022									

Lokus	Nall	GD	PIC	PM	PD	Hobs	PE	TPI
CSF1PO	8	0,7198	0,6648	0,1343	0,8657	0,7281	0,4730	1,8387
D13S317	8	0,7956	0,7659	0,0774	0,9226	0,8158	0,6287	2,7143
D16S539	9	0,7905	0,7594	0,0775	0,9225	0,7982	0,5958	2,4783
D18S51	15	0,8804	0,8660	0,0303	0,9697	0,8816	0,7580	4,2222
D19S433	16	0,8353	0,8145	0,0565	0,9435	0,7895	0,5797	2,3750
D21S11	15	0,8426	0,8218	0,0469	0,9531	0,8728	0,7403	3,9310
D2S1338	13	0,8832	0,8698	0,0294	0,9706	0,8421	0,6794	3,1667
D3S1358	9	0,7834	0,7465	0,0840	0,9160	0,7193	0,4587	1,7813
D5S818	9	0,7543	0,7115	0,1051	0,8949	0,7675	0,5403	2,1509
D7S820	7	0,7908	0,7581	0,0757	0,9243	0,7807	0,5637	2,2800
D8S1179	11	0,8193	0,7948	0,0617	0,9383	0,8333	0,6623	3,0000
FGA	14	0,8605	0,8425	0,0411	0,9589	0,8333	0,6623	3,0000
TH01	8	0,8066	0,7761	0,0707	0,9293	0,7851	0,5717	2,3265
TPOX	6	0,6633	0,6152	0,1638	0,8362	0,6272	0,3248	1,3412
vWA	13	0,7989	0,7687	0,0718	0,9282	0,7719	0,5480	2,1923

İç Anadolu Bölgesi adli istatistik bulguları -2

	CSF1PO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
25						0,0097	0,0825					0,0728			
26						0,0097	0,0049					0,0340	0,0049		
27						0,0340						0,0097			
28						0,0971						0,0049			
29						0,2961						0,0049			
29.2						0,0049									
30						0,2233									
30.2						0,0291									
31						0,0631									
31.2						0,0728									
32						0,0049									
32.2						0,1117									
33.2						0,0243									
34.2						0,0049									

Lokus	Nall	GD	PIC	PM	PD	Hobs	PE	TPI
CSF1PO	7	0,7218	0,6653	0,1456	0,8544	0,7767	0,5565	2,2391
D13S317	7	0,7811	0,7451	0,0864	0,9136	0,7670	0,5393	2,1458
D16S539	8	0,7976	0,7644	0,0808	0,9192	0,8155	0,6282	2,7105
D18S51	14	0,8774	0,8597	0,0350	0,9650	0,8252	0,6467	2,8611
D19S433	13	0,8390	0,8173	0,0555	0,9445	0,7864	0,5741	2,3409
D21S11	16	0,8323	0,8093	0,0572	0,9428	0,7864	0,5741	2,3409
D2S1338	11	0,8869	0,8710	0,0327	0,9673	0,7864	0,5741	2,3409
D3S1358	8	0,7838	0,7438	0,0817	0,9183	0,6699	0,3833	1,5147
D5S818	7	0,7515	0,7070	0,1196	0,8804	0,6990	0,4268	1,6613
D7S820	8	0,8259	0,7978	0,0597	0,9403	0,7087	0,4419	1,7167
D8S1179	9	0,8256	0,8007	0,0629	0,9371	0,8155	0,6282	2,7105
FGA	16	0,8650	0,8454	0,0418	0,9582	0,8350	0,6654	3,0294
TH01	9	0,7999	0,7646	0,0812	0,9188	0,7379	0,4892	1,9074
TPOX	5	0,6280	0,5782	0,1875	0,8125	0,6117	0,3051	1,2875
vWA	7	0,8072	0,7761	0,0712	0,9288	0,7767	0,5565	2,2391

EK 19. Güneydoğu Anadolu Bölgesi adli istatistik bulguları

	CSFIPO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
6													0,2523		
7									0,0046	0,0138			0,2064	0,0046	
7.3														0,0046	
8		0,1284	0,0321						0,0138	0,1835	0,0183		0,0917	0,5596	
8.3															
9	0,0367	0,0734	0,1330	0,0046	0,0046				0,0596	0,0642	0,0092		0,2110	0,1193	
9.3													0,2202		
10	0,2936	0,0642	0,1009		0,0046				0,0917	0,2661	0,0917	0,0046	0,0183	0,0505	
10.2															
11	0,2706	0,3624	0,3211	0,0092					0,2706	0,3028	0,0642	0,0046		0,2339	
11.2					0,0138										
12	0,3624	0,2936	0,2569	0,1743	0,0642				0,3486	0,1560	0,1376			0,0275	
12.2					0,0688										
13	0,0321	0,0596	0,1147	0,1330	0,2202			0,0046	0,1927	0,0138	0,2569				0,0046
13.2					0,1009										
14	0,0046	0,0183	0,0413	0,2018	0,2156		0,0046	0,0688	0,0092		0,2339	0,0046			0,0459
14.2					0,0505										
14.3					0,0046										
15				0,0826	0,1193			0,2110			0,1239				0,0826
15.2					0,0550										
16				0,1881	0,0505		0,0642	0,2615			0,0505				0,2431
16.2					0,0275										
17				0,1009			0,2615	0,2936			0,0138				0,3257
18				0,0550			0,0596	0,1468							0,1606
19				0,0183			0,0872	0,0138				0,0459			0,1284
19.3												0,0046			
20				0,0138			0,2018					0,1101			0,0092
21				0,0092			0,0183		0,0046			0,1330			
21.2												0,0046			
21.3												0,0229			
22				0,0092			0,0459					0,1972			
23							0,0596		0,0046			0,1422			
23.3							0,0046					0,0046			
24							0,1193					0,1560			

Güneydoğu Anadolu Bölgesi adli istatistik bulguları -2

	CSF1PO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
24.3												0,0046			
25							0,0688					0,1147			
26							0,0046					0,0459			
27						0,0138									
28						0,1193									
28.3						0,0046									
29						0,2248									
29.3						0,0046									
30						0,2248									
30.2						0,0367									
31						0,0413									
31.2						0,1239									
32						0,0092									
32.2						0,1193									
33.2						0,0642									
34.2						0,0046									
35						0,0092									

Lokus	Nall	GD	PIC	PM	PD	Hobs	PE	TPI
CSF1PO	6	0,7101	0,6509	0,1624	0,8376	0,7706	0,5457	2,1800
D13S317	7	0,7561	0,7164	0,1082	0,8918	0,7706	0,5457	2,1800
D16S539	7	0,7908	0,7574	0,0785	0,9215	0,8073	0,6127	2,5952
D18S51	13	0,8589	0,8383	0,0477	0,9523	0,8716	0,7378	3,8929
D19S433	14	0,8666	0,8486	0,0420	0,9580	0,8073	0,6127	2,5952
D21S11	14	0,8515	0,8301	0,0450	0,9550	0,8257	0,6476	2,8684
D2S1338	13	0,8545	0,8349	0,0440	0,9560	0,8624	0,7194	3,6333
D3S1358	7	0,7780	0,7381	0,0869	0,9131	0,7339	0,4827	1,8793
D5S818	10	0,7593	0,7177	0,1107	0,8893	0,7156	0,4528	1,7581
D7S820	7	0,7786	0,7396	0,0886	0,9114	0,6972	0,4240	1,6515
D8S1179	10	0,8331	0,8082	0,0602	0,9398	0,8532	0,7012	3,4063
FGA	16	0,8727	0,8546	0,0390	0,9610	0,7890	0,5788	2,3696
TH01	6	0,7956	0,7590	0,0841	0,9159	0,8349	0,6653	3,0278
TPOX	7	0,6173	0,5672	0,2036	0,7964	0,6239	0,3205	1,3293
vWA	8	0,7871	0,7524	0,0824	0,9176	0,7706	0,5457	2,1800

EK 20. Ege Bölgesi adli istatistik bulguları

	CSFIPO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
6													0,2470		
7										0,0241			0,1928		
8		0,1325	0,0060						0,0060	0,1566			0,1747	0,5000	
8.3															
9	0,0361	0,1084	0,1807						0,0663	0,1024	0,0060		0,1928	0,1024	
9.3													0,1627		
10	0,2651	0,0904	0,0964	0,0060	0,0060				0,0843	0,2952	0,0602		0,0241	0,0843	
10.2															
11	0,2530	0,2410	0,3193	0,0060	0,0060				0,3133	0,2349	0,0542		0,0060	0,2410	
11.2					0,0060										
12	0,3434	0,2711	0,2590	0,1566	0,1145				0,3072	0,1325	0,1084			0,0663	
12.2					0,0301										
12.3															
13	0,0904	0,1084	0,1205	0,1506	0,1928				0,2169	0,0361	0,3133			0,0060	
13.2					0,0422										
14	0,0060	0,0482	0,0181	0,1506	0,2229			0,0422	0,0060	0,0060	0,2590				0,1205
14.2					0,0482										
15	0,0060			0,1386	0,0964		0,0060	0,2892			0,1446				0,0723
15.2					0,1386										
16				0,1747	0,0422		0,0301	0,2470			0,0422				0,2651
16.2					0,0241										
17				0,0663	0,0060		0,1687	0,2169			0,0120				0,2470
17.2					0,0241										
18				0,0723			0,1566	0,1928				0,0060			0,2108
19				0,0301			0,1386	0,0060		0,0120		0,0482			0,0542
19.3															
20				0,0181			0,0542	0,0060				0,1084			0,0181
21				0,0181			0,0241					0,1928			0,0060
22				0,0060			0,0482					0,1687			
22.2												0,0120			
23				0,0060			0,1325					0,1747			0,0060
23.3															
24							0,1205					0,1446			
25							0,0843					0,0964			

Ege Bölgesi adli istatistik bulguları -2

	CSF1PO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
26							0,0361					0,0361			
27						0,0120						0,0120			
28						0,1325									
29						0,2831									
30						0,2169									
30.2						0,0361									
31						0,0301									
31.2						0,0904									
32						0,0241									
32.2						0,1205									
33.2						0,0482									
34.2						0,0060									

Lokus	Nall	GD	PIC	PM	PD	Hobs	PE	TPI
CSF1PO	7	0,7428	0,6928	0,1128	0,8872	0,6747	0,3902	1,5370
D13S317	7	0,8218	0,7928	0,0611	0,9389	0,8193	0,6353	2,7667
D16S539	7	0,7788	0,7394	0,0896	0,9104	0,7229	0,4646	1,8043
D18S51	14	0,8743	0,8549	0,0414	0,9586	0,8795	0,7538	4,1500
D19S433	15	0,8687	0,8493	0,0469	0,9531	0,8072	0,6125	2,5938
D21S11	11	0,8323	0,8067	0,0553	0,9447	0,8434	0,6818	3,1923
D2S1338	12	0,8859	0,8686	0,0376	0,9624	0,9036	0,8028	5,1875
D3S1358	7	0,7740	0,7304	0,1055	0,8945	0,8072	0,6125	2,5938
D5S818	7	0,7534	0,7066	0,1189	0,8811	0,7349	0,4844	1,8864
D7S820	9	0,8079	0,7759	0,0759	0,9241	0,8072	0,6125	2,5938
D8S1179	9	0,7984	0,7657	0,0904	0,9096	0,8434	0,6818	3,1923
FGA	11	0,8632	0,8416	0,0440	0,9560	0,8313	0,6584	2,9643
TH01	7	0,8120	0,7780	0,0736	0,9264	0,8193	0,6353	2,7667
TPOX	6	0,6740	0,6270	0,1529	0,8471	0,6988	0,4264	1,6600
vWA	9	0,8061	0,7726	0,0791	0,9209	0,8313	0,6584	2,9643

EK 21. Doğu Anadolu Bölgesi adli istatistik bulguları

	CSFIPO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
6													0,2961		
7	0,0033	0,0033							0,0066	0,0099			0,1908		
8	0,0099	0,1151	0,0526						0,0066	0,1809	0,0132		0,1678	0,5230	
9	0,0197	0,0724	0,1974						0,0724	0,0888	0,0099		0,1875	0,1151	
9.3													0,1382		
10	0,3191	0,0428	0,0855	0,0066					0,0954	0,2993	0,0954		0,0197	0,1053	
10.2															
11	0,2993	0,3257	0,2895	0,0461	0,0033				0,3125	0,2434	0,0855			0,2368	
11.2					0,0033										
12	0,2928	0,3158	0,2697	0,1382	0,1118				0,3257	0,1612	0,0987			0,0197	
12.2					0,0197										
13	0,0526	0,0724	0,0822	0,1316	0,2664				0,1612	0,0132	0,2467				0,0164
13.2					0,0329										
14	0,0033	0,0461	0,0230	0,1875	0,2368			0,0362	0,0197	0,0033	0,2336				0,0789
14.2					0,0230										
14.3					0,0033										
15		0,0066		0,1316	0,1086			0,2632			0,1414				0,1053
15.2					0,1053										
16				0,1316	0,0329		0,0296	0,2796			0,0625				0,1941
16.2					0,0329										
17				0,0954	0,0099		0,2237	0,2632			0,0132				0,2993
17.2					0,0066										
18				0,0625			0,1250	0,1447				0,0132			0,2105
18.2					0,0033										
19				0,0428			0,1020	0,0132				0,0691			0,0789
19.3															
20				0,0132			0,1480					0,0822			0,0132
21				0,0066			0,0493					0,1809			0,0033
21.2												0,0033			
22							0,0625					0,1908			
22.2				0,0033											
23				0,0033			0,1086					0,1776			
23.2												0,0066			
24							0,0855					0,1480			

Doğu Anadolu Bölgesi adli istatistik bulguları -2

	CSF1PO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
25							0,0592					0,0757			
26						0,0033	0,0033					0,0461			
27						0,0066						0,0033			
28						0,1217	0,0033					0,0033			
29						0,3026									
30						0,1678									
30.2						0,0461									
31						0,0526									
31.2						0,1086									
32						0,0033									
32.2						0,1349									
33.2						0,0493									
34.2						0,0033									

Lokus	Nall	GD	PIC	PM	PD	Hobs	PE	TPI
CSF1PO	8	0,7220	0,6667	0,1233	0,8767	0,6776	0,3945	1,5510
D13S317	9	0,7690	0,7334	0,0916	0,9084	0,7697	0,5441	2,1714
D16S539	7	0,7897	0,7557	0,0864	0,9136	0,8092	0,6162	2,6207
D18S51	14	0,8795	0,8640	0,0371	0,9629	0,9079	0,8116	5,4286
D19S433	16	0,8359	0,8140	0,0514	0,9486	0,8224	0,6412	2,8148
D21S11	12	0,8308	0,8084	0,0520	0,9480	0,8158	0,6287	2,7143
D2S1338	12	0,8751	0,8594	0,0334	0,9666	0,8553	0,7053	3,4545
D3S1358	6	0,7634	0,7199	0,0923	0,9077	0,6974	0,4242	1,6522
D5S818	8	0,7580	0,7173	0,0998	0,9002	0,7171	0,4552	1,7674
D7S820	8	0,7868	0,7511	0,0860	0,9140	0,7368	0,4875	1,9000
D8S1179	10	0,8368	0,8139	0,0484	0,9516	0,8026	0,6039	2,5333
FGA	13	0,8606	0,8415	0,0372	0,9628	0,8026	0,6039	2,5333
TH01	6	0,7958	0,7618	0,0774	0,9226	0,7829	0,5677	2,3030
TPOX	5	0,6478	0,5983	0,1841	0,8159	0,6513	0,3570	1,4340
vWA	9	0,8071	0,7778	0,0692	0,9308	0,8487	0,6923	3,3043

EK 22. Akdeniz Bölgesi adli istatistik bulguları

	CSFIPO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
6													0,2573		
7									0,0049	0,0340			0,1990		
7.3													0,0049		
8		0,1311	0,0388						0,0049	0,0825	0,0194		0,1214	0,5485	
8.3															
9	0,0534	0,1553	0,1796	0,0049		0,0049			0,0340	0,1214	0,0097		0,2039	0,0728	
9.3						0,0097							0,1990		
10	0,2524	0,0534	0,0728	0,0097	0,0097				0,1165	0,2961	0,1019		0,0097	0,0825	
10.2															
11	0,3398	0,2233	0,2816	0,0146					0,3010	0,2718	0,0680		0,0049	0,2767	
11.2															
12	0,2961	0,3058	0,2961	0,1602	0,0874				0,3301	0,1796	0,1165			0,0194	
12.2					0,0680										
12.3									0,0049						
13	0,0485	0,1214	0,1068	0,1214	0,1942	0,0049			0,1748	0,0097	0,2718				0,0097
13.2					0,1165										
14	0,0097	0,0049	0,0243	0,1553	0,2184			0,0534	0,0194	0,0049	0,2087				0,1262
14.2					0,0485										
14.3					0,0097										
15		0,0049		0,1068	0,1214			0,2379	0,0049		0,1408				0,1214
15.2					0,0437										
15.3					0,0049										
16				0,1456	0,0485		0,0437	0,2718	0,0049		0,0534				0,2233
16.2					0,0194										
17				0,1262			0,2476	0,2330			0,0097				0,2767
17.2					0,0049										
18				0,0437	0,0049		0,1165	0,1893				0,0049			0,1893
18.3							0,0049								
19				0,0485			0,0874	0,0146				0,0874			0,0485
19.3							0,0097								
20				0,0340			0,1068					0,0874			0,0049
21							0,0243					0,1214			
21.2												0,0049			
22				0,0097			0,0583					0,1505			
23				0,0097			0,0922					0,1748			

Akdeniz Bölgesi adli istatistik bulguları -2

	CSF1PO	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D21S11	D2S1338	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	TH01	TPOX	vWA
23.2												0,0049			
24							0,1165					0,1893			
24.2												0,0049			
24.3												0,0049			
25						0,0097	0,0874					0,1165			
26						0,0049	0,0049					0,0437			
27						0,0146						0,0049			
28						0,1068									
28.2						0,0049									
29				0,0049		0,2379									
30				0,0049		0,1990									
30.2						0,0194									
31						0,0583									
31.1						0,0049									
31.2						0,0874									
32						0,0388									
32.2						0,1068									
33.2						0,0874									

Lokus	Nall	GD	PIC	PM	PD	Hobs	PE	TPI
CSF1PO	6	0,7314	0,6788	0,1219	0,8781	0,7184	0,4574	1,7759
D13S317	8	0,8016	0,7691	0,0749	0,9251	0,7476	0,5056	1,9808
D16S539	7	0,7858	0,7496	0,0776	0,9224	0,6893	0,4119	1,6094
D18S51	16	0,8852	0,8691	0,0344	0,9656	0,9029	0,8014	5,1500
D19S433	15	0,8710	0,8532	0,0452	0,9548	0,7864	0,5741	2,3409
D21S11	17	0,8641	0,8455	0,0421	0,9579	0,8738	0,7422	3,9615
D2S1338	13	0,8746	0,8580	0,0342	0,9658	0,8447	0,6844	3,2188
D3S1358	6	0,7801	0,7392	0,0908	0,9092	0,7184	0,4574	1,7759
D5S818	11	0,7584	0,7157	0,1111	0,8889	0,7767	0,5565	2,2391
D7S820	8	0,7872	0,7509	0,0847	0,9153	0,7767	0,5565	2,2391
D8S1179	10	0,8348	0,8101	0,0621	0,9379	0,8738	0,7422	3,9615
FGA	14	0,8696	0,8505	0,0406	0,9594	0,8350	0,6654	3,0294
TH01	8	0,8020	0,7669	0,0778	0,9222	0,7670	0,5393	2,1458
TPOX	5	0,6130	0,5545	0,2095	0,7905	0,6408	0,3427	1,3919
vWA	8	0,8085	0,7765	0,0761	0,9239	0,8544	0,7035	3,4333

Öğr.Gör. ÖMER KARATAŞ

Eğitim Bilgileri

Yüksek Lisans, İstanbul Üniversitesi-Cerrahpaşa, Adli Tıp Ve Adli Bilimler Enstitüsü, Fen Bilimleri Anabilim Dalı, Türkiye 2009 - 2012

Lisans, İstanbul Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji, Türkiye 2005 - 2009

Yabancı Diller

İngilizce, B2 Orta Üstü

Sertifika, Kurs ve Eğitimler

Sağlık ve Tıp, ABI GLOBALFILER PCR AMPLIFICATION KIT APLİKASYON EĞİTİMİ, GENOMED SAĞLIK HİZMETLERİ, 2015

Sağlık ve Tıp, ABI AUTOMATE EXPRESS DNA EXTRACTION SYSTEM APLİKASYON EĞİTİMİ, GENOMED SAĞLIK HİZMETLERİ, 2015

Sağlık ve Tıp, ABI SCIENCE 3130-3130XL GENETIC ANALYZER-KAPİLLER ELEKTROFOREZ teknik servis ve aplikasyon eğitimi, GENOMED SAĞLIK HİZMETLERİ, 2013

Yaptığı Tezler

Yüksek Lisans, Türk toplumunda mitokondriyal DNA'da (8389-8865 baz çifti) mutasyon taraması, İstanbul Üniversitesi, Adli Tıp Enstitüsü, Fen Bilimleri Anabilimdalı, 2012

Araştırma Alanları

Yaşam Bilimleri, Moleküler Biyoloji ve Genetik , Temel Bilimler

Akademik Unvanlar / Görevler

Öğretim Görevlisi, İstanbul Üniversitesi, Adli Tıp Enstitüsü, Adli Moleküler Genetik , 2015 - Devam Ediyor

SCI, SSCI ve AHCI İndekslerine Giren Dergilerde Yayımlanan Makaleler

- I. **Analysis Of Knowledge And Awareness Of Pesticides Among Farmers In Edirne Province, Turkey: A Descriptive Field-Survey Study**

Yükseloğlu E. H. , Salkım İşlek D., Çavuş Yonar F., Karataş Ö., Daştan K.

Fresenius Environmental Bulletin, cilt.30, ss.4500-4516, 2021 (SCI Expanded İndekslerine Giren Dergi)

II. ANALYSIS OF KNOWLEDGE AND AWARENESS OF PESTICIDES AMONG FARMERS IN EDİRNE PROVINCE, TURKEY: A DESCRIPTIVE FIELD-SURVEY STUDY

YÜKSELOĞLU E. H. , SALKIM İŞLEK D., ÇAVUŞ YONAR F., KARATAŞ Ö., Dastan K.

FRESENIUS ENVIRONMENTAL BULLETIN, cilt.30, ss.7045-7054, 2021 (SCI İndekslerine Giren Dergi)

III. Association of 10 single nucleotide polymorphism loci with nicotine addiction in the Anatolian population?

Yukselolu E. H. , Ortug A., Rayimoglu G., YONAR F., Erkan I., kara U., Islek D. S. , OZAR M. O. K. , Dastan K., Karatas O.

BIOTECHNOLOGY & BIOTECHNOLOGICAL EQUIPMENT, cilt.33, sa.1, ss.1011-1017, 2019 (SCI İndekslerine Giren Dergi)

Diğer Dergilerde Yayımlanan Makaleler

I. A review of crime-scene examination and the forensic investigation process in sexual crimes: the example of Turkey

Yükseloğlu E. H. , Tarı Cömert I., Diker Uğraş S., Karataş Ö.

Forensic Research & Criminology International Journal, cilt.8, sa.6, ss.228-231, 2020 (Diğer Kurumların Hakemli Dergileri)

II. The comparison of DNA extraction techniques in human bone and tooth samples exposed to high heat

YÜKSELOĞLU E. H. , Daştan K., Çavuş Yonar F., Rayimoğlu G., KARATAŞ Ö., SALKIM İŞLEK D., Doğan M. B.

Medicine Science International Medical Journal, cilt.8, sa.3, ss.489-495, 2019 (Diğer Kurumların Hakemli Dergileri)

Kitap & Kitap Bölümleri

I. The Importance of expert Witnessing: balkan Experience

Yükseloğlu E. H. , Çavuş Yonar F., Karataş Ö., Salkım İşlek D., Erkan I.

Istanbul yeniyuzyıl University, İstanbul, 2020

II. Awareness Of Standardization In Expertise Services Presented At Forensic Science Laboratories In Turkey

Yükseloğlu E. H. , Çavuş Yonar F., Karataş Ö., Salkım İşlek D., Erkan I.

The Importance of Expert Witnessing: The Balkan Experience, Sotiri Kalfaoglu, Editör, İstanbul Yeni Yüzyıl Üniversitesi, İstanbul, ss.13-26, 2020

III. Turaz Akademi

Çavuş Yonar F., Ortuğ A., Rayimoğlu G., Karataş Ö., Yükseloğlu E. H.

Akademisyen Yayınevi, İstanbul, 2018

IV. Nikotin Bağımlılığının Adli Bilimlerdeki Yeri

Çavuş Yonar F., Ortuğ A., Rayimoğlu G., Karataş Ö., Yükseloğlu E. H.

TURAZ AKADEMİ 2018, Osman CELBİŞ, Editör, Akademisyen, Ankara, ss.213-222, 2018

Hakemli Kongre / Sempozyum Bildiri Kitaplarında Yer Alan Yayınlar

I. ADLİ BİLİMLERDE ULTRA ISILARA MARUZ BIRAKILMIŞ İNSAN KEMİK VE DİŞ ÖRNEKLERİNDE DNA PROFİLLEMESİ

YÜKSELOĞLU E. H. , Daştan K., ÇAVUŞ YONAR F., RAYİMOĞLU G., KARATAŞ Ö., AŞICIOĞLU F.

16. Ulusal Adli Tıp Günleri, Antalya, Türkiye, 24 - 28 Ekim 2018

II. Roadside And Workplace Drug Testing

KARATAŞ Ö., ÇAVUŞ YONAR F., RAYİMOĞLU G., SALKIM İŞLEK D., YÜKSELOĞLU E. H.

3rd Regional TIAFT Meeting İn Turkey, Drug Abuse & Crime Symposium, Ankara, Türkiye, 18 - 20 Ekim 2018, ss.1

III. **Study Drug–Ritalin**

KARATAŞ Ö., ÇAVUŞ YONAR F., RAYİMOĞLU G., SALKIM İŞLEK D., YÜKSELOĞLU E. H.

3rd Regional TIAFT Meeting İn Turkey, Drug Abuse & Crime Symposium, Ankara, Türkiye, 18 - 20 Ekim 2018, ss.1

IV. **CAN WE OPTIMIZE BIOMONITORING**

SALKIM İŞLEK D., ÇAVUŞ YONAR F., RAYİMOĞLU G., KARATAŞ Ö., YÜKSELOĞLU E. H.

3rd Regional TIAFT Meeting İn Turkey, Drug Abuse & Crime Symposium, Ankara, Türkiye, 18 - 20 Ekim 2018, ss.1

V. **A Sportive Performance And Nano-Doping**

YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ YONAR F., RAYİMOĞLU G., KARATAŞ Ö., SALKIM İŞLEK D.

3rd Regional TIAFT Meeting İn Turkey, Drug Abuse & Crime Symposium, Ankara, Türkiye, 18 - 20 Ekim 2018, ss.1

VI. **Autopsy Safety In The Context Of Terrorism Biological And Chemical Warfare Agents Use**

RAYİMOĞLU G., ÇAVUŞ YONAR F., KARATAŞ Ö., SALKIM İŞLEK D., YÜKSELOĞLU E. H.

3rd Regional TIAFT Meeting İn Turkey, Drug Abuse & Crime Symposium, Ankara, Türkiye, 18 - 20 Ekim 2018, ss.1

VII. **ADLİ BİLİMLERDE YÜKSEK ISIYA MARUZ BIRAKILMIŞ İNSAN KEMİK VE DİŞ ÖRNEKLERİNDE ORGANİK VE İNORGANİK TEMELLİ DNA ÇEKİTLEME TEKNİKLERİNİN KARŞILAŞTIRILMASI**

Daştan K., YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ YONAR F., KARATAŞ Ö., AŞICIOĞLU F., RAYİMOĞLU G.

16. Ulusal Adli Tıp Günleri, Antalya, Türkiye, 24 Eylül - 28 Ekim 2018

VIII. **Stress, Ageing and Telomer**

KARATAŞ Ö., ÇAVUŞ YONAR F., RAYİMOĞLU G., YÜKSELOĞLU E. H.

Science and Justice 2nd International Congress - ITAC 2018, İstanbul, Türkiye, 1 - 04 Eylül 2018, ss.50

IX. 10 SNP Lokusunun Genetik Polimorfizminin Nikotin Bağımlılığı İle İlişkilendirilmesi

ÇAVUŞ YONAR F., Ortuğ A., RAYİMOĞLU G., KARATAŞ Ö., YÜKSELOĞLU E. H.

Science and Justice 2nd International Congress - ITAC 2018, İstanbul, Türkiye, 1 - 04 Eylül 2018, ss.55

X. TO COMPARE THE ALLELE FREQUENCIES OF BULGARIAN TURKS LIVING IN TURKEY AND TURKS LIVING IN TURKEY USING THE LATEST DNA TECHNOLOGY (24 STR DNA LOCUS)

YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ YONAR F., RAYİMOĞLU G., KARATAŞ Ö., CANPOLAT E., AŞICIOĞLU F.

8th European Academy Of Forensic Science Conference, Lyon, Fransa, 27 - 31 Ağustos 2018

XI. ANALYSIS OF MIXTURES SAMPLE DETECTION BY NEXT GENERATION SEQUENCING (NGS) TECHNOLOGY

YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ YONAR F., Kara U., RAYİMOĞLU G., KARATAŞ Ö.

8th European Academy Of Forensic Science Conference, Lyon, Fransa, 27 - 31 Ağustos 2018

XII. OPTIMIZATION OF 13 OF 52 AUTOSOMAL SNP LOCI USED IN FORENSIC SCIENCE FOR TURKISH POPULATION

YÜKSELOĞLU E. H. , BAŞ YAVAŞER G., ÇAVUŞ YONAR F., RAYİMOĞLU G., KARATAŞ Ö.

8th European Academy Of Forensic Science Conference, Lyon, Fransa, 27 - 31 Ağustos 2018

XIII. Mavi Balina - Online İntihar

Karataş Ö., Çavuş Yonar F., Rayimoğlu G., Yürü G., Yükseloğlu E. H.

15. Adli Bilimler Kongresi, Antalya, Türkiye, 12 - 15 Nisan 2018, ss.23

XIV. ADLİ BİYOLOJİ LABORATUVARLARINDA MESLEKİ RİSKLER VE GÜVENLİK ÖNLEMLERİ

ÇAVUŞ YONAR F., RAYİMOĞLU G., KARATAŞ Ö., YÜKSELOĞLU E. H.

15. Adli Bilimler Kongresi, Antalya, Türkiye, 12 - 15 Nisan 2018

XV. LABORATUVARLAR ARASI KARŞILAŞTIRMA VE YETERLİLİK TESTLERİNİN ADLİ BİLİMLER LABORATUVARINDAKİ ÖNEMİ

RAYİMOĞLU G., ÇAVUŞ YONAR F., KARATAŞ Ö., YÜKSELOĞLU E. H.

15. Adli Bilimler Kongresi, Antalya, Türkiye, 12 - 15 Nisan 2018

XVI. Identification of Oral Swab Samples With the Latest DNA Technology (24 STR DNA Loci) : A Validation Study

YÜKSELOĞLU E. H. , Rayimoğlu G., ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., Daştan K., AŞICIOĞLU F.

27th Congress of the International Society for Forensic Genetics (ISFG 2017), Coex, Güney Kore, 28 Ağustos - 02 Eylül 2017, ss.314

XVII. Improvement of the Success Rate of Identification in Forensic Cases

ÇAVUŞ F., Rayimoğlu G., KARATAŞ Ö., Daştan K., YÜKSELOĞLU E. H.

21st Triennial Meeting of the International Association of Forensic Sciences 2017 (IAFS 2017), Toronto Ontario Canada, Amerika Birleşik Devletleri, 21 - 25 Ağustos 2017, ss.79

XVIII. Testing And Optimization Of Method Validity for Forensic Genetic Analyzes

KARATAŞ Ö., ÇAVUŞ F., Rayimoğlu G., Daştan K., uslu r., YÜKSELOĞLU E. H.

21st Triennial Meeting of the International Association of Forensic Sciences 2017 (IAFS 2017), Toronto Ontario Canada, Amerika Birleşik Devletleri, 21 - 25 Ağustos 2017, ss.74

XIX. The Importance of the Common Variants Between Cannabis Use and Schizophrenia in Genetic Etiology

YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., Rayimoğlu G., AÇIKKOL M.

2nd Regional TIAFT Meeting in Turkey, Antalya, Türkiye, 30 Ekim - 02 Kasım 2016, ss.43

XX. The Detecting Methods Of Genetic Predisposition to Alcohol And Nicotine

YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., Rayimoğlu G., AÇIKKOL M.

2nd Regional TIAFT Meeting in Turkey, Antalya, Türkiye, 30 Ekim - 02 Kasım 2016, ss.41

XXI. Multiple Drug Use and Polymorphic Dopamine Receptors

YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., Rayimoğlu G., AÇIKKOL M.

2nd Regional TIAFT Meeting in Turkey, Antalya, Türkiye, 30 Ekim - 02 Kasım 2016, ss.42

XXII. El Yapımı Yangın Çıkarıcılar Üzerinden Parmak İzi Ve Biyolojik Bulguların Araştırılması

YÜKSELOĞLU E. H. , Gülekçi Y., Rayimoğlu G., ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö.

I. Uluslararası Adli Tıp ve Patoloji Kongresi, Baku, Azerbaycan, 13 - 16 Ekim 2016, ss.92

XXIII. Patolojide Malpraktis Tespitinde DNA: Dört Olgu Sunumu

ÇAVUŞ F., Rayimoğlu G., KARATAŞ Ö., YÜKSELOĞLU E. H.

I. Uluslararası Adli Tıp ve Patoloji Kongresi, Baku, Azerbaycan, 13 - 16 Ekim 2016, ss.73

XXIV. miRNA'nın Adli Bilimlerde Kullanımı

KARATAŞ Ö., ÇAVUŞ F., Rayimoğlu G., YÜKSELOĞLU E. H.

I. Uluslararası Adli Tıp ve Patoloji Kongresi, Baku, Azerbaycan, 13 - 16 Ekim 2016, ss.45

XXV. Üremeye Yardımcı Tedavi Uygulamaları Ve Üremeye Yardımcı Tedavi Merkezleri Hakkındaki Yönetmelik Çerçevesinde İstanbul Üniversitesi Adli Tıp Enstitüsü Adli Moleküler Genetik Laboratuvarı'na Başvuran Olguların Değerlendirilmesi

Rayimoğlu G., ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., YÜKSELOĞLU E. H.

I. Uluslararası Adli Tıp ve Patoloji Kongresi, Baku, Azerbaycan, 13 - 16 Ekim 2016, ss.65

XXVI. Sağlık Kuruluşlarına Başvuran Adli Vakalardan Alınan Biyolojik Örneklerin Genetik Analizler İçin Delil Teslim Zinciri İçerisinde Laboratuvara Gönderilmesinin Önemi

ÇAVUŞ F., Rayimoğlu G., KARATAŞ Ö., YÜKSELOĞLU E. H.

13. ADLİ BİLİMLER KONGRESİ, Muğla, Türkiye, 27 - 30 Nisan 2016, ss.399

XXVII. The use of DNA analyses in cancer cases: a case of gastric cancer (?)

YÜKSELOĞLU E. H. , Rayimoğlu G., ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., Daştan K., Ünsal T., DEMİRCAN Y. T. , AÇIKKOL M.

7th EUROPEAN ACADEMY OF FORENSIC SCIENCE CONFERENCE, Prag, Polonya, 6 - 11 Eylül 2015, ss.115-116

XXVIII. The Genetic Diversity of Mitochondrial DNA (D-Loop Region) in Turkish Population

Altuncul H., Katoğlu A., Demirbaş Y., Karataş Ö., Filoğlu Tüfek G.

20th World Meeting Of The International Association Of Forensic Sciences , Seoul, Güney Kore, 13 - 17 Ekim 2014, sa.4191710

XXIX. Sequencing Analysis of Mitochondrial DNA Coding Region (8389 to 8865)

Altuncul H., Karataş Ö., Katoğlu A., Bülbül Ercan Ö., Filoğlu Tüfek G.

20th World Meeting Of The International Association Of Forensic Sciences, Seoul, Güney Kore, 13 - 17 Ekim 2014, sa.4191721

XXX. A polymorphic Study of Mitochondrial Genome Encompassing Position 8389 to 8865

YEDİAY F. E. , KARATAŞ Ö., Katoğlu A., BÜLBÜL Ö., FİLOĞLU TÜFEK G., ALTUNÇUL H.

6th European Academy of Forensic Science Conference, Lahey, Hollanda, 20 - 24 Ağustos 2012, ss.338

XXXI. Optimization of the 8 Mitochondrial SNPs Using Minisequencing Technique

BÜLBÜL Ö., Düvenci A., Tavacı İ., Demirbaş y., KARATAŞ Ö., YEDİAY F. E. ,
FİLOĞLU TÜFEK G., ALTUNÇUL H.

22nd Congress of the International Academy of Legal Medicine, İstanbul, Türkiye, 5 -
08 Temmuz 2012, cilt.126, ss.334

XXXII. Sequencing Analysis of HV1 and HV2 on the Mitochondrial DNA in Turkish Population

ALTUNÇUL H., YEDİAY F. E. , KARATAŞ Ö., Katoğlu A., BÜLBÜL Ö.,
FİLOĞLU TÜFEK G.

22nd Congress of the International Academy of Legal Medicine, İstanbul, Türkiye, 5 -
08 Temmuz 2012, cilt.126, ss.336

Diğer Yayınlar

I. The use of DNA analyses in cancer cases: a case of gastric cancer (?)

YÜKSELOĞLU E. H. , RAYİMOĞLU G., ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., Daştan K.,
Ünsal T.

Sunum, ss.115-116, 2015

Desteklenen Projeler

YÜKSELOĞLU E. H. , KARA U., ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., RAYİMOĞLU G.,
Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, YENİ NESİL DİZİLEME TEKNOLOJİSİNİN
(NEXT GENERATION SEQUENCINGNGS) KARIŞIK ÖRNEKLERİN (MIXTURES)
ANALİZİNE UYGULANMASI, 2018 - 2020

YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ F., RAYİMOĞLU G., KARATAŞ Ö., BAŞ G.,
Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, Adli Bilimlerde Kullanılan 52 Otozomal SNP
Lokusunun 13 Tanesinin Türk Popülasyonu İçin Optimizasyonu, 2016 - 2019

YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., AŞICIOĞLU F., RAYİMOĞLU G.,
DAŞTAN K., Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, IDENTIFICATION OF ORAL
SWAB SAMPLES WITH THE LATEST DNA TECHNOLOGY 24 STR DNA LOCI A
VALIDATION STUDY, 2017 - 2017

YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., AŞICIOĞLU F., RAYİMOĞLU G.,
Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, AĞIZ İÇİ SÜRÜNTÜ ÖRNEKLERİNİN EN SON

DNA TEKNOLOJİSİ İLE (24 STR DNA LOKUSU) KİMLİKLENDİRİLMESİ: BİR VALİDASYON ÇALIŞMASI, 2015 - 2017

YÜKSELOĞLU E. H. , ÇAVUŞ F., KARATAŞ Ö., RAYİMOĞLU G., ORTUĞ A., Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, On SNP Lokusunun Genetik Polimorfizminin Nikotin Bağımlılığı ile İlişkilendirilmesi, 2013 - 2017

