



T.C.
EGE ÜNİVERSİTESİ
Fen Bilimleri Enstitüsü



EGE BÖLGESİNDE YAŞANAN CİNSEL SALDIRI OLAYLARINA AİT FAİLLERDE GENETİK BENZERLİKLER

Yüksek Lisans Tezi

Cansev BAZ

Biyoteknoloji Anabilim Dalı

2024

İzmir

T.C.
EGE ÜNİVERSİTESİ

Fen Bilimleri Enstitüsü

**EGE BÖLGESİNDE YAŞANAN CİNSEL SALDIRI
OLAYLARINA AİT FAİLLERDE GENETİK
BENZERLİKLER**

Cansev BAZ

Danışman: Prof. Dr. Afig BERDELİ

Biyoteknoloji Anabilim Dalı
Tezli Yüksek Lisans Programı

İzmir

2024

Cansev BAZ tarafından Yüksek Lisans tezi olarak sunulan “Ege Bölgesinde Yaşanan Cinsel Saldırı Olaylarına Ait Faillerde Genetik Benzerlikleri” başlıklı bu çalışma EÜ Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği ile EÜ Fen Bilimleri Enstitüsü Eğitim ve Öğretim Yönergesi’nin ilgili hükümleri uyarınca tarafımızdan değerlendirilerek savunmaya değer bulunmuş ve 26.07.2024 tarihinde yapılan tez savunma sınavında aday oybirliği/oyçokluğu ile başarılı bulunmuştur.

Jüri Üyeleri:

İmza

Jüri Başkanı :

Üye :

Üye :



EGE ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**ETİK KURALLARA UYGUNLUK BEYANI**

EÜ Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliğinin ilgili hükümleri uyarınca Yüksek Lisans Tezi/ ~~Doktora Tezi~~ olarak sunduğum “Ege Bölgesinde Yaşanan Cinsel Saldırı Olaylarına Ait Failerde Genetik Benzerlikleri” başlıklı bu tezin kendi çalışmam olduğunu, sunduğum tüm sonuç, doküman, bilgi ve belgeleri bizzat ve bu tez çalışması kapsamında elde ettiğimi, bu tez çalışmasıyla elde edilmeyen bütün bilgi ve yorumlara atıf yaptığımı ve bunları kaynaklar listesinde usulüne uygun olarak verdiğimi, tez çalışması ve yazımı sırasında patent ve telif haklarını ihlal edici bir davranışımın olmadığını, bu tezin herhangi bir bölümünü bu üniversite veya diğer bir üniversitede başka bir tez çalışması içinde sunmadığımı, bu tezin planlanmasından yazımına kadar bütün safhalarda bilimsel etik kurallarına uygun olarak davrandığımı ve aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul edeceğimi beyan ederim.

26 / 07 / 2024

İmzası

Cansev BAZ

ÖZET**EGE BÖLGESİNDE YAŞANAN CİNSEL SALDIRI OLAYLARINA
AİT FAİLLERDE GENETİK BENZERLİKLER**

BAZ, Cansev

Yüksek Lisans Tezi, Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Prof. Dr. Afig BERDELİ

Temmuz 2024, 113 sayfa

Ege Bölgesi Türkiye'nin yedi coğrafi bölgesinden biridir. Bu bölgede ki suç yoğunluğu her geçen yıl artış göstermektedir. Suç olgusu, daha önce yürütülen popülasyon çalışmalarında ön plana çıkarılmadığı gözlemlenmiş ve bu çalışma ile farklı bir bakış açısı kazandırılmak istenmiştir. Ege Bölgesinde yaşanan cinsel saldırı suçunun faillerinden oluşan bir çalışma grubu oluşturulmuş ve GlobalFiler ticari STR kiti ile 22 STR (Short Tandem Repeat) lokuslarında ki allel frekanslarının dağılımı hesaplanmıştır. Elde edilen veriler hem ulusal hem de uluslararası çalışmalar ile mukayese edilmiştir.

Sonuç olarak bazı STR bölgelerinde anlamlı farklılıklar gözlemlenmiş olsa da çalışma grubunun küçük ve lokal bir bölge içerisinde yapılmış olması genetik benzerlik hususunda kesin bir yargıya ulaştırmamıştır. Ama ileride yapılacak benzer çalışmalara örnek olacağı ve fayda sağlayacağı düşünülmektedir.

Anahtar sözcükler: Otozomal STR analizi, Adli bilimler, GlobalFiler, Allel frekansı

ABSTRACT

GENETIC SIMILARITIES OF SEXUAL ASSAULT OFFENDERS IN THE AEGEAN REGION

BAZ, Cansev

MSc in Department of Biotechnology

Supervisor: Prof. Dr. Afig BERDELİ

July 2024, 113 pages

The Aegean Region is one of Turkey's seven geographical regions. The crime intensity in this region has been increasing year by year. It has been observed that the fact of crime has not been highlighted in previous population based studies and therefore this study aims to provide a different perspective on this matter. In this work a study group consisting of perpetrators of sexual assault incidents in the Aegean Region was formed, and the distribution of allele frequencies at 22 Short Tandem Repeat (STR) loci was calculated by using the GlobalFiler commercial STR kit. The obtained data were compared with both national and international studies.

In conclusion, significant differences were observed in some STR regions, but the study group's small and local scope did not lead to a definitive conclusion regarding genetic similarity. It is thought that this study will be useful and set an example for similar studies to be conducted in the same field.

Keywords: Autosomal STR analysis, Forensic sciences, GlobalFiler, Allele frequency

ÖNSÖZ

Toplum içerisindeki düzenin sağlanması devletlerin birinci önceliğidir. Bu düzen mevcut hukuk sisteminin işleyişine tabi olup adaletin temel kaynaklarından biri olan adli bilimler ile sağlanmaktadır. Emniyet Genel Müdürlüğü geçmiş yıllardan bu yana yaptığı incelemeler ile suçun aydınlatılmasında etkin rol oynamaktadır.

Bu zamana kadar ki çalışmalarda suçluların toplum içerisinde profillendirilmesi sosyal bilimler aracılığı ile yapılmıştır. Bu tez projesi ile suçluların genetik açıdan gruplandırılmasının mümkün olup olmadığının araştırılması amaçlanmıştır.

İZMİR

Cansev BAZ

26/07/2024

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ETİK KURALLARA UYGUNLUK BEYANI	vi
ÖZET	vii
ABSTRACT	viii
ÖNSÖZ	ix
İÇİNDEKİLER DİZİNİ	x
ŞEKİLLER DİZİNİ	xv
TABLolar DİZİNİ	xvi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	xix
1.GİRİŞ	1
1.1 DNA Molekülünün Yapısı	4
1.2 DNA Polimorfizmleri	8
1.2.1 Dizi (Sekans) polimorfizmi	8
1.2.2 Uzunluk polimorfizmi	10
1.2.3 STRs (Short Tandem Repeats) Lokusları	10

İÇİNDEKİLER (devam)

Sayfa

1.2.3.1 Adli bilimlerde kullanılan STR'lerin özellikleri ve analizi.....	11
2. MATERYAL VE YÖNTEM	13
2.1 Örneklerin Fenol-Kloroform Yöntemi Kullanılarak İzole Edilmesi.....	14
2.2 Kit bileşenleri	20
2.3 3500 XL Genetik Analiz ile Elektroforez İşlemi	23
3. BULGULAR.....	27
3.1 Otozomal- STR Bölgelerinin Genotiplendirilmesi	27
3.2.1 D2S441	28
3.2.2 D22S1045.....	29
3.2.3 D10S1248.....	30
3.2.4 SE33	30
3.2.5 D12S391.....	32
3.2.6 D8S1179.....	33
3.2.7 D21S11.....	33
3.2.8 D7S820.....	34

İÇİNDEKİLER (devam)

	<u>Sayfa</u>
3.2.9 CSF1PO.....	35
3.2.10 D3S1358.....	36
3.2.11 TH01.....	37
3.2.12 D13S317.....	38
3.2.13 D16S539.....	39
3.2.14 D2S1338.....	40
3.2.15 D19S433.....	41
3.2.16 vWA	42
3.2.17 TPOX	43
3.2.18 D18S51.....	44
3.2.19 D5S818.....	45
3.2.20 FGA.....	46
3.2.21 DYS391.....	47
3.2.22 D1S1656.....	47

İÇİNDEKİLER (devam)

	<u>Sayfa</u>
3.3 Kontrol Grubu Bulguların Genotiplendirilmesi	48
3.3.1 D2S441	48
3.3.2 D22S1045	49
3.3.3 D10S1248	50
3.3.4 SE33	51
3.3.5 D12S391	53
3.3.6 D8S1179	53
3.3.7 D21S11	54
3.3.8 D7S820	55
3.3.9 CSF1PO	56
3.3.10 D3S1358	57
3.3.11 TH01	58
3.3.12 D13S317	59
3.3.13 D16S539	60

İÇİNDEKİLER (devam)

	<u>Sayfa</u>
3.3.14 D2S1338.....	61
3.3.15 D19S433.....	62
3.3.16 vWA	63
3.3.17 TPOX	64
3.3.18 D18S51.....	65
3.3.19 D5S818.....	66
3.3.20 FGA.....	67
3.3.21 DYS391.....	68
3.3.22 D1S1656.....	68
4. SONUÇ	70
5. TARTIŞMA	77
KAYNAKLAR DİZİNİ	86
TEŞEKKÜR.....	93
ÖZGEÇMİŞ	94

ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>Şekil</u>	<u>Sayfa</u>
1.1 : DNA'nın yapısı.....	5
1.2: Kromozomların yapısı	6
1.3: STR lokuslarının kromozomlar üzerindeki dağılımı.....	7
1.4: Genomun polimorfik sınıflandırılması	9
1.5: STR lokusuna ait allellerin isimlendirilmesi	11
2.1: PCR analizinin basamakları.....	18

TABLOLAR DİZİNİ

<u>Tablo</u>	<u>Sayfa</u>
2.1: Örneklerin illere göre dağılımı	13
2.2: Örneklerle eklenen kimyasal miktarları.....	14
2.3: Kullanılan çözeltilerin içerik ve hazırlanış bilgileri	15
2.4: Thermal Cyclor cihazı çalışma prosedürü	19
2.5: PCR işlemine hazırlık basamağında STR kiti ve örnek karışım miktarları.....	19
2.6: CLA Globalfiler™ kitine ait STR bölgelerine ait tüm bilgiler ve işaretlendiğı boyalar	23
2.7: PCR ürünlerinin elektroforez işlemine hazırlanırken kullanılan karışım içeriğı	25
3.1: ISFH kurallarına göre str bölgelerinin isimlendirilmesi.....	27
3.2: D2S441 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	28
3.3: D22S1045 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	29
3.4: D10S1248 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	30
3.5: SE33 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	31
3.6: D12S391 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	32
3.7: D8S1179 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	33
3.8: D21S11 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	34
3.9: D7S820 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	35
3.10: CSF1PO bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	36
3.11: D3S1358 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	37

TABLOLAR DİZİNİ (devam)

<u>Tablo</u>	<u>Sayfa</u>
3.12: TH01 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	38
3.13: D13S317 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	39
3.14: D16S539 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	40
3.15: D2S1338 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	41
3.16: D19S433 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	42
3.17: vWA bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	43
3.18: TPOX bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	43
3.19: D18S51 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	44
3.20: D5S818 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	45
3.21: FGA bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	46
3.22: DYS391 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	47
3.23: D1S1656 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	48
3.24: D2S441 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	49
3.25: D22S1045 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	50
3.26: D10S1248 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	51
3.27: SE33 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	52
3.28: D12S391 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	53
3.29: D8S1179 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	54
3.30: D21S11 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	55
3.31: D7S820 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	56

TABLOLAR DİZİNİ (devam)

<u>Tablo</u>	<u>Sayfa</u>
3.32: CSF1PO bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	57
3.33: D3S1358 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	58
3.34: TH01 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	59
3.35: D13S317 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	60
3.36: D16S539 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	61
3.37: D2S1338 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	62
3.38: D19S433 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	63
3.39: vWA bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	64
3.40: TPOX bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	64
3.41: D18S51 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	65
3.42: D5S818 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	66
3.43: FGA bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	67
3.44: DYS391 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	68
3.45: D1S1656 bölgesi allellerin görülme sıklığı.....	69

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİSimgelerAçıklama

%

Yüzde

°C

Derece

µl

Mikrolitre

kb

Kilobaz

bp

Baz çifti

ml

Mililitre

pH

Hidrojen iyon konsantrasyonu

gr

Gram

rpm

Revolutions per minute (Devir sayısı)

M

Molar

KısaltmalarAçıklama

DNA

Deoksiribonükleik Asit

STR

Kısa Ardışık Tekrar Uzantılar (Short Tandem Repeat)

PCR

Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction)

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ (devam)

<u>Kısaltmalar</u>	<u>Açıklama</u>
CE	Kapilleri Elektroforez (Capillary Electrophoresis)
RFLP	Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi (Restriksiyon Fragment Length Polymorphism)
VNTR	Değişken Sayıda Sıralı Tekrar Dizisi (Variable Number of Tandem Repeat)
SDS	Sodyum Dodesil Sülfat
dH ₂ O	Distile Su
EDTA	Etilendiamin Tetra Asetik Asit
dNTP	Dinükleotittrifosfatlar
FBI	Federal Soruşturma Bürosu (Federal Bureau of Investigation)
TAPS	N-Tris-metil-3-aminopropan-sülfonik Asit
CCD	Charge Coupled Device
DMA	poly N,N-dimetilakrilamid
RNA	Ribonükleik asit
mtDNA	Mitokondrial DNA
SNP	Single Nucleotide Polymorphisms (Tek nükleotid polimorfizmi)
ISFH	International Society of Forensic Hemogenetics (Uluslararası Adli Genetik Derneği)

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ (devam)

<u>Kısaltmalar</u>	<u>Açıklama</u>
PAGE	Poliakrilamid Jel
POP4	Performance Optimized Polymer (Performans dengeleyici polimer)
PD	Power of Discrimination (Ayrımlama gücü)
PM	Matching Probability (Uyuşma, karşılaşma olasılığı)
PIC	Polymorphism Information Content (Polimorfik bilgi içeriği)
PE	Power of Exclusion (Dışlama gücü)
TPI	Typical Paternity Index (Tipik babalık indeksi)
HW	Hardy Weinberg Equilibrium (Hardy Weinberg eşitliği veya dengesi)

1.GİRİŞ

İnsanın varoluşundan bu yana suç olgusu varlığını sürdürmüştür. İnsanın bulunduğu toplum içerisinde varlığını sürdürebilmesi için mevcut düzen ve kurallara uymak zorundadır.(Bakırcı, 2021) Bu kurallar insanların düzen içerisinde ve güvenli bir alanda yaşamasına olanak sağlar. Bahsettiğimiz kurallar toplum içerisinde yer alan örf ve geleneklere uygun olmayan ve kanunlarca yasaklanmıştır. Yasaklanan bu davranışların ihlal edilmesi suç kavramını doğurmuştur. İşlenen her suç maddi veya manevi olarak bir yaptırıma tabi tutulmuştur.(Demir, 2016) Suç olgusunun yanında yer alan sapma davranışı örf ve geleneklere uymayan fakat kanuni olarak bir yaptırımı olmayıp sadece toplumca belirlenen görüşler dışına çıkmaktır.(Dolu vd., 2012) bazı suçlar sapma iken bazıları hem sapma hem suç olgusunu içerir. Örneklendirecek olursak eşlerin birbirini aldatması toplum nezdinde doğru değilken hukuki olarak bir cezası yoktur. Ama şahsın isteği olmadan cinsel ilişkiye zorlamak hem sapma hem de suçtur.

Tarih boyunca suç teşkil eden davranışlar değişkenlik göstermiştir. Bu da suç olgusunun toplumun yapısı, değer yargıları ve yasa koyucuları tarafından belirlendiğini göstermiştir.(İçli vd., 2007)Bununla birlikte tarihten günümüze değişiklik göstermeyen en ağır ikinci suç olarak nitelendirilen cinsel saldırı / istismar suçu hem dünyada hem de ülkemizde maalesef artış göstermektedir.(Erdem Obut, 2022) Toplumlarda cinsel davranışlar o dönemin siyasi, kültürel ve ekonomik özelliklerine göre sınıflandırılmıştır. Normal dışı kabul edilen davranışlar yazılı veya sözlü yasalarca cezalandırılmıştır.(Haeberle, 1993) Türk Ceza Kanunu'na göre; Cinsel saldırı, şahsın rızası olmadan veya şahsın rızasının kabul görmediği durumlarda, bir kişinin cinsel içerikli eylemler ve sözler ile fiziksel, sosyal ve ruhsal zararlara maruz bırakılmasıdır. (Cantürk vd., 2010) Cinsel saldırı/ istismar suçu mağdurlar üzerinde telafi edilemeyecek hem maddi hem de manevi etkiler bırakmaktadır. (Ahmetoğlu vd., 2023) Gerçekleşen suçun aydınlatılması ve faillerinin tespit edilerek hukuki cezalarının verilmesi mağdurların psikolojik olarak rahatlamasına olanak sağlamaktadır. Cinsel saldırı/istismar suçlarında mağdur ve saldırgan arasındaki ilişkinin en temel delili de

biyolojik materyallerdir. Suça karışan kişi ve kişiler olay mahalline izler bırakırlar. Adli incelemeler bu izleri kullanarak mağdur, fail ve olay yeri arasındaki ilişkiliyi çözümlemeye çalışır. (Alakoç, 2010) Bilim dünyasında yapılan çalışmalar parmak izi ve DNA'nın kişiye özgü ve bireyleri birbirinden ayırt eden özellikler olduğunu göstermiştir. Bu sebeple insanın içerisinde bulunduğu tüm suç türlerinde olay yerinden elde edilecek biyolojik materyaller, suçun aydınlatılmasında en temel delildir. Olay yerinden elde edilen biyolojik bulgular üzerinden DNA profillendirmesi yapılmaktadır. Elde edilen DNA profilleri olay içerisindeki şahıslara ait profiller ile mukayese edilen sonuçlar hukuki makamlara sunulur. Elde edilen sonuçlar hem suçlunun belirlenmesi hem de olay ile ilgisi bulunmadan mahkûmiyet altındaki masum insanların serbest bırakılmasını sağlar.

İnsan ile ortaya çıkan ve yaşam boyu varlığını sürdürmeye devam edeceğini bildiğimiz suç davranışlarına karşı bazı çalışmalar yapılmıştır. Bu çalışmalara suç ve suçlu nasıl tespit edilir sorusu öncülük etmiştir. Çalışmalar; olayların incelenmesinde, suçun ve suçlunun bulunmasında, failerin kimliğinin belirlenmesinde, suç araçlarının saptanmasında kısaca suçun kanıtlanması için yürütülen inceleme alanlarını kapsayan adli bilimler dalını ortaya çıkarmıştır. (Butler, 2005) (Hersekli, 2022) (Robertson et.al, 1990)

Adli bilimler multidisipliner bir bilim dalıdır. Bir soruşturmada elde edilen tüm bulguların incelenmesi ve delil niteliği kazanarak suçun aydınlatılmasında başvuru bilim dalıdır. Adli bilimlerin birçok alt dalları vardır. Adli bilimler adli biyoloji, adli genetik, adli farmakoloji, adli toksikoloji, adli entomoloji, adli patoloji, adli balistik, adli psikoloji, adli kimya, adli tıp, olay yeri inceleme ve bilişim gibi birçok alt dallardan oluşmaktadır. (Dokgöz, 2020)

Dünya üzerindeki tüm ülkelerde suç oranı düzenli olarak artış göstermektedir. Ülkemizde ki suç oranı da her geçen gün artmakta ve failerin cezasız kalması istenmemektedir. Ülkemizde gerçekleşen hırsızlık, cinsel saldırı, cinayet, yaralama, gasp gibi şahıs teması olan suçlarda failerin tespitinin yapılabilmesi olay yerinden elde

dilen biyolojik (kan, tükürük, idrar, semen, kıl vb.) delillerin kimliklendirilmesine bağlıdır. Yaşanan adli vakaların aydınlatılmasında biyolojik incelemeler her zaman birincil delil niteliği taşır. Bu sebeple adli biyoloji adli bilimlerin en önemli alt dallarından biridir. Suç ve suçlunun ilişkilendirilmesi olay yerinden alınan biyolojik deliller üzerinde yapılan DNA analizleri ile neticelendirilir. DNA analizinin tarihsel süreçte ki gelişimine baktığımızda; Karl Landsteiner 1900'li yıllarda ABO kan grubu sistemini tanımlamış ve insanların kan gruplarına göre ayırt edilebileceğini savunmuştur.(Williams, 2013) 1915 yılında Leone Lattes ABO kan grubu sistemini kullanarak bir babalık vakasını çözmüştür. Bu vakanın çözülmesi ve hukuk önünde geçerli sayılması ile adli genetiğin temelleri atılmış oldu.(Butler, 2010) Olay yerlerinden elde edilen biyolojik materyallerde ki enzim ve proteinlerin yapılarının bozulmaya eğilimli olması analizleri olumsuz etkilemiş ve çalışma alanını sınırlandırmıştır. (Williams, 2013)

20.yy başında DNA polimorfizminin tanımlandığı ve adli bilimler alanında daha etkin olacağı kabul görmüştür. İki insanın DNA dizisi yaklaşık olarak %99.5 oranında aynıdır. Geriye kalan % 0.5'lik kısım insanlar arasındaki çeşitliliği ve farklılığı sağlamaktadır. Söz edilen DNA dizileri poliformik DNA olarak isimlendirilir. Bilim insanları seksenlerin ortalarında, DNA moleküllerinin oldukça polimorfik bir yapıya sahip olduğunu keşfettiler. (EGM, 2009) 1985 yılında İngiliz bilim adamı Alec Jeffreys restriksiyon enzimler vasıtasıyla kesilen DNA parçalarının özel DNA problemleri ile hibridizasyonu sonucu spesifik bant paternleri ortaya çıktı.(Litt and Luty, 1989) 1987 yılında Nakamura ve ekibi Değişken Sayıda Ardışık Tekrar(VNTR) belirli bölgelerde aynı dizinin tekrar ettiğini ve bireyler arasında bu tekrar sayısının farklılık gösterdiğini kanıtladılar. (EGM, 2009) (Kashyap et.al, 2004) VNTR dizileri RFLP yöntemi ile kullanımı devam ederken, yapılan çalışmalar kısa tekrar dizilerinin STR (Short Tandem Repeats) daha kullanışlı ve ayırım gücünün daha yüksek olduğunu göstermiştir. (Butler, 2005) 1993 yılında Karry Mulis'e ait Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction) PCR çalışması adli DNA analizlerini önemli bir noktaya taşımıştır. (Butler, 2012) RFLP yönteminde çok daha fazla DNA

örneğine ihtiyaç duyulurken PCR yöntemi bu problemi ortadan kaldırmıştır.(Kimpton et.al, 1993) 1994 yılında STR kitinin ilk hali üretilmiş ve 2000'li yıllarda adli vakalar için kullanılmaya başlanmıştır.(Sohtorik Ö., 2019) Günümüz adli vakalarda yaygın olarak STR bölgeleri ile çalışmalar yürütülmektedir.

İnsanların neden suç davranışına eğilimli olduğu her zaman merak edilmiş ve hem sosyal bilimlerce hem de temel bilimlerce araştırılmıştır. Biyolojik suç teorileri incelendiğinde insan üzerinde meydana gelen patolojik etkilerin suç davranışının temel sebebi olabileceği değerlendirilmiştir. (Dolu vd. 2012) Bu teoriye göre suç davranışları sergileyen insanlar biyolojik olarak gelişimini tamamlamamış 'insansı varlıklar' olarak değerlendirilir. Cesare Lombroso'a göre suç işleyen insansı varlıklar doğuştan suçludur. Bireylerin suç eğilimlerini ebeveynlerinden kalıtsal olarak aldığını savunmuştur. Bu bağlamda aileler ve çocuklar üzerinde çalışmalar yürütülmüş ve gen haritaları çıkarılmıştır. Yapılan çalışmalar ile suç geninin var olduğu kabul edilmiştir.(Bakırcı, 2021)

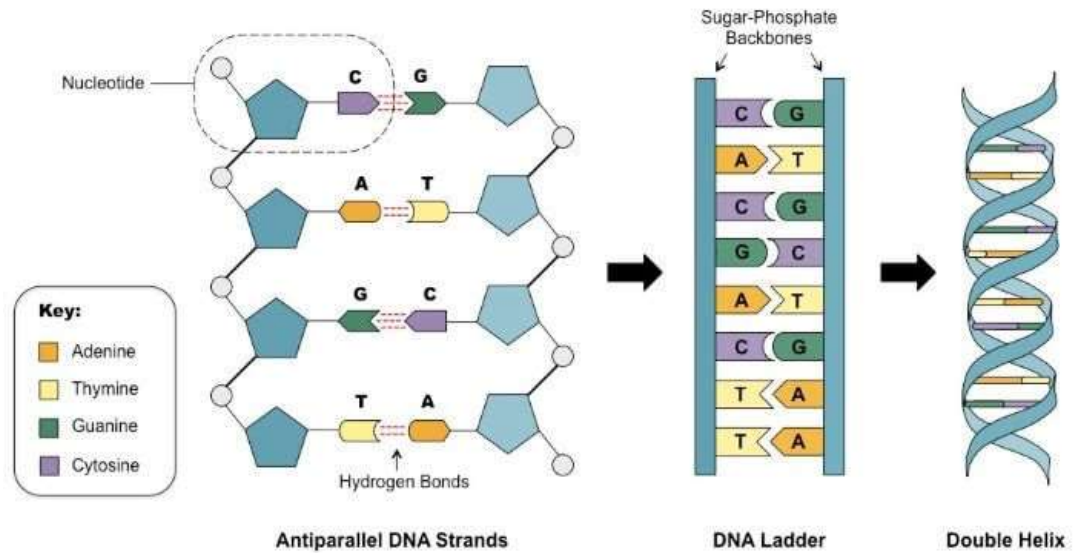
Geçmiş çalışmalarda genetik faktörlerin suçlular üzerinde etkili olduğu savunulmuş fakat yapılan çalışmalar aynı aile içerisinde ki kardeşler ve ebeveynlerin gen haritalarının mukayesesi ile sağlanmıştır. Bu örnekler ile yapılan çalışmalar suç genin bulunduğunu sunsa da aynı suç türünü işleyen insanlar arasında ortak bir gen saptanmamıştır. Bu çalışmada cinsel saldırı/istismar suçunu işleyen akrabalık bağı bulunmayan bireylerin DNA profilleri incelenerek ve aralarında herhangi bir genetik benzerlik olup olmadığının tespiti amaçlanmaktadır.

1.1.DNA Molekülünün Yapısı

Canlıların, büyüme ve çoğalma gibi metabolik fonksiyonlarını gerçekleştiren en küçük yapısı hücredir. Genetik bilginin depolanması, ifade edilmesi ve gelecek kuşaklara aktarılması hücreler içerisinde muhafaza edilen genetik materyal sayesinde olur. (Butler, 2005) Kimyasal olarak birbirinden farklı iki genetik materyal vardır: DNA ve RNA (Ribonükleik asit). RNA molekülü sadece bazı virüslerde bulunurken.

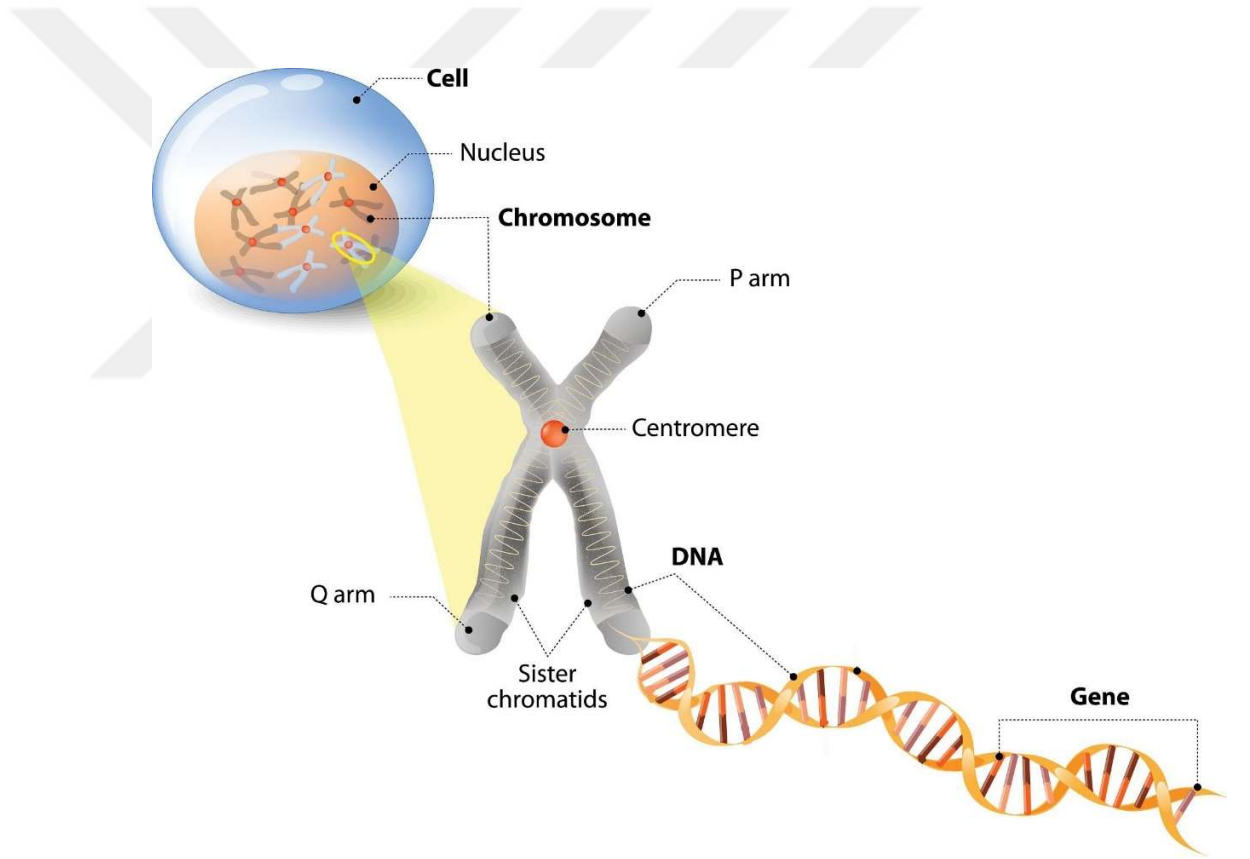
DNA insanlar dahil neredeyse tüm canlılarda bulunan genetik materyaldir.(KPL ditap) DNA'nın bulunduğu organizmanın tüm hücrelerinde aynı olduğu bilinmektedir.(Kalaoğlu, 2019)

DNA; azotça zenginleştirilmiş baz, beş karbonlu şeker (deoksiriboz) ve fosfat grubunu içeren bir makromoleküldür. (Strachan and Andrew, 2010) Azot taşıyan bazlar, pirimidin (timin, sitozin) ve pürin (guanin, adenin) olarak iki gruba ayrılır. DNA, çift sarmallı merdivene benzeyen bir yapıdır. Bir baz, şeker ve fosfat grubu bir nükleotid oluşturur. Nükleotidler doğrusal olarak birbirlerine 5' ucundan 3' ucuna doğru fosfodiester bağı ile bağlanırlar. Bu bağlanma sonucunda sarmalın bir ipliği oluşur. Aynı zamanda bu nükleotidler kendi aralarında hidrojen bağı kurarak merdivenin basamaklarını oluştururlar. Adenin ve Timin bazları arasında ikili, Guanin ve Sitozin bazları arasında üçlü hidrojen bağı oluşur. Dolayısıyla oluşun iplikler birbirinin aynısı değil tamamlayıcı yapıdadır. (Lewin, 1997)(Klug and Cusmmings, 2011) (Şekil 1.1)



Şekil 1.1 : DNA'nın yapısı

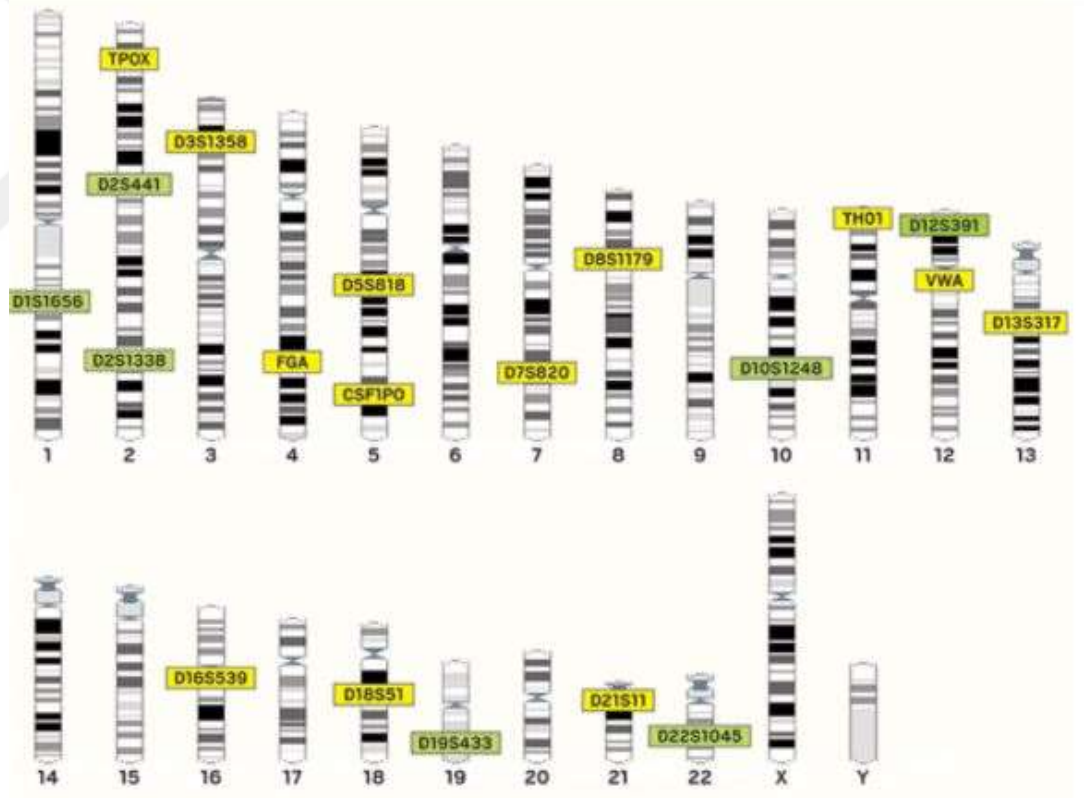
İnsan DNA'nın tamamı genom olarak adlandırılmaktadır. İnsan genomu yaklaşık $3,2 \times 10^9$ nükleotid içeren ortalama iki metre uzunluğundaki bir zincirdir. Bu zincirin vücudun en küçük yapı taşı olan hücre çekirdeğine sığabilmesi için histon proteinleri vasıtası ile kromotin adı verilen yapıya dönüştürülür.(Nussbaum et. al, 2007) İki kromotin bir araya gelerek kromozomu oluşturur. İnsan genomu yirmi iki çift otozomal homolog kromozoma ve iki cinsiyet kromozomuna dağılmıştır. (Klug and Cummings, 2011)



Şekil 1.2: Kromozomların yapısı

İnsan genomu yaklaşık 35.000 genden oluşmaktadır ve genler kromozomlar üzerinde eşit bir şekilde dağılmadığı bilinmektedir. Genler lokuslar halinde

kromozomlar üzerine yerleşmiştir. Lokusların doğrusal dizilimi ile genom karakteristik özellik kazanır ve bireyleri birbirinden ayırt edebiliriz. (Hodge, 2010) Homolog kromozomlar birbirleri ile uyumlu genetik materyal bulundurur. Homolog kromozomlar üzerinde bulunan aynı lokusta karşılıklı gelen dizilime allel denir. Aynı lokusta ki iki allel aynı ise buna homozigot farklı ise heterozigot denir. Lokus üzerinde bulunan allellerin tespit edilip isimlendirilmesine genotip denir.(Nussbaum et. al, 2007) Lokuslarda bulunan allel sayıları değişkenlik göstermektedir. Allel sayısı ne kadar fazla olursa oluşacak genotip sayısı da artacaktır. DNA molekülü üzerindeki lokuslar belirlenir ve bu bölgede ki genotiplerin tespiti ile DNA profili oluşturulur.(Butler, 2005)



Şekil 1.3: STR lokuslarının kromozomlar üzerindeki dağılımı.

1.2.DNA Polimorfizmleri

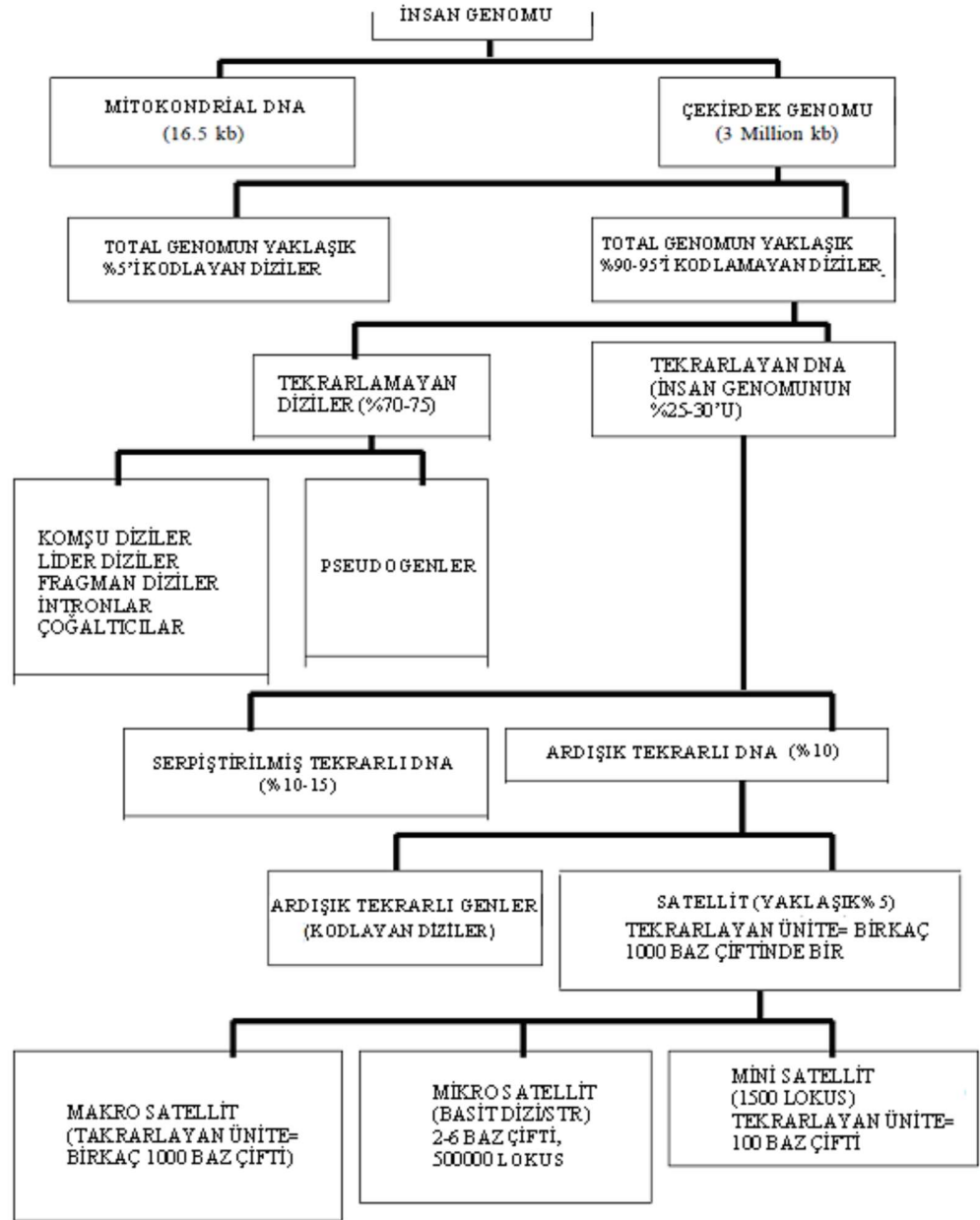
İnsan DNA'sının üç milyar baz içerdiği ve bu bazların neredeyse %99'unun aynı olduğu bilinmektedir. Popülasyonlarda ki genetik çeşitlilik %1'lik kısımda oluşmaktadır. Bu çeşitlilik bir DNA bölgesinin iki veya üstü allele sahip olması ile sağlanır. DNA'da bulunan bu varyasyonları genetik polimorfizm denir. DNA üzerinde bir bölgede meydana gelen baz dizilerindeki mutasyonun kalıcı olması ve kuşaktan kuşağa aktarılabilir ve görülme sıklığının %1'den fazla olduğu durumlarda polimorfizimden bahsedilebilir.(Rusmatov, 2006)

DNA'nın küçük bir kısmı proteinleri kodlamaktadır. Protein kodlayan diziler ekson olarak adlandırılır ve tek kopya DNA'dan oluşmaktadır. DNA'nın protein kodlamayan bölgelerine intron denir ve büyük bir kısmı tekrarlayan DNA dizilerinden oluşur.(Nelson and Cok, 2005)(Carracedo and Sacherz-Diz, 2005)

DNA polimorfizmi iki ana başlıkta incelenecek olursa protein kodlayan bölgelerdeki ve protein kodlamayan bölgelerdeki polimorfizimler olarak ayrılır. Yine kendi içerisinde protein kodlamayan bölgelerdeki polimorfizimler dizi (sekans) ve uzunluk polimorfizmi olarak ikiye ayrılır. İnsan genomuna ait polimorfik sınıflandırma Şekil 1.4' de gösterilmiştir.

1.2.1 Dizi (Sekans) polimorfizmi

Baz dizileri üzerinde meydana gelen delesyon, subtisyon (yer değişikliği) veya insesiyon gibi sebeplerden oluşan ilk keşfedilen polimorfizmdir. Keşfinin ardından adli amaçlı çalışmalarda HLA genine ait bölgeler ve mitokondrial DNA'nın D-loop bölgesi sıkça kullanılmıştır.(Balazs, 1990) Son yıllarda adli kimliklendirme, alt ve üst soy tespitlerinde (nesep davaları) HLA geni ve mtDNA haricinde SNPs (Single Nucleotid Polymorphism) (Tek Nükleotit Polimorfizm) kullanımı tercih edilmektedir.(Glover et. al, 2010)



Şekil 1.4: Genomun polimorfik sınıflandırılması

1.2.2 Uzunluk polimorfizmi

İnsan genomunun büyük bir kısmı tekrar eden DNA dizilerinden oluşmaktadır. Bu dizilerin kısa ardışık tekrarlarından meydana gelen bazı dizilerine VNTR (Variable Number of Tandem Repeat) polimorfizmi adı verilir ve bu dizilere satellit DNA denir.(Warburton et. al.,2008) Satellit DNA farklı uzunluklardaki dizilerin değişken sayıda tekrarı ve ard arda sıralanması sebebiyle uzunluk polimorfizminde büyük önem arz etmektedir.(Roewer et. al.,1996) DNA satellitleri tekrar dizisinin uzunluğu ve genomdaki konumu göre farklılıklar göstermektedir. VNTR'ların ardışık olarak tekrar etme sayıları bireyler arasında farklılık gösterdiği için ayırım gücü yüksektir. VNTR'lar mendel yasasına göre kalıtsal olarak nesillere aktarılmaktadır. Bu sebeple adli kimliklendirme alanında kullanılmaya başlanmıştır. VNTR'lar tekrar biriminin uzunluğu sebebiyle iki gruba ayrılır; tekrar dizisi 6-100 bp arasında ise Minisatellit, tekrar dizisi 2-6 bp arasında ise STRs (Short Tandem Repeats) (Kısa Ardışık Tekrarlar) Mikrosatellit olarak adlandırılır(Serin vd. 2002).

1.2.3 STRs (Short Tandem Repeats) Lokusları

STR'ların tekrar biriminin kısa olması ve daha fazla polimorfizm içermesi sebebiyle adli kimliklendirme alanında daha çok tercih edilmektedir. İnsan genomu üzerinde bulunan STR lokus sayısının da fazla olması tercih sebeplerinden biridir. Genom üzerinde 6-10 kb'de bir STR lokuslarına rastlamak mümkündür. Genom üzerinde yaklaşık beş yüz bin STR lokusu olduğu düşünülmektedir.(Getting et. al.,2015)

STR lokuslarını detaylı incelediğimizde basit, bileşik ve kompleks olarak üç gruba ayırabiliriz.

- Basit STR'ler: Baz dizilim sayısı ve uzunluğu aynı olan lokuslar. Örn; D7S820 (GATA) ve TH01 (AATG)
- Bileşik STR'ler: Baz dizilimleri sırası farklı ve tetranükleotit yapıları tekrarlardır. Örn; vWA (TCTA – TCTG) ve D2S1338 (TGCC – TTCC)

- Kompleks STR’ler: Baz dizilimi ve sayısı birbirinden farklı olan tekrarlar. Örn; D19S433 (AAGG – AAAG – TAGG) ve FGA (TTTC – CTTT – TTCC) (Möller et. al.,1994)

1992 yılında ISFH (International Society of Forensic Hemogenetics) derneği tarafından STR’ler için standart bir isimlendirme kuralı çıkarmıştır. Bu kurallara göre STR isminde yer alan ‘D’ harfi DNA’yı simgelerken harften sonra gelen sayı kromozomunu ve isim içerisinde yer alan ‘S’ harfi genom üzerinde tek olduğunu ve devamındaki sayı ise kromozom üzerinde ki yerin belirlenmesini sağlamaktadır.

STR lokusuna ait allellerin isimlendirilmesi ise, tekrar dizisinin o bölgedeki tekrar sayısına göre belirlenmektedir. Örn; D19S433 lokusunu incelersek.

Allel 12

	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	
--	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	--

Allel 12.2

	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AAGG	AA	
--	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	----	--

Şekil 1.5: STR lokusuna ait allellerin isimlendirilmesi

1.2.3.1 Adli bilimlerde kullanılan STR’lerin özellikleri ve analizi

Adli bilimlerde kullanılan STR’ler seçilirken bazı özelliklere sahip olması istenir. Bu özelliklere göre STR bölgesinin yüksek oranda polimorfizm ve heterozigotluk içermesi, yeni mutasyonların görülme sıklığının az olması, kalıtsal olarak süreklilik arz etmesi, popülasyona ait allel ve genotip sıklıklarının belirlenmiş olmalıdır. Aynı zamanda basit, ucuz ve hızlı yöntemler ile doğru sonuçlar almayı hedeflemelidir.

Kriminal incelemelerde sekiz ile yirmi dört STR bölgesinin birlikte çalışılması tercih edilmiştir. Günümüzde gelişen teknoloji ile birlikte STR analizlerinde en az on altı STR bölgesi birlikte çalışılmaktadır. Bölge sayısının artması bireyler arasındaki ayırım gücünü de artırmaktadır.

Adli bilimlerdeki STR analizleri beş temel adımdan oluşmaktadır;

- Adli örnekler (olay yerinden veya şahıslardan alınan deliller) üzerinden biyolojik materyalin tespiti (kan, meni, tükürük, semen, kıl, epitel doku vb.)
- Elde edilen hücrelerden DNA izolasyonu
- Hedef alınan STR bölgelerinin PCR ile çoğaltılması
- PCR ürününün elektroforez ile allellerine ayrılması
- Allellerin program vasıtası ile görünür hale getirilmesi ve sonuçların değerlendirilmesi

2. MATERYAL VE YÖNTEM

Adli soruşturmalar kapsamında incelenmek üzere gönderilen şahıs örnekleri (kan, tükürük, kıl vb.) detayları anlatılan yöntemler ile analiz edilmiş ve “Emniyet Genel Müdürlüğü Kriminal Daire Başkanlığı DNA Veri Arşivi’nde muhafaza edilen DNA Profillerinden Ege Bölgesinde gerçekleşen cinsel saldırı suçlarına karışmış şahısların DNA profilleri ve kontrol grubu olarak herhangi bir suça karışmamış kişiler seçilmiştir. Ege Bölgesinde yaşayan, cinsel saldırı suçuna karışmış yaşları değişkenlik gösteren erkek bireylerin DNA profilleri bu çalışmada kullanılmıştır; bireylerin şehirlere göre dağılımı Tablo 2.1’de gösterilmiştir. Şehirlerden örnekler seçilirken o şehrin suç yoğunluğu dikkate alınmıştır.

Bu çalışma, Emniyet Genel Müdürlüğü Kriminal Daire Başkanlığı tarafından 29.01.2024 tarihli ve E-95941815-31940-2024012612142941395 sayılı yazısı ile onaylanmıştır.

<u>İller</u>	<u>DNA Profili İncelenen Kişi Sayısı</u>
Afyonkarahisar	10
Aydın	10
Denizli	10
İzmir	80
Manisa	10
Muğla	10
Uşak	10

Tablo 2.1 : Örneklemelerin illere göre dağılımı

2.1 Örneklerin Fenol-Kloroform Yöntemi Kullanılarak İzole Edilmesi

İzolasyonunun amacı elde edilen sağlıklı hücrelerdeki DNA materyalini saflaştırmaktır. Bu işlemde DNA materyali, hücre zarının parçalanması ve hücre içerisinde bulunan proteinlerden ve diğer hücre içeriklerinden uzaklaştırılır. Çeşitli izolasyon yöntemleri kullanılmaktadır. Çalışmamızda fenol-kloroform izolasyon yöntemi tercih edilmiştir. İzolasyonda kullanılan SDS (Sodyum dodesil Sülfat) bir deterjan olup hücre duvarındaki yağ yapısını parçalar ve hücre içeriğini serbest kalmasını sağlar. Kullanılan NaCl bir tuz çözeltisi olup serbest kalan proteinlerin DNA'dan uzaklaştırıp çöktürülmesine yardımcı olur. DNA'dan uzaklaştırılan proteinler Proteinaz K enzimi ile parçalanır. Parçalanmış proteinler ve hücre atıkları Fenol-Kloroform'a bağlanır ve alkoller kullanılarak ortamdan uzaklaştırılır. Yapılan işlemler aşağıda sıralı olarak belirtilmiştir. Tablo 2.2'de gösterilen miktarlarda çözeltiler örnekler ile birlikte tüplerine aktarılır.

<u>Cözelti</u>	<u>Her Örnek İçin Eklenen Miktar</u>	<u>Saklama Koşulu</u>
%10'luk SDS	50 µl	Oda sıcaklığı
1M NaCl	50 µl	+4°C
Proteinaz K	10 µl	-20°C
Te ⁺⁴	390 µl	+4°C

Tablo 2.2: Örneklerle eklenen kimyasal miktarları

Ve örnekler 56°C'de 16 saat inkübasyona bırakılır. Inkübasyon sonrası fenol-kloroform izoamil alkol ve etil alkol çözeltileri ile yıkama işlemleri yapılarak PCR aşamasında kullanılan DNA elde edilir. İzolasyon aşamasında kullanılan çözelti ve kimyasalların içerikleri ve hazırlanışları Tablo 2.3'de gösterilmiştir.

<u>Çözelti</u>	<u>İçerik</u>	<u>Hazırlanışı</u>
%10'luk SDS	50 gr SDS 300 ml dH ₂ O	50 gr SDS, 300 ml dH ₂ O çözündürülür ve toplam hacim 500 ml tamamlanır. Çözelti Oda sıcaklığında muhafaza edilir.
1M NaCl	58.44 gr NaCl 700 ml dH ₂ O	58.44 gr NaCl, 700 ml dH ₂ O çözündürülür ve toplam hacim 1000 ml tamamlanır. Çözelti +4°C muhafaza edilir.
Proteinaz K	Proteinaz K 10 ml RNase-free H ₂ O	Toz halindeki proteinaz K, 10 ml RNase-free H ₂ O içerisinde çözündürülür. Çözelti -20°C muhafaza edilir.
Te ⁺⁴	1.21 gr Trisma-Base 800 ml dH ₂ O 0.37 gr EDTA	1.21 gr Trisma-Base ve 0.37 gr EDTA, 800 ml dH ₂ O içerisinde çözündürülür. Çözelti pH 7.5 olacak şekilde ayarlanır ve toplam hacim 1000 ml tamamlanır. Çözelti +4°C muhafaza edilir.

Tablo 2.3: Kullanılan çözeltilerin içerik ve hazırlanış bilgileri

- Daha önceden analizi gerçekleştirilmiş bilenen örnekten hazırlanan izolasyon (+) kontrol örneği 96'lık rakın A1 kuyucuğuna yerleştirilir.
- Sterilize edilmiş RNase-free H₂O izolasyon (-) olarak kullanılmış ve kontrol tüpü 96'lık rakın A3 kuyucuğuna, izolasyon (+) kontrol örneği ile arasında bir boşluk kalacak şekilde yerleştirilir.
- Çalışmada kullanılacak örnekleri içeren 1,5 ml'lik tüplerin üzeri “3”(üç) rakamından başlayarak numaralandırılır.

- İzolasyon (+) kontrol tüpü üzerine “1”(bir) yazılır. İzolasyon (-) kontrol tüpü üzerine “2”(iki) yazılır.
- Örnekleri içeren ilk tüp 96’lık rakın A5 kuyucuğuna izolasyon (-) kontrol örneği ile arasında bir boşluk kalacak şekilde yerleştirilir.
- Her bir örnek tüpüne 50 µl %10’luk SDS eklenir.
- Her bir örnek tüpüne 50 µl 1M NaCl eklenir.
- Her bir örnek tüpüne 10 µl proteinaz-K eklenir.
- Te+4 solüsyon ile son hacim 500 µl’ye tamamlanır.
- Solüsyonların, karışması için vorteks ve tüpün dibine inmesi için kısa santrifüj yapılır.
- Tüpler 56 °C termal karıştırıcı cihazına yerleştirilir ve 16 saat inkübe edilir.
- İnkübasyon sonrası kısa santrifüj edilir.
- Örneklerin üzerlerine 500 µl. +4 °C muhafaza edilen fenol-kloroform-izoamilalkol solüsyonunundan eklenir.
- Ayran rengi oluşuncaya kadar tüpler tek tek vortekslenir.
- 3000 rpm’de 5 dakika santrifüj edilir.
- Santrifüj sonrası tüpte iki farklı faz oluşur. Süpernatant kısmı (üst faz) maksimum 200 µl’lik pipet yardımı ile 1,5 ml’lik önceden numaralandırılmış temiz tüpe aktarılır. Aktarma işlemi yapılırken alt fazın çekilmemesine dikkat edilmelidir. Süpernatant kirli ise fenol-kloroform-izoamilalkol solüsyonu ile yıkama işlemi 2-3 kez tekrarlanır, DNA kaybetme ihtimalinin artacağı için işlem 3 den fazla tekrarlanmaz.
- Aktarılan solüsyonun üzerine -20 °C’de bulunan %99,5’lik soğuk etil alkolden 1000 µl eklenir ve manuel çalkalama yapılır.
- 10.000 rpm’de 10 dakika santrifüj edilir.
- Alkolün tamamı pelete dikkat edilecek şekilde dökülür.
- Pelet üzerine oda sıcaklığında bulunan %70’lik etil alkolden 500 µl eklenir ve manuel çalkalama yapılır.

- 10.000 rpm’de 5 dakika santrifüj edilir.
- Alkolün tamamı pelete dikkat edecek şekilde dökülür.
- Tüpler kapakları açık şekilde vakumlu santrifüje dengeli olarak dizilip alkolün tamamen tüpten uzaklaşması sağlanır.

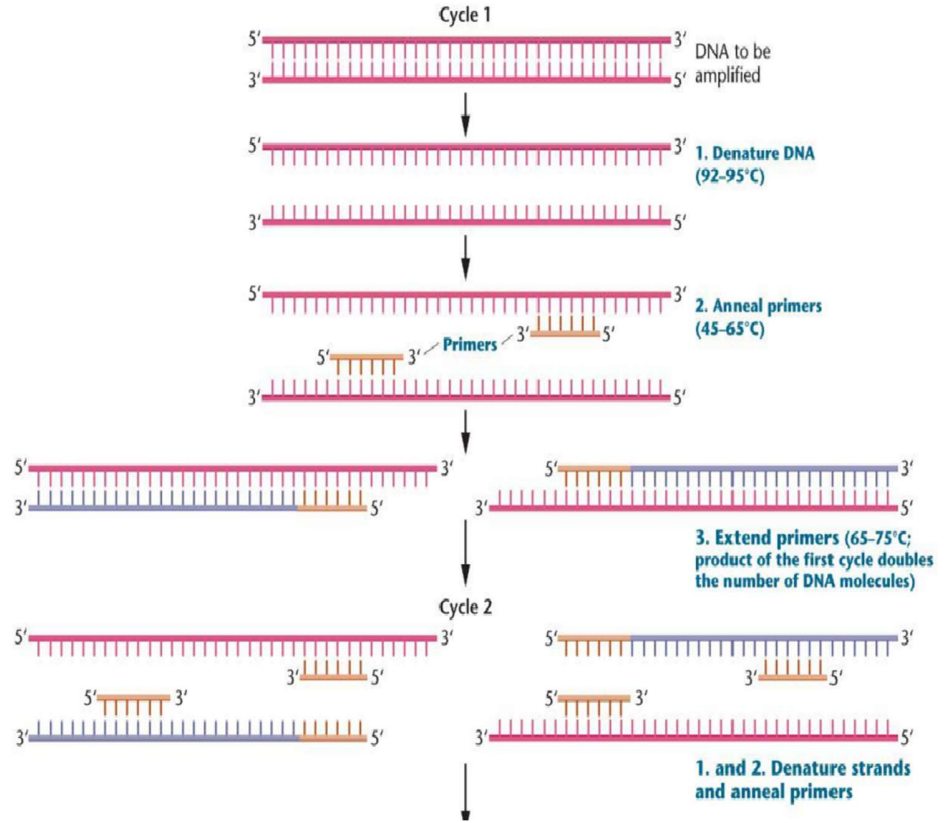
2.2. Otozomal STR Bölgelerinin Amplifikasyonu ve Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) yöntemi ile Çoğaltılması

PCR analizi, DNA üzerinde dizisi bilinen iki segment arasındaki bölgenin enzimatik reaksiyonlar ile çoğaltılmasıdır. (Carracedo and Sanchez-Diz, 2005) PCR işleminin başlangıç noktası, üzerinde amplifiye olacak dizileri bulunduran çift iplikli kalıp DNA molekülü, 5’- 3’ uçlarına komplementer primerler (başlatıcı) bunlara ek olarak ortamda dinükleotid trifosfatlar (dNTPs) ve ısıya dayanıklı DNA polimeraz enzimi, enzimin çalışması için gerekli pH ve iyon dengesini sağlayıcı çözeltiler bulunmalıdır. Şekil 2.1’de görüldüğü üzere PCR çalışma mekanizması üç ana gruptan oluşmaktadır.

Denatürasyon basamağında çift iplikli DNA molekülü 90-95°C sıcaklığa maruz bırakıldığında tek zincir haline dönüşür. Elde edilen tek zincir kalıp DNA olarak kullanılır.

Bağlanma (Annealing) basamağında primerlerin kalıp DNA zincirine bağlanabilmesi için primerin baz içeriğine ve iyonik tepkime ortamına bağlı olarak sıcaklık 45-65°C indirilmesi gerekir.

Uzama (Extention-Elongation) basamağında DNA polimerazın çalışabilmesi için sıcaklık 65-75 °C değerlerine yükseltilir. DNA polimeraz enzimin çalışacağı optimum ortam sağlandığında DNA’nın 5’ ucundan 3’ ucuna doğru dNTP’ler eklenerek yeni zincir oluşturulur. Bahsedilen üç aşama bir bütün olarak değerlendirilir ve döngü ismini alır. PCR işlemi 25-35 döngü arasında değişiklik göstermektedir.



Şekil 2.1: PCR analizinin basamakları

Amplifikasyon basamağı tamamlanan örnekler Applied Biosystems™ Veriti 96 well Thermal Cycler cihazı kullanılarak çoğaltma işlemi gerçekleştirilir. PCR aşamasında uygulanan program Tablo 2.4’de gösterilmiştir. PCR tamamlandıktan sonra elde edilen izolatlar (izolasyon ürünü) bir hafta gibi kısa bir sürede kullanılacak ise 4°C’de buzdolabında, daha sonra çalışılacaksa -20°C’de dondurucuda muhafaza edilmiştir.

İlk İnkübasyon Basamağı	Denatürasyon Basamağı	Bağlanma Basamağı	Uzama Basamağı	Son Basamak
	29 DÖNGÜ			
95 °C 1 dk	94 °C 10 sn	59 °C 1.30 dk	60 °C 10 dk	4°C (süresiz)

Tablo 2.4: Thermal Cycler cihazı çalışma prosedürü

2.2.1. Amplifikasyon aşaması

PCR işlemi öncesinde örnekler ticari olarak temin edilen STR kiti ile karıştırılır. Analizlerde kullanılan miktarlar Tablo 2.5’de belirtilmiştir. Amplifikasyon PCR’ın ön aşaması olarak değerlendirilir.

GlobalFiler	Tam hacim (1 örnek)	Valide hacim (1 örnek)
Master Mix	7,5	3
Primer	2,5	1
RNAase-free water	0	2
Örnek	15	4

Tablo 2.5: PCR işlemine hazırlık basamağında STR kiti ve örnek karışım miktarları

- PCR pleyti üzerinde, elektroforez aşamasında kullanılacak olan ladderların yerleri ve örnek konulmayacak kuyucuklar, PCR karışımının konulmaması gereken kuyucuğun çevresi daire içine alınarak için işaretlenir (*Bu çalışmada 96’lık PCR pleyti üzerinde kullanılan ladder koordinatları; A1, B4, C7, D10’dur*).

- PCR pleyti ön tarafına cam kalemi ile amplifikasyona verilen çalışma numarası yazılır.
- Her bir kuyucuğa Tablo 2.5’de belirtilen valide hacim ölçülerine göre belirlenen karışım eklenir.
- Her amplifikasyonda öncelikle, B1 kuyucuğuna önceden hazırlanan PCR(+) (Ticari kitin içerisinde bulunan) DNA örneğinden kullanılacak olan kitin DNA miktarı kadar konulur.
- C1 kuyucuğu PCR(-) olacağından, reaksiyon karışımı üzerine DNA miktarı kadar, kit içerisinde bulunan RNAase-free su eklenir.
- Daha sonra DNA örnekleri, D1’den itibaren, yukarıdan aşağı doğru, Tablo 2.5’de belirtilen DNA miktarı kadar dağıtılır.

2.2.2 Kit bileşenleri

Bu çalışmada, örnekler 24 STR bölgesi ve cinsiyet tayini için Amelogeni olmak üzere toplam 25 bölgeyi CLA GlobalFiler™ kiti kullanılarak analiz edilmiştir. Kit içerisinde yer almakta olan STR lokusları ve bu lokusların kromozomal konumlarını ve kit içerisinde karşılık gelen floresan işaretleyici boyalar Tablo 2.6’de gösterilmiştir.

Markır Otozomal STR	Kromozomal Yerleşim	Tekrar Dizilimi	Allelik Ladder	İşaretleyici Boya
D3S1358	3p2	TCTA	9,10,11,12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19,20	
vWA	12p13.31	TCTA	11,12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24	

D16S539	16q24.1	GATA	5, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15	6-FAM™
CSF1PO	5q33.3-34	AGAT	6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15	
TPOX	2p23-2per	AATG	6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15	
Y indel	Yq11.221		1, 2	VIC®
Amelogenin	X: p22.1-22.3 Y: p11.2		X, Y	
D8S1179	8q24.13	TCTA	5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19	
D21S11	21q11.2-q21	TCTA	4, 24.2, 25, 26, 27, 28, 28.2, 29, 29.2, 30, 30.2, 31, 31.2, 32, 32.2, 33, 33.2, 34, 34.2, 35, 35.2, 36, 37, 38	
D18S51	18q21.33	AGAA	7, 9, 10, 10.2, 11, 12, 13, 13.2, 14, 14.2, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27	
DYS391	Yq11.21	TCTA	7, 8, 9, 10, 11, 12, 13	
D2S441	2p14	TCTA	8, 9, 10, 11, 11.3, 12, 13, 14, 15, 16, 17	
D19S433	19q12	AAGG	6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 12.2, 13, 13.2, 14, 14.2, 15, 15.2, 16,	

			16.2, 17, 17.2, 18.2, 19.2	NED™
TH01	11p15.5	AATG	4, 5, 6, 7, 8, 9, 9.3, 10, 11, 13.3	
FGA	4q28	TTTC	13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 26.2, 27, 28, 29, 30, 30.2, 31.2, 32.2, 33.2, 42.2, 43.2, 44.2, 45.2, 46.2, 47.2, 48.2, 50.2, 51.2	
D22S1045	22q12.3	ATT	8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19	TAZ™
D5S818	5q21-31	AGAT	7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18	
D13S317	13q22-31	TATC	5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16	
D7S820	7q11.21-22	GATA	6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15	
SE33	6q14	AAAG	4.2, 6.3, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 20.2, 21, 21.2, 22.2, 23.2, 24.2, 25.2, 26.2, 27.2, 28.2, 29.2, 30.2, 31.2, 32.2, 33.2, 34.2, 35, 35.2, 36, 37	

D10S1248	10q26.3	GGAA	8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19	SID™
D1S1656	1q42.2	TAGA TAGG	9, 10, 11, 12, 13, 14, 14.3, 15, 15.3, 16, 16.3, 17, 17.3, 18.3, 19.3, 20.3	
D12S391	12p13.2	AGAT AGAC	14, 15, 16, 17, 18, 19, 19.3, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27	
D2S1338	2q35	TGCC TCTA	11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28	

Tablo 2.6: CLA GlobalFiler™ Kitine ait STR bölgelerine ait tüm bilgiler ve işaretlendiği boyalar

Boyalar ile işaretlenmiş DNA kapiller elektroforez sistemi için tasarlanmış GeneScan™ - 600 LIZ® size standart kiti kullanıldı. Bu 600 LIZ standardı 20 ile 600 nükleotit büyüklüğünde toplamda otuz altı DNA parçasından oluşmaktadır. Bu DNA parçaları yürütüldüğünde her bir değer için tek bir pik oluşur.

2.3. 3500 XL Genetik Analiz ile Elektroforez İşlemi

PCR aşaması ile kesilen ve çoğaltılan yüklü DNA parçacıklarının elektriksel bir alanda boyutlarına göre ayrıştırılmasında elektroforez yöntemi kullanılır. Çalışmalarda poliakrilamid jel (PAGE) , agaroz jel, kapiller gibi çeşitli elektroforez yöntemleri kullanılmaktadır. STR allellerinin ayrımı için kapiller elektroforez yöntemi tercih edilir.

PCR ile elde edilen ve uygun koşullarda muhafaza edilmiş örnekler Hi-Di Formamid ve GeneScan™ - 600 LIZ standart ile elde edilen karışım ile analize

hazırlanmıştır. Kapiller elektroforez için 24 kapillere sahip floresan boyalarla işaretlenmiş primerler ile çoğaltılan DNA parçacıklarının analizini yapabilen Applied Biosystems™ 3500xL Genetic Analyzer HID cihazı kullanılmıştır.

PCR ürünleri elektroforez öncesi elektrokinetik injeksiyon ile kapiller içerisine alınır. Kapiller içerisinde jel yerine özel üretilen akıcı viskoz polimer ile doldurulur. Otozomal STR analizinde kullanılan bu polimer POP4 (Performance Optimized Polymer) olarak bilinir. Bu polimer DNA için ayrıştırma matriksi olarak görev yapar. POP4 polimer; %4 DMA (N,N- dimetilakrilamid), 8 M üre, %5 2-pirolidinon ve 100mM TAPS (N-Tris-metil-3-aminopropan-sülfonik asit) oluşmaktadır. Kapiller çapının küçük olması hem daha iyi bir ayrıştırma yapmayı hem de yüksek voltaj kullanmaya olanak sağlar. Negatif yüklü DNA parçacıkları uygulanan voltaj ile pozitif elektroda (anot) doğru hareket eder ve küçük fragmentler büyüklere göre daha hızlı hareket edeceğinden büyüklük farklarından dolayı ayırım gerçekleşir. (Butler, 2012) Bu hareket sırasında floresan boyalar ile işaretlenmiş DNA parçacıkları detektör hücresinden geçerken lazer vasıtasıyla tespit edilir. Lazer ışınları floresan boyaları uyatarak üzerlerindeki enerjiyi ortaya çıkarır ve bu enerji belirli dalga boylarında yansımalar oluşturur. (Butler, 2004) Yansıyan ışığın dalga boyu ve şiddetini CCD (Charge Coupled Device) isimli özel kamera sistemi tarafından kayda alınır ve bu veri elektronik bir bilgiye dönüştürülür.(EGM, 2009)

Örneklerin yürütmeye hazırlanma aşamaları;

- Yürüme pleyti üzerinde her 24' lü grup içerisinde bir kuyucuk allelik ladder yeri olarak işaretlenir. Her 24' lü grup için seçilecek ladder kuyucuğunun yeri farklı olmalıdır. PCR aşamasında işaretlenen kuyucuklara ladder yüklemesi yapılır.
- Pleyt kenarına çalışma içerisinde verilen PCR ve Elektroforez numaraları yazılır.

LIZ 600 ile Master Mix Hazırlanması

Formamid	10 µl
LIZ 600	0,2 µl
1 kuyucuğa dağıtılacak Master Mix Miktarı	10 µl

Tablo 2.7: PCR ürünlerinin elektroforez işlemine hazırlanırken kullanılan karışım içeriği

- Tablo 2.7’de belirtildiği miktarlarda her bir örnek için formamid – Liz 600 karışımı hazırlanır.
- Yürütme pleytinde boş kuyucuk kalmayacak şekilde karışım dağıtılır.
- Karışım üzerine her bir DNA örneği farklı kuyucuğa gelecek şekilde 1,5 µl olarak eklenir.
- Daha önceden işaretlen kuyucuklara 1 µl allelik ladder eklenir.
- Yürütme pleyti üzeri steril septa ile kapatılır ve santrifüj edilir.
- Size standart olarak LIZ 600 kullanılan yürütme pleyti 95 derecede 5 dakika PCR cihazında denatürasyon işlemine tabi tutulur ve buzdolabında -20 °C derecede en az 2 dakika olacak şekilde bekletilerek. Denatürasyon aşamasında tek zincir formuna dönen DNA düşük derecede şoklanarak çift zincir olması engellenir.

2.4. Verilerin Analizi

Elektroforez yönteminde elde edilen elektronik bilgiler GeneScan, Genotyper ve GeneMapper gibi çeşitli programlar vasıtasıyla analiz edilir. Çalışmamızda GeneMapper ID-X Software v1.4 yazılımı kullanılarak elde edilen verilerin analizi gerçekleştirilir. Analiz sırasında DNA fragmentleri işaretleyen renkler birbirinden ayrılır ve internal size standartın referansı ile pikler boyutlandırılır. Boyutlandırılan

pikler kullanılan ticari kite ait allelik ladder ile kıyaslanır ve piklere numaralar verilir. Bu numaralar DNA fragmentler üzerindeki STR dizisinin tekrar adetini simgeler.

- İzolasyon (+) kontrol edilerek izolasyonun başarılı olup olmadığı kontrol edilir.
- İzolasyon negatif kontrol edilerek kontaminasyon olmadığı doğrulanır.
- PCR (+) kontrol edilerek PCR işleminin başarılı olup olmadığı kontrol edilir.
- PCR (-) kontrol edilerek kontaminasyon olmadığı kontrol edilir.
- Allelik Ladder analiz edilir, size standardı ve Bin Setler üzerine oturduğu kontrol edilir.

3. BULGULAR

Elde edilen faillere ait DNA profillerinin istatistiksel değerlendirmesinde; PowerStats v.1.2 (Promega Cooperation) yazılım ile heterozigotluk oranı (HET), ayırım gücü (PD), polimorfik bilgi içeriği (PIC), dışlanma gücü (PE) ve eşleşme olasılığı (PM) hesaplandı.

3.1 Otozomal- STR Bölgelerinin Genotiplendirilmesi

Dünya üzerinde suç oranlarının artışı ve STR analizlerinin yaygın kullanımı ile ülkeler arası veri akışının sağlanabilmesi amacıyla STR bölgeleri için ortak bir isimlendirme sistemine ihtiyaç duyulmuştur. Bu sebeple 1992 yılında ISFH tarafından STR bölgelerinin adlandırılmasında dört aşamalı kurallar belirlenmiştir. Bu kurallar örnekleri ile birlikte Tablo 3.1’de gösterilmiştir.

<u>Kural</u>	<u>Açıklama</u>	<u>Örnekler</u>
İlk harfin D olması	DNA’yı sembolize etmektedir.	D 12S391 D 3S1358 D 16S539
D harfinden sonraki rakam verilmesi	Verilen rakam bulunduğu kromozomu temsil eder.	D12 S391 D3 S1358 D16 S539
Üçüncü harfin S olması	Bölgenin DNA üzerinde tek olduğunu simgeler. S (single)	D12 S 391 D3 S 1358 D16 S 539
S harfinden sonraki sayılar	Aynı kromozom üzerinde yer alan STR bölgelerinden ayırmak için verilir.	D12S 391 D3S 1358 D16S 539

Tablo 3.1: ISFH kurallarına göre STR bölgelerinin isimlendirilmesi

ISFH kurallarına göre isimlendirilmeyen STR bölgeleri;

- THO1 : Tirozin hidroksilaz geni 1. intron
- TPOX : Tiroid peroksidaz geni 10. intron
- vWA : Von Willebrand faktörü 40. intron
- FGA : alfa fibrinojen geni 3. intron
- CSF1PO : c-fms-proto onkogeni 6. İntron

3.2 Örnek Grubu Bulguların Genotiplendirilmesi

Ege Bölgesinde yaşayan ve cinsel saldırı suçunda bulunmuş 110 kişinin genotipleri değerlendirildiğinde elde edilen istatistik sonuçlar belirtilmiştir.

3.2.1 D2S441

Ege Bölgesine ait 109 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 8-17 arasında değiştiği ve toplamda 12 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk genotip oranı %18 ve heterozigot genotip oranının %82 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 14 en az görülen allellerin 8, 16 ve 17 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.2’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>
8	0	0	12.3	2	0,9	PM 0,891
9	1	0,4	13	6	2,8	PD 0,109
10	33	15	14	67	30	PE 0,630
11	71	32	15	7	3,2	PIC 0,73
11.3	15	6,9	16	0	0	TPI 2,73
12	16	7,3	17	0	0	

Tablo 3.2: D2S441 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistiki parametreler Tablo 3.2’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.2 D22S1045

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 8-19 arasında değiştiği ve toplamda 12 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %33 ve heterozigotluk oranının %67 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 15 en az görülen allellerin 8,9,10,13,18,19 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.3’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
8	0	0	14	17	7,7	PM	0,115
9	0	0	15	84	38	PD	0,885
10	0	0	16	71	32	PE	0,374
11	30	13,6	17	16	7,3	PIC	0,67
12	1	0,5	18	0	0	TPI	1,49
13	0	0	19	0	0		

Tablo 3.3: D22S1045 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.3’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.3 D10S1248

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 8-19 arasında değiştiği ve toplamda 12 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %27 ve heterozigotluk oranının %73 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 13 en az görülen allellerin 8,9,19 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.4’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
8	0	0	14	53	24	PM	0,081
9	0	0	15	39	17,7	PD	0,919
10	1	0,5	16	49	22	PE	0,472
11	3	1,4	17	10	4,5	PIC	0,75
12	5	2,3	18	1	0.5	TPI	1,83
13	59	26,8	19	0	0		

Tablo 3.4: D10S1248 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.4’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.4 SE33

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 4 - 37 arasında değiştiği ve toplamda 35 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %2.8 ve heterozigotluk oranının %97 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 18 en az

görülen allellerin 4.2,6.3,8,9,12,34.2,35.2,36,37 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.5’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
4.2	0	0	22.2	4	1.8	PM	0,017
6.3	0	0	23.2	6	2.7	PD	0,983
8	0	0	24.2	5	2.3	PE	0,944
9	0	0	25.2	7	3.2	PIC	0,93
10	2	0.9	26.2	7	3.2	TPI	18,17
11	1	0.5	27.2	12	5.5		
12	0		28.2	14	6.4		
13	3	1.4	29.2	12	5.5		
14	5	2.3	30.2	15	6.9		
15	5	2.3	31.2	12	5.5		
16	11	5	32.2	1	0.5		
17	18	8.3	33.2	5	2.3		
18	27	12.4	34.2	0	0		
19	20	9	35	1	0.5		
20	14	6.4	35.2	0	0		
20.2	1	0.5	36	0	0		
21	5	2.3	37	0	0		
21.2	1	0.5					

Tablo 3.5: SE33 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.5’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.5 D12S391

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 14-27 arasında değiştiği ve toplamda 15 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %10 ve heterozigotluk oranının %90 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 21 en az görülen allellerin 14,26,27 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.6’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
14	0	0	21	39	17.7	PM	0,038
15	7	3.2	22	30	13.6	PD	0,962
16	5	2.3	23	13	5.9	PE	0,795
17	27	12	24	9	4	PIC	0,86
18	35	15.9	25	4	1.8	TPI	5
19	20	9.1	26	0	0		
19.3	1	0.5	27	0	0		
20	30	13.6					

Tablo 3.6: D12S391 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.6’da gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.6 D8S1179

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 5-19 arasında değiştiği ve toplamda 15 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %15 ve heterozigotluk oranının %85 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 13 en az görülen allellerin 5,6,7,18,19 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.7’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
5	0	0	13	58	26	PM	0,049
6	0	0	14	33	15	PD	0,951
7	0	0	15	36	16	PE	0,686
8	2	0.9	16	11	5	PIC	0,83
9	6	2.7	17	7	3.2	TPI	3,24
10	17	7.7	18	0	0		
11	20	9	19	0	0		
12	30	13.6					

Tablo 3.7: D8S1179 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.7’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.7 D21S11

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 4-38 arasında değiştiği ve toplamda 24 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %12.7 ve heterozigotluk oranının %87 olduğu

saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 30 en az görülen allellerin 4,24.2,25,26,28.2,33,34,35,35.2,36,36.2,37,38 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.8’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
4	0	0	31.2	22	10	PM	0,054
24.2	0	0	32	1	0.5	PD	0,946
25	0	0	32.2	21	9.5	PE	0,740
26	0	0	33	0	0	PIC	0,81
27	3	1.4	33.2	9	4.4	TPI	3,93
28	42	19	34	0	0		
28.2	0	0	34.2	2	0.9		
29	46	20.9	35	0	0		
29.2	2	0.9	35.2	0	0		
30	55	25	36	0	0		
30.2	7	3.1	36.2	0	0		
31	10	4.5	37	0	0		

Tablo 3.8: D21S11 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.8’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.8 D7S820

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 6-15 arasında değiştiği ve toplamda 10 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA

örneği içerisinde homozigotluk oranı %18 ve heterozigotluk oranının %82 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 10 en az görülen allellerin 6,14,15 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.9’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
6	0	0	11	55	25	PM	0,081
7	3	1.4	12	31	14	PD	0,919
8	44	20	13	5	2.3	PE	0,633
9	22	10	14	0	0	PIC	0,76
10	60	27	15	0	0	TPI	2,75

Tablo 3.9: D7S820 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.9’da gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.9 CSF1PO

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 6-15 arasında değiştiği ve toplamda 10 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %30 ve heterozigotluk oranının %70 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 11 en az görülen allellerin 6,8,15 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.10’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
6	0	0	11	76	34.5	PM	0,124
7	1	0.5	12	59	26.8	PD	0,876
8	0	0	13	14	6.4	PE	0,414
9	8	3.6	14	1	0.5	PIC	0,68
10	61	27.7	15	0	0	TPI	1,62

Tablo 3.10: CSF1PO Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.10’da gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.2.10 D3S1358

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 9-20 arasında değıştiğı ve toplamda 12 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneğı içerisinde homozigotluk oranı %34.5 ve heterozigotluk oranının %65.5 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 16 en az görülen allellerin 9,10,11,12,13,20 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.11’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
9	0	0	15	67	30	PM	0,102
10	0	0	16	76	35	PD	0,898
11	0	0	17	29	13	PE	0,361
12	0	0	18	32	14.5	PIC	0,71
13	0	0	19	5	2.2	TPI	1,46
14	11	5	20	0	0		

Tablo 3.11: D3S1358 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.11’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.2.11 TH01

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 4-13.3 arasında değiştiği ve toplamda 10 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %25 ve heterozigotluk oranının %75 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 9 en az görülen allellerin 4,5,11,13.3 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.12’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
4	0	0	9	51	23.6	PM	0,077
5	0	0	9.3	43	19.9	PD	0,923
6	50	22.7	10	3	1.4	PE	0,494
7	34	15.7	11	0	0	PIC	0,77
8	36	16.7	13.3	0	0	TPI	1,93

Tablo 3.12: TH01 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.12’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.2.12 D13S317

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 5-16 arasında değıştiğı ve toplamda 12 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneğı içerisinde homozigotluk oranı %31 ve heterozigotluk oranının %68 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 11 en az görülen allellerin 5,6,7,15,16 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.13’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
5	0	0	11	64	29	PM	0,075
6	0	0	12	61	28	PD	0,925
7	0	0	13	21	9.6	PE	0,410
8	30	13.8	14	3	1.4	PIC	0,76
9	20	9	15	0	0	TPI	1,60
10	19	8.7	16	0	0		

Tablo 3.13: D13S317 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.13’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.13 D16S539

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 5-15 arasında değiştiği ve toplamda 9 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %19 ve heterozigotluk oranının %81 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 11 en az görülen allellerin 5,15 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.14’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
5	0	0	12	45	20.5	PM	0,083
8	7	3	13	28	12.7	PD	0,971
9	37	16.8	14	8	3.6	PE	0,633
10	17	7.7	15	0	0	PIC	0,75
11	78	35.5				TPI	2,75

Tablo 3.14: D16S539 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.14’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.2.14 D2S1338

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 11-28 arasında değıştiğı ve toplamda 18 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneğı içerisinde homozigotluk oranı %18 ve heterozigotluk oranının %82 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 17 en az görülen allellerin 11,12,13,14,15,27,28 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.15’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
11	2	1	20	26	12	PM	0,036
12	1	0.5	21	8	3.6	PD	0,964
13	0	0	22	7	3.1	PE	0,630
14	0	0	23	30	13.8	PIC	0,87
15	0	0	24	24	11	TPI	2,73
16	12	5.5	25	12	5.5		
17	38	17	26	5	2.3		
18	24	10.9	27	0	0		
19	29	13.3	28	0	0		

Tablo 3.15: D2S1338 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.15’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popölasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduđu görölmüştür.

3.2.15 D19S433

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 6-19.2 arasında değıştiğı ve toplamda 20 allel olduđu bilinmektedir. 110 DNA örneğı içerisinde homozigotluk oranı %15,5 ve heterozigotluk oranının %84,5 olduđu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 14 en az görülen allellerin 6,7,9,10,11,12.2,17,18.2,19.2 olduđu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.16’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
6	0	0	14	71	32	PM	0,068
7	0	0	14.2	15	6.8	PD	0,932
8	1	0.5	15	25	11	PE	0,686
9	0	0	15.2	16	7	PIC	0,79
10	0	0	16	10	4.5	TPI	3,24
11	0	0	16.2	7	3.1		
12	24	10.9	17	0	0		
12.2	0	0	17.2	1	0.5		
13	47	21.4	18.2	0	0		
13.2	3	1.4	19.2	0	0		

Tablo 3.16: D19S433 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.16’da gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.2.16 vWA

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 11-20 arasında değiştiği ve toplamda 10 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %23 ve heterozigotluk oranının %77 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 17 en az görülen allellerin 11,12,13 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.17’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
11	0	0	16	45	20.5	PM	0,072
12	0	0	17	65	29.5	PD	0,928
13	0	0	18	46	20.9	PE	0,533
14	22	10	19	14	6.4	PIC	0,77
15	25	11.4	20	3	1.4	TPI	2,12

Tablo 3.17: vWA Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.17’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.17 TPOX

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 6-15 arasında değiştiği ve toplamda 10 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %31 ve heterozigotluk oranının %69 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 8 en az görülen allellerin 6,13,14,15 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.18’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
6	0	0	11	54	24.5	PM	0,204
7	1	0.5	12	7	3.2	PD	0,796
8	120	54.5	13	0	0	PE	0,401
9	22	10	14	0	0	PIC	0,58
10	16	7.3	15	0	0	TPI	1,57

Tablo 3.18: TPOX Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.18’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.18 D18S51

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 7-27 arasında değiştiği ve toplamda 23 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %10 ve heterozigotluk oranının %90 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 13 en az görülen allellerin 7,9,20,2,13,2,14,2,22,25,26,27 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.19’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
7	0	0	16	27	12.3	PM	0,034
9	0	0	17	19	8.6	PD	0,966
10	1	0.5	18	12	5.5	PE	0,777
10.2	0	0	19	11	5	PIC	0,87
11	6	2.7	20	7	3.2	TPI	4,58
12	33	15	21	6	2.7		
13	34	15.5	22	0	0		
13.2	0	0	23	1	0.5		
14	29	13.2	24	1	0.5		
14.2	0	0	25	0	0		
15	33	15	26	0	0		

Tablo 3.19: D18S51 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.19’da gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.19 D5S818

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 7-18 arasında değiştiği ve toplamda 12 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %28 ve heterozigotluk oranının %72 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 12 en az görülen allellerin 8,14,16,17,18 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.20’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
7	2	0.9	13	33	15	PM	0,112
8	0	0	14	0	0	PD	0,888
9	13	5.9	15	1	0.5	PE	0,457
10	25	11.4	16	0	0	PIC	0,69
11	62	28	17	0	0	TPI	1,77
12	84	38.2	18	0	0		

Tablo 3.20: D5S818 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.20’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.20 FGA

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 13-51.2 arasında değiştiği ve toplamda 32 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %5 ve heterozigotluk oranının %95 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 22 en az görülen allellerin 13,14,15,16,17,26.2,30,30.2,31.2,32.2,33.2,41.2,43.2,44.2,45.2, 46.2,47.2,48.2,50.2,51.2 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.21’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
13	0	0	28	1	0.5	PM	0,049
14	0	0	29	1	0.5	PD	0,951
15	0	0	30	0	0	PE	0,889
16	0	0	30.2	0	0	PIC	0,84
17	0	0	31.2	0	0	TPI	9,17
18	5	2.3	32.2	0	0		
19	6	2.7	33.2	0	0		
20	21	9.5	42.2	0	0		
21	33	15	43.2	0	0		
22	40	18	44.2	0	0		
23	31	14	45.2	0	0		
24	39	17.7	46.2	0	0		
25	33	15	47.2	0	0		
26	9	4.1	48.2	0	0		
26.2	0	0	50.2	0	0		
27	1	0.5	51.2	0	0		

Tablo 3.21: FGA Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.21’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.2.21 DYS391

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 7-13 arasında değiştiği ve toplamda 7 allel olduğu bilinmektedir. Y kromozomu üzerinde bulunan bir bölge olduğu için heterozigotluk değerlendirilmesi yapılamamaktadır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 10 en az görülen allellerin 7,13 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.22’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>
7	0	0	11	26	23.6
8	2	1.8	12	1	0.9
9	5	4.5	13	0	0
10	75	68			

Tablo 3.22: DYS391 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

3.2.22 D1S1656

Ege Bölgesine ait 110 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 9-20.3 arasında değiştiği ve toplamda 16 allel olduğu bilinmektedir. 110 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %15.5 ve oranının %84.5 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 16 en az görülen allellerin 14,3,20.3 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.23’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
9	1	0.5	15.3	5	2.3	PM	0,033
10	2	0.9	16	40	18	PD	0,967
11	20	9	16.3	4	1.8	PE	0,686
12	19	8.6	17	11	5	PIC	0,87
13	27	12.3	17.3	14	6.4	TPI	3,24
14	24	10.9	18.3	5	2.3		
14.3	0	0	19.3	5	2.3		
15	43	19.5	20.3	0	0		

Tablo 3.23: D1S1656 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.23’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3 Kontrol Grubu Bulguların Genotiplendirilmesi

Ege Bölgesinde yaşayan ve herhangi bir suç ile ilişkisi bulunmayan 55 kişinin genotipleri değerlendirildiğinde elde edilen istatistik sonuçlar belirtilmiştir.

3.3.1 D2S441

Ege Bölgesine ait 54 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 8-17 arasında değiştiği ve toplamda 12 allele olduğu bilinmektedir. 54 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %28 ve heterozigotluk oranının %72 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 11 en az görülen allellerin 8,15,16 ve 17 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.24’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
8	0	0	12.3	12	11.3	PM	0,099
9	2	1,9	13	1	0,9	PD	0,901
10	17	16	14	26	24,5	PE	0,455
11	39	36,8	15	0	0	PIC	0,72
11.3	12	11,3	16	0	0	TPI	1,77
12	9	8,5	17	0	0		

Tablo 3.24: D2S441 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.24’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.3.2 D22S1045

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 8-19 arasında değiştiği ve toplamda 12 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %27 ve heterozigotluk oranının %73 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 15 en az görülen allellerin 8,9,10,12,13,19 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.25’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
8	0	0	14	13	11,8	PM	0,103
9	0	0	15	36	32,7	PD	0,897
10	0	0	16	27	24,5	PE	0,472
11	24	21,8	17	9	8,2	PIC	0,73
12	0	0	18	1	0,9	TPI	1,83
13	0	0	19	0	0		

Tablo 3.25: D22S1045 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.25’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.3.3 D10S1248

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 8-19 arasında değiştiği ve toplamda 12 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %29 ve heterozigotluk oranının %71 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 14 en az görülen allellerin 8,9,10,11,18 ve 19 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.26’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
8	0	0	14	41	37,3	PM	0,108
9	0	0	15	22	20	PD	0,892
10	0	0	16	14	12,7	PE	0,442
11	0	0	17	2	1,8	PIC	0,71
12	5	4,5	18	0	0	TPI	1,72
13	26	23,6	19	0	0		

Tablo 3.26: D10S1248 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.26’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.3.4 SE33

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 4 - 37 arasında değiştiği ve toplamda 35 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %0 ve heterozigotluk oranının %100 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 28.2 en az görülen allellerin 4.2,6.3,8,10,11,32.2,35,36 ve 37 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.27’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
4.2	0	0	22.2	5	4,5	PM	0,023
6.3	0	0	23.2	3	2,7	PD	0,977
8	0	0	24.2	4	3,6	PE	1
9	3	2,7	25.2	3	2,7	PIC	0,96
10	0	0	26.2	5	4,5	TPI	-
11	0	0	27.2	4	3,6		
12	1	0,9	28.2	13	11,8		
13	1	0,9	29.2	8	7,2		
14	3	2,7	30.2	5	4,5		
15	2	1,8	31.2	4	3,6		
16	6	5,5	32.2	0	0		
17	7	6,3	33.2	2	1,8		
18	9	8,2	34.2	1	0,9		
19	9	8,2	35	0	0		
20	2	1,8	35.2	1	0,9		
20.2	0	0	36	0	0		
21	4	3,6	37	0	0		
21.2	1	0,9					

Tablo 3.27: SE33 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.27’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.3.5 D12S391

Ege Bölgesine ait 54 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 14-27 arasında değiştiği ve toplamda 15 allel olduğu bilinmektedir. 54 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %7,4 ve heterozigotluk oranının %92,6 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 18 en az görülen allellerin 14 ve 27 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.28’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
14	0	0	21	12	11	PM	0,038
15	7	6,5	22	14	13	PD	0,962
16	1	0,9	23	10	9,3	PE	0,849
17	12	11	24	1	0,9	PIC	0,89
18	17	15,7	25	2	1,8	TPI	6,75
19	19	17,6	26	1	0,9		
19.3	4	3,6	27	0	0		
20	8	7,4					

Tablo 3.28: D12S391 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.28’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3.6 D8S1179

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 5-19 arasında değiştiği ve toplamda 15 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA

örneği içerisinde homozigotluk oranı %13 ve heterozigotluk oranının %87 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 13 en az görülen allellerin 5,6,7 ve 19 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.29’da gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
5	0	0	13	36	32,7	PM	0,064
6	0	0	14	26	23,6	PD	0,936
7	0	0	15	14	12,7	PE	0,740
8	1	0,9	16	6	5,5	PIC	0,78
9	1	0,9	17	2	1,8	TPI	3,93
10	8	7,3	18	1	0,9		
11	6	5,5	19	0	0		
12	9	8,2					

Tablo 3.29: D8S1179 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.29’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3.7 D21S11

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 4-38 arasında değiştiği ve toplamda 24 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %8 ve heterozigotluk oranının %92 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 29 en az görülen

allelilerin 4,24.2,25,26,32,34,35,36,36.2,37 ve 38 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.30’da gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
4	0	0	31.2	13	11,8	PM	0,068
24.2	0	0	32	0	0	PD	0,932
25	0	0	32.2	14	12,7	PE	0,704
26	0	0	33	1	0,9	PIC	0,83
27	1	0,9	33.2	5	4,5	TPI	3,44
28	11	10	34	0	0		
28.2	0	0	34.2	2	0,9		
29	27	24,5	35	0	0		
29.2	1	0,9	35.2	0	0		
30	22	20	36	0	0		
30.2	2	1,8	36.2	0	0		
31	6	5,5	37	0	0		

Tablo 3.30: D21S11 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.29’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3.8 D7S820

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 6-15 arasında değiştiği ve toplamda 10 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %7,3 ve heterozigotluk oranının %92,3 olduğu

saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 8 en az görülen allellerin 6,7,14,15 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.31’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
6	0	0	11	23	20,9	PM	0,082
7	0	0	12	20	18,2	PD	0,918
8	25	22,7	13	6	5,5	PE	0,851
9	13	11,8	14	0	0	PIC	0,78
10	23	20,9	15	0	0	TPI	6,88

Tablo 3.31: D7S820 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.31’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3.9 CSF1PO

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 6-15 arasında değiştiği ve toplamda 10 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %43,6 ve heterozigotluk oranının %56,4 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 12 en az görülen allellerin 6,7,8,14 ve 15 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.32’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
6	0	0	11	32	29	PM	0,144
7	0	0	12	45	41	PD	0,249
8	0	0	13	5	4,5	PE	0,856
9	3	2,7	14	0	0	PIC	0,64
10	25	22,7	15	0	0	TPI	1,15

Tablo 3.32: CSF1PO Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.32’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.3.10 D3S1358

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 9-20 arasında değiştiği ve toplamda 12 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %31 ve heterozigotluk oranının %69 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 16 en az görülen allellerin 9,10,11,12,19 ve 20 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.33’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
9	0	0	15	26	23,6	PM	0,103
10	0	0	16	32	29	PD	0,897
11	0	0	17	30	27	PE	0,414
12	0	0	18	18	16,4	PIC	0,72
13	1	0,9	19	0	0	TPI	1,62
14	3	2,7	20	0	0		

Tablo 3.33: D3S1358 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.33’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.3.11 TH01

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 4-13.3 arasında değiştiği ve toplamda 10 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %10,9 ve heterozigotluk oranının %89,1 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 6 en az görülen allellerin 4,10,11 ve 13.3 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.34’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
4	0	0	9	23	20,9	PM	0,121
5	1	0,9	9.3	20	18,2	PD	0,879
6	39	35,5	10	1	0,9	PE	0,777
7	16	14,5	11	0	0	PIC	0,73
8	10	9,1	13.3	0	0	TPI	4,58

Tablo 3.34: TH01 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.34’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popölasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduđu görölmüştür.

3.3.12 D13S317

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 5-16 arasında değıştiğı ve toplamda 12 allel olduđu bilinmektedir. 55 DNA örneğı içerisinde homozigotluk oranı %16,4 ve heterozigotluk oranının %83,6 olduđu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 11 en az görülen allellerin 5,6,7,15,16 olduđu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.35’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
5	0	0	11	36	32,7	PM	0,098
6	0	0	12	24	21,8	PD	0,902
7	0	0	13	10	9,1	PE	0,668
8	23	20,9	14	2	1,8	PIC	0,75
9	4	3,6	15	0	0	TPI	3,06
10	11	10	16	0	0		

Tablo 3.35: D13S317 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.35’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.3.13 D16S539

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 5-15 arasında değiştiği ve toplamda 9 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %22 ve heterozigotluk oranının %78 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 11 en az görülen allellerin 5,15 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.36’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
5	0	0	12	30	27,3	PM	0,107
8	3	2,7	13	16	14,5	PD	0,893
9	18	16,4	14	1	0,9	PE	0,566
10	7	6,4	15	0	0	PIC	0,74
11	35	31,8				TPI	2,29

Tablo 3.36: D16S539 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.36’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

3.3.14 D2S1338

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 11-28 arasında değiştiği ve toplamda 18 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %16 ve heterozigotluk oranının %84 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 23 en az görülen allellerin 11,12,13,14,15,26,27 ve 28 olduğu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.37’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
11	0	0	20	19	17,3	PM	0,048
12	0	0	21	2	1,8	PD	0,952
13	0	0	22	5	4,5	PE	0,668
14	0	0	23	23	21	PIC	0,86
15	0	0	24	9	8,2	TPI	3,06
16	8	7,3	25	6	5,5		
17	14	12,7	26	0	0		
18	13	11,8	27	0	0		
19	11	10	28	0	0		

Tablo 3.37: D2S1338 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.37’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popölasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduđu görölmüştür.

3.3.15 D19S433

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 6-19.2 arasında değıştiğı ve toplamda 20 allel olduđu bilinmektedir. 55 DNA örneğı içerisinde homozigotluk oranı %18 ve heterozigotluk oranının %82 olduđu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 13 en az görülen allellerin 7,8,9,10,11,12.2,17.2,18.2,19.2 olduđu görölmüştür. Allellerin görölme sıklıkları Tablo 3.38’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
6	1	0,9	14	26	23,6	PM	0,068
7	0	0	14.2	7	6,4	PD	0,932
8	0	0	15	13	11,8	PE	0,633
9	0	0	15.2	6	5,5	PIC	0,80
10	0	0	16	8	7,3	TPI	2,75
11	1	0,9	16.2	1	0,9		
12	10	9	17	1	0,9		
12.2	0	0	17.2	0	0		
13	33	30	18.2	0	0		
13.2	3	2,7	19.2	0	0		

Tablo 3.38: D19S433 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.38’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3.16 vWA

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 11-20 arasında değiştiği ve toplamda 10 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %22 ve heterozigotluk oranının %78 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 16 en az görülen allellerin 11,12,13 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.39’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
11	0	0	16	32	29	PM	0,066
12	0	0	17	22	20	PD	0,934
13	0	0	18	18	16,4	PE	0,566
14	17	15,5	19	8	7,3	PIC	0,79
15	9	8,2	20	4	3,6	TPI	2,29

Tablo 3.39: vWA Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.39’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3.17 TPOX

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 6-15 arasında değiştiği ve toplamda 10 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %38 ve heterozigotluk oranının %62 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 8 en az görülen allellerin 6,7,13,14 ve 15 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.40’da gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
6	0	0	11	32	29	PM	0,234
7	0	0	12	4	3,6	PD	0,766
8	62	56,4	13	0	0	PE	0,313
9	7	6,4	14	0	0	PIC	0,53
10	5	4,5	15	0	0	TPI	1,31

Tablo 3.40: TPOX Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.40’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3.18 D18S51

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 7-27 arasında değiştiği ve toplamda 23 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %16 ve heterozigotluk oranının %84 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 12 ve 13 en az görülen allellerin 7,8,9,10,13.2,14.2,18,21,23,24,25,26,27 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.41’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
7	0	0	16	17	15,5	PM	0,052
9	0	0	17	9	8,2	PD	0,948
10	0	0	18	0	0	PE	0,668
10.2	0	0	19	7	6,4	PIC	0,84
11	1	0,9	20	4	3,6	TPI	3,06
12	20	18,2	21	0	0		
13	20	18,2	22	1	0,9		
13.2	0	0	23	0	0		
14	17	15,5	24	0	0		
14.2	0	0	25	0	0		
15	14	12,7	26	0	0		

Tablo 3.41: D18S51 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.41’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3.19 D5S818

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 7-18 arasında değiştiği ve toplamda 12 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %18 ve heterozigotluk oranının %81 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 12 en az görülen allellerin 8,14,16,17,18 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.42’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
7	2	1,8	13	23	20,9	PM	0,76
8	0	0	14	0	0	PD	0,924
9	15	13,6	15	1	0,9	PE	0,633
10	17	15,5	16	0	0	PIC	0,77
11	25	22,7	17	0	0	TPI	2,75
12	27	24,5	18	0	0		

Tablo 3.42: D5S818 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.42’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3.20 FGA

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 13-51.2 arasında değiştiği ve toplamda 32 allel olduğu bilinmektedir. 55 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %16 ve heterozigotluk oranının %84 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 22 en az görülen allellerin 13,14,15,16,17,26.2,27,28,29,30,30.2,31.2,32.2,33.2,41.2,43.2,44.2, 45.2,46.2,47.2,48.2,50.2,51.2 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.43’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
13	0	0	28	0	0	PM	0,056
14	0	0	29	0	0	PD	0,944
15	0	0	30	0	0	PE	0,668
16	0	0	30.2	0	0	PIC	0,82
17	0	0	31.2	0	0	TPI	3,06
18	1	0,9	32.2	0	0		
19	5	4,5	33.2	0	0		
20	12	10,9	42.2	0	0		
21	18	16,4	43.2	0	0		
22	29	26,4	44.2	0	0		
23	18	16,4	45.2	0	0		
24	14	12,7	46.2	0	0		
25	9	8,2	47.2	0	0		
26	4	3,6	48.2	0	0		
26.2	0	0	50.2	0	0		
27	0	0	51.2	0	0		

Tablo 3.43: FGA Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.43’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görülmüştür.

3.3.21 DYS391

Ege Bölgesine ait 55 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 7-13 arasında değiştiği ve toplamda 7 allel olduğu bilinmektedir. Y kromozomu üzerinde bulunan bir bölge olduğu için heterozigotluk değerlendirilmesi yapılamamaktadır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 10 en az görülen allellerin 7,8,9,12 ve 13 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.44’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görülme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>
7	0	0	11	18	33
8	0	0	12	0	0
9	0	0	13	0	0
10	37	67			

Tablo 3.44: DYS391 Bölgesi allellerin görülme sıklığı.

3.3.22 D1S1656

Ege Bölgesine ait 54 DNA örneğinde bu bölge analiz edildiğinde tekrar sayılarının 9-20.3 arasında değiştiği ve toplamda 16 allel olduğu bilinmektedir. 54 DNA örneği içerisinde homozigotluk oranı %15 ve heterozigot oranının %85 olduğu saptanmıştır. Tüm alleller incelendiğinde; en sık görülen allelin 12 en az görülen allellerin 9,10,14.3 ve 20.3 olduğu görülmüştür. Allellerin görülme sıklıkları Tablo 3.45’de gösterilmiştir.

<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Allel</u>	<u>Görölme sayısı (n)</u>	<u>Allel sıklığı (%)</u>	<u>Adli Parametreler</u>	
9	0	0	15.3	4	3,7	PM	0,047
10	0	0	16	19	17,6	PD	0,953
11	16	14,8	16.3	10	9,3	PE	0,699
12	20	18,5	17	5	4,6	PIC	0,85
13	1	0,9	17.3	5	4,6	TPI	3,38
14	7	6,5	18.3	2	1,9		
14.3	0	0	19.3	1	0,9		
15	18	16,7	20.3	0	0		

Tablo 3.45: D1S1656 Bölgesi allellerin görölme sıklığı.

Elde edilen veriler ışığında adli istatistik parametreleri Tablo 3.45’de gösterilmiştir. Aynı zamanda popülasyonun bu bölgede HW dengesine uygun olduğu görölmüştür.

4. SONUÇ

4.1 Ege Bölgesi Popülasyonunda Elde Edilen STR Lokuslarının Adli İstatistiksel Parametreleri ve Lokusların Allel Dağılımlarının Karşılaştırılması

D2S441 lokusu için 12 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 14 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 11 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,109, PD değeri 0,891, PIC değeri 0,73 iken kontrol grubunda PM değeri 0,099, PD değeri 0,901, PIC değeri 0,72'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

D22S1045 lokusu için 12 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 15 alleli sık görünürken, kontrol grubunda da 15 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,115, PD değeri 0,885, PIC değeri 0,67 iken kontrol grubunda PM değeri 0,103, PD değeri 0,897, PIC değeri 0,73'dür. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmemiştir.

D10S1248 lokusu için 12 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 13 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 14 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,081, PD değeri 0,919, PIC değeri 0,75 iken kontrol grubunda PM değeri 0,108, PD değeri 0,892, PIC değeri 0,71'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

SE33 lokusu için 35 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 18 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 28.2 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,017, PD değeri 0,983, PIC değeri 0,93 iken kontrol grubunda PM değeri 0,023, PD değeri 0,977, PIC değeri 0,96'dır. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

D12S391 lokusu için 15 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 21 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 18 alleli daha sık görülmüştür.

Örnek grubunun PM değeri 0,038, PD değeri 0,962, PIC değeri 0,86 iken kontrol grubunda PM değeri 0,038, PD değeri 0,962, PIC değeri 0,89'dur. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

D8S1179 lokusu için 15 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 13 alleli sık görünürken, kontrol grubunda da 13 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,049, PD değeri 0,951, PIC değeri 0,83 iken kontrol grubunda PM değeri 0,064, PD değeri 0,936, PIC değeri 0,78'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmemiştir.

D21S11 lokusu için 24 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 24 alleli sık görünürken, kontrol grubunda da 24 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,054, PD değeri 0,936, PIC değeri 0,81 iken kontrol grubunda PM değeri 0,068, PD değeri 0,932, PIC değeri 0,83'dür. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmemiştir.

D7S820 lokusu için 10 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 10 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 8 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,081, PD değeri 0,919, PIC değeri 0,76 iken kontrol grubunda PM değeri 0,082, PD değeri 0,918, PIC değeri 0,78'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

CSF1PO lokusu için 10 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 11 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 12 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,124, PD değeri 0,87, PIC değeri 0,68 iken kontrol grubunda PM değeri 0,144, PD değeri 0,249, PIC değeri 0,64'dür. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

D3S1358 lokusu için 12 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 16 alleli sık görünürken, kontrol grubunda da 16 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,102, PD değeri 0,898, PIC değeri 0,71 iken

kontrol grubunda PM değeri 0,103, PD değeri 0,897, PIC değeri 0,72'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmemiştir.

TH01 lokusu için 10 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 9 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 6 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,077, PD değeri 0,925, PIC değeri 0,76 iken kontrol grubunda PM değeri 0,098, PD değeri 0,902, PIC değeri 0,121'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

D13S317 lokusu için 12 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 11 alleli sık görünürken, kontrol grubunda da 11 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,075, PD değeri 0,925, PIC değeri 0,76 iken kontrol grubunda PM değeri 0,098, PD değeri 0,902, PIC değeri 0,75'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmemiştir.

D16S539 lokusu için 9 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 11 alleli sık görünürken, kontrol grubunda da 11 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,083, PD değeri 0,917, PIC değeri 0,75 iken kontrol grubunda PM değeri 0,107, PD değeri 0,893, PIC değeri 0,74'dür. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmemiştir.

D2S1338 lokusu için 18 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 17 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 23 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,036, PD değeri 0,964, PIC değeri 0,87 iken kontrol grubunda PM değeri 0,048, PD değeri 0,952, PIC değeri 0,86'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

D19S433 lokusu için 20 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 14 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 13 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,068, PD değeri 0,932, PIC değeri 0,79 iken kontrol

grubunda PM değeri 0,068, PD değeri 0,932, PIC değeri 0,80'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

vWA lokusu için 10 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 17 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 16 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,072, PD değeri 0,928, PIC değeri 0,77 iken kontrol grubunda PM değeri 0,066, PD değeri 0,934, PIC değeri 0,79'dur. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

TPOX lokusu için 10 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 8 alleli sık görünürken, kontrol grubunda da 8 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,204, PD değeri 0,796, PIC değeri 0,58 iken kontrol grubunda PM değeri 0,234, PD değeri 0,766, PIC değeri 0,53'dür. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmemiştir.

D18S51 lokusu için 23 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 13 alleli sık görünürken, kontrol grubunda da 12 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,034, PD değeri 0,966, PIC değeri 0,87 iken kontrol grubunda PM değeri 0,052, PD değeri 0,948, PIC değeri 0,84'dür. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

D5S818 lokusu için 12 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 12 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 12 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,112, PD değeri 0,888, PIC değeri 0,69 iken kontrol grubunda PM değeri 0,076, PD değeri 0,924, PIC değeri 0,77'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmemiştir.

FGA lokusu için 32 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 22 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 22 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,049, PD değeri 0,951, PIC değeri 0,84 iken kontrol grubunda

PM değeri 0,056, PD değeri 0,944, PIC değeri 0,82'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmemiştir.

DYS391 lokusu için 7 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 10 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 10 alleli daha sık görülmüştür. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmemiştir.

D1S1656 lokusu için 16 farklı allel incelenmiştir. Saptanan alleller arasında örnek grupta 16 alleli sık görünürken, kontrol grubunda 12 alleli daha sık görülmüştür. Örnek grubunun PM değeri 0,033, PD değeri 0,967, PIC değeri 0,86 iken kontrol grubunda PM değeri 0,047, PD değeri 0,953, PIC değeri 0,85'dir. Bu bölge için çalışmamız içerisinde anlamlı farklılıklar gözlenmiştir.

Ege Bölgesi popülasyonu için STR lokuslarının gen uyuşma (PM) olasılığı, ayırım gücü (PD), polimorfik bilgi içeriği (PIC), dışlama gücü (PE), tipik babalık indeksi (TPI) ve heterozigotluk değerlerine ait parametrelerin örnek grup ve kontrol grup açısından mukayesesi yapılmıştır.

Uyuşma Olasılığı (PM) çalışmamızda değerlendirmeye alınan hem örnek grupta hem kontrol grubunda en düşük değer ile SE33 (0,017- 0,023) lokusunda, en yüksek değerler ise TPOX (0,204-0,234) ve CSF1PO (0,124-0,144) lokuslarında tespit edildi. Daha önce Türkiye'de yapılan çalışmalara bakıldığında; TPOX lokusunun incelemeye alındığı tüm popülasyonlarda bu bölge için uyuşma olasılığının diğer bölgelerden yüksek olduğu gözlemlenmiştir. Adli bilimlerde kimliklendirme çalışmaları yapılırken uyuşma olasılığının (PM) düşük ve TPI, PD, PE ve heterozigotluk oranının yüksek olduğu bölgeler tercih edilmektedir. Bu nedenle, SE33 lokusunun kimliklendirme çalışmalarında önem arz ettiği bir kez daha gösterilmiştir.

Ayırım Gücü (PD) değeri en düşük CSF1PO (0,087 – 0,249), TPOX (0,796 – 0,776) lokuslarında gözlenmiş ve en yüksek değer ise SE33 (0,983 – 0,977) lokusunda

elde edilmiştir. Ayrıca, D1S1656, D18S51, D21S391 ve D2S1338 lokuslarında da yüksek ($PD > 0,950$) değerler gözlenmiştir.

Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC) değeri en düşük TPOX (0,58 – 0,53) ve en yüksek değer ile SE33 (0,93 – 0,96) görülmüştür. Aynı zamanda D18S51, FGA, D1S1656, D2S1338 ve D12S391 lokuslarına ait değerlerin de ($PIC > 0,85$) yüksek olduğu görülmüştür.

Dışlama gücü (PE) en yüksek değere sahip bölgeler SE33 (0,944 – 1) ve D12S391 (0,795 – 0,849) en düşük değerler ise TPOX (0,401 – 0,313) ve D3S1358 (0,361 – 0,414) bölgelerinde gözlenmiştir.

Tipik Babalık İndeksi (TPI) Ege Bölgesi popülasyonunda inceleme aldığımız iki grup için en yüksek TPI değeri FGA (9,17 – 3,06), SE33 (18,17), D12S391 (5 – 6,75) bölgeleri olurken en düşük değer TPOX (1,57 – 1,31), CSF1PO (1,62 – 1,15) ve D3S1358 (1,45 – 1,62) lokusları olmuştur.

Heterozigotluk değeri incelendiğinde gözlenen heterozigotluk değerlerinin TPOX (%69 – %62), D3S1358 (%65,5 – %69) ve CSF1PO (%70 - %56,4) lokusları hariç diğer bölgelerde ki değerlerin %70'in üzerinde olduğu görülmüştür. En yüksek değerlerin SE33 (%97 – %100) ve D12S391 (%90 – %92,6) lokuslarında olduğu tespit edilmiştir.

Adli kimliklendirme çalışmalarında incelenen bölgeler seçilirken istatistiksel parametreler içerisinde PM değeri düşük ve heterozigotluk oranı, PE, TPI, PD değerlerinin ise yüksek olduğu bölgeler tercih edilmektedir. Bireylerin genetik olarak benzerliği (yakınlık durumu) PM parametresiyle saptanmaktadır. Bireylerin aynı lokus içerisinde aynı alleli taşıma olasılığı ne kadar fazla ise o popülasyon içerisinde genetik benzerliğinde yüksek olduğu söylenebilir. Bu sebeple adli kimliklendirme çalışmalarında STR lokusunun ayırım gücü (PD), dışlama gücü (PE), heterozigotluk oranı yüksek olur ve uyuşma olasılığı (PM) düşük olursa bireylerin ayrıştırılması o kadar kolay olur.

Yürütmüş olduğumuz bu çalışmada el edilen veriler ışığında, örnek grup ve kontrol grup mukayese edildiğinde gruptaki bireyler kendi içerisinde benzerlik gösterirken iki grup arasındaki benzerlik incelendiğinde D2S441, D10S1248, SE33, D12S391, D21S11, D7S820, CSF1PO, TH01, D2S1338, D19S433, vWA, D18S51 ve D1S1656 lokuslarında farklı allellerin yoğun görüldüğü tespit edilmiştir. Bununla birlikte bu bölgelere baktığımızda ayrım gücünün de diğer bölgelerden daha yüksek olduğu fark edilmiştir.



5. TARTIŞMA

Ege Bölgesi içerisinde yürüttüğümüz bu çalışma ile elde edilen STR lokuslarına ait verilerin hem ulusal hem uluslararası çalışmalarda ele alınan veriler ile mukayese edilmesi ve çalışma grupları arasındaki benzerliklerin değerlendirilmesi yapılmıştır.

D2S441 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman' ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada en yaygın 11 allelini saptamıştır. Cantürk vd. (2017) Türkiye geneli yürütmüş olduğu çalışmada en sık görülen allel 11 olmuştur. El Andari et. al (2013) Lübnan'daki çalışmada, Alhmoudi et. Al (2015) Birleşik Arap Emirlikleri'ndeki çalışmada ve Antoinette A. et. al (2014) Hollanda'daki çalışmada en sık görülen allel 11 olmuştur. Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere'deki çalışmada, Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 14 alleli sık görülmüştür. Bu sonuçlardan farklı olarak Nelsi Burquette A. et. al (2015) Meksika'da yapılan çalışmada en sık 8 allele rastlanılmıştır.

D22S1045 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman' ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada en yaygın 15 allelini saptamıştır. Cantürk vd. (2017) Türkiye geneli yürütmüş olduğu çalışmada ve El Andari et. al (2013) Lübnan'daki çalışmada en sık görülen allel 6 olmuştur. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda'daki çalışmada, Nelsi Burquette A. et. al (2015) Meksika'da yapılan çalışmada ve Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada en sık görülen allel 15 olmuştur. Bu sonuçlardan farklı olarak Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere'deki çalışmada 16 alleli sık görülmüştür.

D10S1248 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman' ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada en yaygın 14 allelini saptamıştır. Cantürk vd. (2017) Türkiye geneli yürütmüş olduğu çalışmada, Alhmoudi et. Al (2015) Birleşik Arap Emirlikleri'ndeki çalışmada ve El Andari et. al (2013) Lübnan'daki çalışmada en sık görülen allel 14 olmuştur. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda'daki

çalışmada, Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere’deki çalışmada, Nelsi Burguette A. et. al (2015) Meksika’da yapılan çalışmada ve Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada en sık görülen allel 13 olmuştur.

SE33 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Türkiye’de SE33 bölgesi ile yürütülmüş nadir çalışmalardan Bozman’ ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada en yaygın 16 allelini saptamıştır. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda’daki çalışmada en sık görülen allel 27.2 olmuştur. Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 26.2 alleli sık görülmüştür. Nelsi Burguette A. et. al (2015) Meksika’da yapılan çalışmada en sık 17 allele rastlanılmıştır. Yapılan çalışmalarda elde edilen sonuçlar birbirlerinden tamamen farklıdır.

D12S391 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman’ ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Cantürk vd. (2017) Türkiye geneli yürütmüş olduğu çalışmada ve El Andari et. al (2013) Lübnan’daki çalışmada en yaygın 18 alleli saptamıştır. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda’daki çalışmada, Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere’deki çalışmada en sık görülen allel 21 olmuştur. Bu sonuçlardan farklı olarak Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 17 allele ve Nelsi Burguette A. et. al (2015) Meksika’da yapılan çalışmada 20 allele rastlanılmıştır.

D8S1179 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman’ ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Cantürk vd. (2017) ve Özkorkmaz vd. (2009) Türkiye geneli yapılan çalışmalarda, Tokdemir’ in (2016) ve Vicdanlı’nın (2013) Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmalarda ve Baransel vd. (2014) İzmir’de yaptığı çalışmada en sık görülen allel 13 olmuştur. Alhmoudi et. Al (2015) Birleşik Arap Emirlikleri’ndeki çalışmada, Antoinette A. et. al (2014) Hollanda’daki çalışmada, Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore’de yapılan çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere’deki çalışmada en sık görülen allel 13 olmuştur. Bu sonuçlardan farklı olarak Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda

popülasyonunda yapılan çalışmada 14 alleli, Lancia M. et. al (2006) İtalya’da yapılan çalışmada 16 alleli ve Stenersen M. et. al (2006) Norveç’te yapılan çalışmada 11 alleli sık görülmüştür.

D21S11 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman’ ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Özkorkmaz vd. (2009) Türkiye’de yaptığı çalışmada 30 alleli gözlemlenirken, Türkiye geneli yapılan Çakır vd. (2004) çalışmasında 28.2 alleleline, Ülküer vd. (2004) çalışmasında 34 alleleline ve Aşioğlu vd. (2002) çalışmaları 29.2 alleleline ulaştığı görülmüştür. Vicdanlı’nın (2013) Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmalarda en fazla 13 alleli görülmüştür. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda’daki çalışmada, Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore’de yapılan çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere’deki çalışmada en sık görülen allel 30 olmuştur. Bu sonuçlardan farklı olarak Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 28 alleli ve Lancia M. et. al (2006) İtalya’da yapılan çalışmada, Stenersen M. et. al (2006) Norveç’te yapılan çalışmada 29 alleli sık görülmüştür.

D7S820 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman’ ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Türkiye’de yapılan Çakır vd. (2003), Baransel vd. (2014), Nazif H. (2013) çalışmalarında 11 alleli tespit edilmiştir. Ülküer vd. (2004) çalışmasında ve Aşioğlu vd. (2002) çalışmaları 14 alleli sık görülmüştür. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda’daki çalışmada, Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere’deki çalışmada, Rakha et. al (2009) Pakistan’da yapılan çalışmada ve Lancia M. et. al (2006) İtalya’da yapılan çalışmada 10 alleleline sık rastlanılmıştır. Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore’de yapılan çalışmada ve en sık görülen allel 11 olmuştur. Bu sonuçlardan farklı olarak Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 7 alleli ve, Stenersen M. et. al (2006) Norveç’te yapılan çalışmada 13 alleli sık görülmüştür.

CSF1PO lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman’ ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Türkiye’de yapılan Çakır vd.

(2003) çalışmalarında 12 alleli tespit edilmiştir. Baransel vd. (2014) çalışmasında 7 alleli sık görülmüştür. Nazif H. (2013) çalışmasında 11 alleli sık görülmüştür. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda'daki çalışmada, Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere'deki çalışmada, Lancia M. et. al (2006) İtalya'da yapılan çalışmada ve Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore'de yapılan çalışmada 12 alleleline sık rastlanılmıştır. Rakha et. al (2009) Pakistan'da yapılan çalışmada ve Stenersen M. et. al (2006) Norveç'te yapılan çalışmada 10 alleli sık görülmüştür.

D3S1358 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman' ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Cantürk vd. (2017), Özkorkmaz vd. (2009) Türkiye'de yaptığı çalışmada 16 alleli gözlemlenirken, Türkiye geneli yapılan Çakır vd. (2004) çalışmasında 20 alleleline, Ülküer vd. (2004) çalışmasında 12 alleleline ve Aşioğlu vd. (2002) çalışmaları 12 alleleline ulaştığı görülmüştür. Vicdanlı'nın (2013) Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmalarda en fazla 15 alleli görülmüştür. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda'daki çalışmada, Lancia M. et. al (2006) İtalya'da yapılan çalışmada, Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore'de yapılan çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere'deki çalışmada en sık görülen allel 15 olmuştur. Alhmoudi et. Al (2015) Birleşik Arap Emirlikleri'ndeki çalışmada ve Rakha et. al (2009) Pakistan'da yapılan çalışmada en fazla 16 alleli görülmüştür. Bu sonuçlardan farklı olarak Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 20 alleli ve, Stenersen M. et. al (2006) Norveç'te yapılan çalışmada 10 alleli sık görülmüştür.

TH01 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman' ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Cantürk vd. (2017) Türkiye genelinde yaptığı çalışmada, Tokdemir vd. (2016) Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada ve Nazif H. Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada 6 alleli gözlemlenirken, Türkiye geneli yapılan Çakır vd. (2004) çalışmasında 5 alleleline ulaştığı görülmüştür. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda'daki çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere'deki çalışmada en sık görülen allel 9.3 olmuştur.

Lancia M. et. al (2006) İtalya’da yapılan çalışmada, Alhmoudi et. Al (2015) Birleşik Arap Emirlikleri’ndeki çalışmada ve Rakha et. al (2009) Pakistan’da yapılan çalışmada en sık görülen allel 6 olmuştur. Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore’de yapılan çalışmada en sık görülen allel 9 ve Stenersen M. et. al (2006) Norveç’te yapılan çalışmada en sık allel 7 görülmüştür.

D13S317 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman’ ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada ve Vicdanlı’nın (2013) Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada ve Alhmoudi et. Al (2015) Birleşik Arap Emirlikleri’ndeki çalışmada en sık 12 alleli görülmüştür. Türkiye geneli yapılan Çakır vd. (2004) çalışmasında 15 alleleline, Ülküer vd. (2004) çalışmasında ve 15 alleleline ulaşmıştır. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda’daki çalışmada, Lancia M. et. al (2006) İtalya’da yapılan çalışmada, Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere’deki çalışmada, Rakha et. al (2009) Pakistan’da yapılan çalışmada ve El Andari et. al (2013) Lübnan’daki çalışmada en sık 11 alleli görülmüştür. Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore’de yapılan çalışmada ve Stenersen M. et. al (2006) Norveç’te yapılan çalışmada en sık görülen allel 8 olmuştur. Bu sonuçlardan farklı olarak Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 7 alleli sık görülmüştür.

D16S539 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman’ ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Nazif H. (2013) Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada ve Özkorkmaz vd. (2009) Türkiye’de yaptığı çalışmada 11 alleli gözlemlenirken, Türkiye geneli yapılan Çakır vd. (2004) çalışmasında 15 alleleline ulaşmıştır. El Andari et. al (2013) Lübnan’daki çalışmada, Antoinette A. et. al (2014) Hollanda’daki çalışmada, Lancia M. et. al (2006) İtalya’da yapılan çalışmada, Rakha et. al (2009) Pakistan’da yapılan çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere’deki çalışmada en sık görülen allel 11 olmuştur. Stenersen M. et. al (2006) Norveç’te yapılan çalışmada ve Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada en fazla allel 8 görülmüştür. Bu sonuçlardan farklı Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore’de yapılan çalışmada 9 alleli sık görülmüştür.

D2S1338 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Nazif H. (2013) Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada 17 alleli gözlemlenirken, Özkorkmaz vd. (2009) Türkiye’de yaptığı çalışmada ve Çakır vd. (2002) çalışmasında 28 alleleline ulaşılmıştır. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda’daki çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere’deki çalışmada 17 alleli sık görülmüştür. Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore’de yapılan çalışmada ve Clark et. al (2009) Pakistan’da yaptığı çalışmada en sık görülen allel 23 olmuştur. Bu sonuçlardan farklı olarak Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 19 alleli sık görülmüştür.

D19S433 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Nazif H. (2013) Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada 14 alleli görülmüştür. Özkorkmaz vd. (2009) Türkiye’de yaptığı çalışmada 9 alleli gözlemlenirken, Türkiye geneli yapılan Çakır vd. (2004) çalışmasında 10.2 alleleline ulaşılmıştır. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda’daki çalışmada, Ossmani et. al (2009) Fas’ta yapılan çalışmada, Lancia M. et. al (2006) İtalya’da yapılan çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere’deki çalışmada en sık görülen allel 14 olmuştur. Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore’de yapılan çalışmada, Clark et. al (2009) Pakistan’da yapılan çalışmada ve Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 13 alleli sık görülmüştür.

vWA lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman’ ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada 16 alleli görülmüştür. Özkorkmaz vd. (2009) Türkiye’de yaptığı çalışmada 22 alleli gözlemlenirken, Aşioğlu vd. (2002) ve Çakır vd. (2003) çalışmasında 21 alleleline, Nazif H. (2013) Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmalarda en fazla 17 alleli görülmüştür. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda’daki çalışmada, Lancia M. et. al (2006) İtalya’da yapılan çalışmada, Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore’de yapılan çalışmada, Rakha et. al (2009) Pakistan’da yapılan çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere’deki

çalışmada en sık görülen allel 17 olmuştur. Bu sonuçlardan farklı olarak Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 16 alleli ve, Stenersen M. et. al (2006) Norveç'te yapılan çalışmada 12 alleli sık görülmüştür.

TPOX lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman' ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Çakır vd. (2003), Özkorkmaz vd. (2009) Türkiye'de yaptığı çalışmada, Ülküer vd. (2004), Tuğ vd. (2010) ve Nazif H. (2013) Doğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada en sık görülen allel 8 olmuştur. El Andari et. al (2013) Lübnan'daki çalışmada, Alhmoudi et. Al (2015) Birleşik Arap Emirlikleri'ndeki çalışmada, Antoinette A. et. al (2014) Hollanda'daki çalışmada, Lancia M. et. al (2006) İtalya'da yapılan çalışmada, Hedjazi et. al (2013) İran'daki çalışmada, Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore'de yapılan çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere'deki çalışmada en sık görülen allel 8 olmuştur. Bu sonuçlardan farklı olarak Rakha et. al (2009) Pakistan'da yapılan çalışmada en fazla 11 alleli ve Stenersen M. et. al (2006) Norveç'te yapılan çalışmada 7 alleli sık görülmüştür.

D18S51 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman' ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Nazif H. (2013) Doğu Anadolu Bölgesindeki çalışmasında, Özkorkmaz vd. (2009) ve Cantürk vd. (2017) Türkiye'de yaptığı çalışmada en sık görülen allel 14 olmuştur. Çakır vd. (2002) ve Ülküer vd. (2004) yaptığı çalışmada en sık görülen allel 9 olmuştur. Antoinette A. et. al (2014) Hollanda'daki çalışmada, Rakha et. al (2009) Pakistan'da yapılan çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere'deki çalışmada en sık görülen allel 14 olmuştur. Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada ve Ossmani et. al (2009) Fas'ta yapılan çalışmada en sık görülen allel 16 olmuştur. Bu sonuçlardan farklı olarak Lancia M. et. al (2006) İtalya'da yapılan çalışmada allel 20, Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore'de yapılan çalışmada allel 13 ve Stenersen M. et. al (2006) Norveç'te yapılan çalışmada allel 17 sık görülmüştür.

D5S818 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman' ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada, Nazif H. (2013) Doğu Anadolu Bölgesindeki çalışmasında ve Tokdemir vd. (2016) yaptığı çalışmada en sık görülen allel 12 olmuştur. Ülküer vd. (2004) , Aşıcıoğlu vd. (2002) ve Tuğ vd. (2010) yaptığı çalışmada en sık görülen allel 7 olmuştur. Hedjazi et. al (2013) İran'da yapılan çalışmada, Ossmani et. al (2009) Fas'ta yapılan çalışmada, Antoinette A. et. al (2014) Hollanda'daki çalışmada ve Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada en sık görülen allel 12 olmuştur. Lancia M. et. al (2006) İtalya'da yapılan çalışmada, Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore'de yapılan çalışmada, Rakha et. al (2009) Pakistan'da yapılan çalışmada ve Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere'deki çalışmada en sık görülen allel 11 olmuştur.

FGA lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Bozman' ın (2018) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yaptığı çalışmada 23 alleli, Nazif H. (2013) Doğu Anadolu Bölgesindeki çalışmasında 24 alleli, Tuğ vd. (2010) yaptığı çalışmada 17 alleli ve Ülküer vd. (2004) , Çakır vd. (2003) çalışmalarda 28 alleli sık görülmüştür. Ossmani et. al (2009) Fas'ta yapılan çalışmada, Antoinette A. et. al (2014) Hollanda'daki çalışmada 22 alleli sık görülmüştür. Lancia M. et. al (2006) İtalya'da yapılan çalışmada ve Rakha et. al (2009) Pakistan'da yapılan çalışmada 21 alleli yaygın görülmüştür. Seong Yeon Y. et. al (2011) Kore'de yapılan çalışmada 14.2 alleli ve Stenersen M. et. al (2006) Norveç'te yapılan çalışmada 18 alleli sık görülmüştür.

D1S1656 lokusu için yapılan çalışmalar incelendiğinde; Türkiye popülasyonunda bu bölge için çalışma yapılmadığı görülmüştür. Bununla birlikte Gasona Paul et. al (2021) Afrika Kıtası Ruanda popülasyonunda yapılan çalışmada 14 alleli, Urszula Krzeminska et. al (2021) İngiltere'deki çalışmada 17.3 alleli ve Nelsi Burquette A. et. al (2015) Meksika'da yapılan çalışmada 16 alleli sık görülmüştür.

Elde ettiğimiz bu veriler ışığında; örnek ve kontrol gruplarını birbiri ile mukayese ettiğimizde anlamlı farklılıklar görmüştük. Fakat bu verileri yapılan diğer çalışmalar ile kıyasladığımızda SE33, D7S820, D18S51, FGA ve D1S1656 bölgeleri hariç

tutulursa anlamlı farklılıkların olmadığı, özellikle yakın coğrafyalardan elde edilen bilgiler ile paralellik gösterdiği tespit edilmiştir. Bahsi geçen bölgeler ile heterozigotluk oranının yüksek olduğu ve çeşitliliklerin fazla olduğu bölgeler olması sebebiyle bu anlamlı farklılıkların ortaya çıktığı düşünülebilir. Örnek grubunun küçük ve lokal bir bölge içerisinde yapılmış olmasına rağmen bu çalışma ile ilk defa suçlu profiller değerlendirilmeye alınmıştır. Bu çalışma eldeki veriler ışığında suçlu profillerin ortak bir gen havuzunda toplanmadığını mevcut popülasyonun genetik benzerliklerini taşıdığını göstermiştir.



KAYNAKLAR DİZİNİ

- Ahmetoğlu, D.**, 2023. “Eskişehir Osmangazi Üniversitesi Adli Tıp Anabilim Dalı’na Başvuran Cinsel Saldırı/İstismar Olgularının Değerlendirilmesi”, Eskişehir Osman gazi Üniversitesi Tıpta Uzmanlık Tezi
- Alhmoudi O. A. and Dear J. M.**, 2015, Population genetics data for 21 autosomal STR loci for United Arab Emirates (UAE) population using next generation multiplex STR kit. Forensic Science International: Genetics.19, 190-191.
- Alakoç, Y.** (2010). Adli Bilimlerde DNA Analizi. Ankara Üniversitesi Dikimevi Sağlık Hizmetleri Meslek Yüksekokulu Dergisi, 9(2), 1-8
- Antoinette A. W., Thirsa K., Elizaveta A. Robles de M., Joyce H., Patricia W., Sofia B. Zuniga, Kristiaan J. van der G., Natalie E.C. W., Jeroen W., Manfred K., Titia S., Peter de K.**, 2014, Comparing six commercial autosomal STR kits in a large Dutch population sample. Forensic Science International: Genetics; 10;55-63
- Aşıcioğlu F, Akyüz F, Çetinkaya Ü, Özbek U.**, 2002, Allele distribution data of nine short tandem repeat loci for Turkish population: D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D13S317, D7S820. Forensic Sci Int ; 129 : 75-77
- Bakırcı, Ö.**, 2021, “Suç Sosyolojisi Bağlamında Dünyada Ve Türkiye’de Suç Olgusu Ve Suçun Toplumsal Kaynakları: Kastamonu İli Örneği”. Karabük Üniversitesi Yüksek Lisans Tezi
- Balazs, I.**, 1990, Properties of hypervariable single locus polymorfizms and their application to identity testing.
- Baransel Isir A., Ozkorkmaz A., Pehlivan S.**, 2014, Allel frequencies for 13 STRs loci in Western Anatolia population and their forensic evaluation, Ann. Hum. Biol. 11, 1-4.
- Bozman N.**, 2018, “Güneydoğu Anadolu Bölgesi Popülasyonunda Otozomal STR Lokuslarının Genetik Karakterizasyonu” Gaziantep Üniversitesi Doktora Tezi

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Butler JM, Buel E, Crivellente F, McCord BR.,** 2004, Forensic DNA typing by capillary electrophoresis using the ABI Prism 310 and 3100 genetic analyzers for STR analysis. *Electrophoresis* 25(10-11):1397-412.
- Butler JM.,** 2005, Forensic DNA typing: biology, technology and genetics of STR markers. 2.baskı USA: Elsevier Academic Press
- Butler JM.,** 2010, Fundamentals of Forensic DNA Typing. Fundam. Forensic DNA Typing doi:10.1016/C2009-0-01945-X
- Butler JM.,** 2012, Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology doi:10.1016/C2011-0-04189-3
- 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. *Ann Hum Biol.* 44,149-163.
- Carracedo A. and Sanchez-Diz P.,** 2005, Forensic DNA-Typing Technologies, Methods in Molecular Biology, Elsevier Academic Press, Volume 297, 1-7.
- Clark D, Hadi S, Iyengar A, Smith J, Garg V, Goodwin W.,** 2009, STR data for the ampFISTR SGM plus loci from two South Asian populations. *Legal Medicine*;11: 97 100.
- Çakır AH, Şimşek F, Çelebioğlu A, Taşdelen B.,** 2002, Analysis of the three STR loci (D16S539, D7S820, D13S317) in a population sample of marmara region of Turkey. *Journal of Cell Molecular Biology*; 1: 25-30.
- Çakır AH, Çelebioğlu A, Şimşek F.,** 2002, STR data for the ampFISTR SGM plus from agean region of Turkey. *Forensic Sci Int* 2002; 129: 137-139.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Çakır A. H., Çelebioğlu A., Altunbaş S., Yardımcı E.,** 2003, Allele frequencies for 15 STR loci in Van–Ağrı districts of the Eastern Anatolia region of Turkey. *Forensic Science International*. 135, 60–63.
- Çakır AH, Şimşek F, Katırcı N, Taşdelen B.,** 2004, STR data for the ampFISTR SGM plus from the eastern and western section of mediterranean region of Turkey. *Forensic Sci Int*; 142: 55-57.
- Demir R.**2016, “Suç Haritası Ve İlişkisel Suç Analizi Üzerine Bir Uygulama ”. Fırat Üniversitesi Yüksek Lisans Tezi
- Dokgöz H.,** 2020, Adli Tıp & Adli Bilimler, Akademisyen Kitabevi, Ankara,1-877.
- Dolu, O., Sözer, M. A., Başıbüyük, O., Karakuş, Ö., Geleri, A., & Uludağ, Ş.** 2012. “*Kriminoloji* (1 b.) ”. Eskişehir: T.C. Anadolu Üniversitesi Yayını,
- El Andari A., Othman H., Taroni F., Mansour I.,** 2013, Population genetic data for 23 STR markers from Lebanon. *Forensic Science International: Genetics*. 7(4), 108-113.
- Emniyet Genel Müdürlüğü, Kriminal Daire Başkanlığı,** 2009, Adli DNA Analiz Teknikleri ISBN: 978-975-585-947-7, 3-6
- Erdem Obut M..** 2022. “Cinsel Saldırı Vakalarının Aydınlatılmasında Kullanılmak Üzere Türkiye’deki Kondom İçeriğindeki Lubrikant Profillerinin Belirlenmesi Ve Veri Tabanı Oluşturulması”. Üsküdar Üniversitesi Yüksek Lisans Tezi
- Gasana Paul, et al.,** 2021, Genetic Polymorphism of 24 Autosomal STR in the Population of Rwanda. *Biochemical genetics*; doi:10.1007/s10528-021-10067-6
- Gettings KB, Aponte RA, Vallone PM. and Butler JM.,** 2015, STR allele sequence variation: Current knowledge and future issues. *Forensic Sci. Int. Genet.*18: 118–130
- Glover KA et al.,** 2010, A comparison of SNP and STR loci for delineating population structure and performing individual genetic assignment. *BMC Genet.* 11, 2

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Haeberle E.J.** Cinsel Atlas. Akın M, Çev.Ed, 1. Baskı, İstanbul: Say Yayınları, 1993:276.
- Hedjazi A., Nikbakht A., Hosseini M., Hoseinzadeh A., Vahid Hosseini S. M.** 2013, Allele frequencies for 15 autosomal STR loci in Fars province population, southwest of Iran. Legal Medicine. 15, 226–228.
- Hersekli İ.**, 2022, “Cinsel Saldırı Sonrası Elde Edilen Karışık Haldeki Biyolojik Örneklerin Ftır İle Kimliklendirilmesi”. Üsküdar Üniversitesi Yüksek Lisans Tezi
- Hodge R.**, 2010, Human Genetics: Race, Population, and Disease. Infobase Publishing
<https://strbase.nist.gov>
<https://www.javatpoint.com/dna-structure>
<https://www.istockphoto.com/tr/vekt%C3%B6r/cell-chromosome-dna-and-gene-gm506992506-84490151>
<https://www.forensicdjs.com/an-introduction-to-the-basics-of-dna-testing>
- İçli, T.**, 2007. *Kriminoloji*. Ankara: Seçkin Yayıncılık San. ve Tic. A.Ş.
- Kalaoğlu E.**, 2019, “12 X-Str Lokusunun Adli Etkinlik Değerlerinin Araştırılması” Çukurova Üniversitesi Uzmanlık Tezi
- Kashyap VK, Sitalaximi T, Chattopadhyay P. and Trivedi R.**, 2004, DNA Profiling Technologies in Forensic Analysis. Int. J. Hum. Genet. 2004; 4:11–30
- Klug WS. and Cummings MR.**, 2011, Genetik Kavramlar. Öner C. (Çeviren), s.618-620, İstanbul, Palme Yayıncılık
- Kimpton CP et al.**, 1993, Automated DNA profiling employing multiplex amplification of short tandem repeat loci. PCR Methods Appl. 1993; 3: 13–22

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Lancia M, Coletti A, Mrgiotta G, Lottanti L, Carnevali E, Bacci M., 2006,** Allele frequencies of 15 STR loci in an Italian population. International Congress Series;1288: 340-342.
- Lewin B., 1997,** Simple Sequence DNA. Genes V1. Chapter 25, Oxford University Press
- Litt M. and Luty JA., 1989,** A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. Am. J. Hum. Genet. 1989; 44: 397–401
- Möller A, Meyer E, Brinkmann B., 1994,** Different types of structural variation in STR's: HumFES/FPS, HumVWA and HumD21S11. Int J Leg Med. 106, 319-23
- Nelsi B.A, Braulio M.D.L.C., Rafael C.M., Santana C., Noris G., López-Bayguen E., Arellano- Galindo J., Majluf-Cruz A., Meraz-Ríos M.A. and Gómez R., 2015,** Forensic-paternity effectiveness and genetics population analysis of six non-CODIS mini-STR loci (D1S1656, D2S441, D6S1043, D10S1248, D12S391,D22S1045) and SE33 in Mestizo and Amerindian populations from Mexico. Annal of humans biology; doi: 10.3109/03014460.2015.1127424
- Nelson DL. and Cok MM., 2005,** Lehninger Biyokimyanın İlkeleri, Kılıç N. (çeviren), Ankara, Palme Yayıncılık
- Nussbaum RL, McInnes RR, Willard HF., 2007,** Genetic variation in individuals and population: mutation and polymorphism. Thompson and Thompson Genetics in Medicine. 7th Edition, Philadelphia: Saunders Elsevier, 175-199
- Ossmani H, Talbi J, Bouchrif B, Chafik A., 2009,** Allele frequencies of 15 autosomal STR loci in Morocco population with phylogenetic structure among worldwide populations. Legal Medicine; 11: 155-158

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Ozkorkmaz A., Baransel Isir A., Pehlivan S., Gökalp Ozkorkmaz E.,** 2009, Forensic value of ten Short Tandem Repeat loci in Turkey compared to other ethnic groups,.BJMG. 12/1, 69-72.
- Rakha A., Yu B., Hadi S., Sheng-bin L.,** 2009, Population genetic data on 15 autosomal STRs in a Pakistani population sample. Legal Medicine. 11, 305–307
- Robertson J, Ross AM, Burgayne LA.,** 1990, DNA in forensic science: theory, techniques and applications. 3. baskı Longooddon: Ellis Howard Ltd.
- Roewer L, Kayser M, Dieltjes P, Nagy M, Bakker E, Krawczak M, Knijff P.,** 1996, Analysis of molecular variance (AMOVA) of Y-chromosom-specific microsatellites in two closely related human populations. Human Moleküler Genetics. 5, 1029-1033
- Seong Y.Y., Nam S.C., Myung J.P., Ki Min S., Jung H.H.,Seok B.S., Myun S.H., Won T.L. and Ki W.C.,** 2011, A Large Population Genetic Study of 15 Autosomal Short Tandem Repeat Loci for Establishment of Korean DNA Profile Database.Moleculers and cells:32, 15-19
- Serin, A., Alper, B. ve Dag, H.,** 2002, Adli amaçlı kullanılan DNA polimorfizmleri ve tiplendirme teknikleri. Adli Tıp Dergisi,16(2-4), 72-81
- Sohtorik Ö. T.,** 2019, “Yeni 10 Str Lokusunun (D7s1517, D3s1744, D12s391, D2s1360, D6s474, D4s2366, D8s1132, D5s2500, D21s2055, D10s2325) Türkiye’deki Gen Sıklığının Belirlenmesi”. İstanbul Üniversitesi Yüksek Lisans Tezi
- Stenersen M, Perchla D, Dupuy BM.,** 2006, Norwegian population data for 15 autosomal STR loci. International Congress Series; 1288: 372-373.
- Strachan T. and Andrew R.,** 2010, Human Molecular Genetics. Fourth Edition, Oxford Univ Press
- Tokdemir M., Tunccez F.T., Vicdanli N.H.,** 2016, Population Genetic data for 15 Autosomal STR markers in Eastern Turkey. Gene. 586, 36-40.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Tuğ A., Erkol Z., Çetinyürek A., Doğan Alakoç Y., Elma C., Büken B., Erkol H.,** 2010, Allele distribution data for 16 short tandem repeat loci in Bolu. Turk J Med Sci. 40 (4), 659-664.
- Urszula K., 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
- Ülküer Ü, Kurtuluş-Ülküer M, Elma C, Kesici T, Menevşe S.,** 2004, Short tandem repeat polymorphism in Turkish population. J Genet; 83: 197-199.
- Vicdanlı N.H.,** 2013, “Elazığ Ve Çevre İllerin Populasyonuna Ait 15 STR Lokusları İçin Alel Frekansları Dağılımının İncelenmesi”. Elazığ Üniversitesi Uzmanlık Tezi
- Warburton P. E., Hasson D., Guillem F., Lescale C., Jin X., Abrusan G.,** 2008, Analysis of the largest tandemly repeated DNA families in the human genome. BMC Genomics. 9, 533
- Williams LN.,** 2013, An introduction to forensic genetics. General Dentistry 61

TEŞEKKÜR

Yüksek lisans tez çalışmalarım boyunca, danıştığım her konuda değerli bilgi birikimini, düşüncelerini, görüşlerini hoşgörü ve tüm içtenliği ile bana aktaran, kıymetli danışman hocam Sayın Prof. Dr. Afig BERDELİ'ye, desteğini her zaman hissettiğim, lisans ve yüksek lisans çalışmalarımda beni her daim yüreklendiren ve manevi desteğini esirgemeyen, hayatımın her aşamasında yanımda olan kıymetli Eşim Akif BAZ başta olmak üzere, Kız kardeşim Melisa ÇAKMAK'a ve İzmir Bölge Kriminal Polis Laboratuvarında ki değerli mesai arkadaşlarıma en içten teşekkürlerimi bir borç bilirim.

26/07/2024

İmzası

Cansev BAZ

ÖZGEÇMİŞ

- Sivas Anadolu Lisesi (2007-2009)
- Şırnak Anadolu Lisesi (2009-2011)
- İnönü Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü (İngilizce) (2011-2016)
- Polis Akademisi İlk Derece Amirlik Eğitimi (2016-2017)
- Polis Akademisi Güvenlik Bilimleri Enstitüsü Tezsiz Yüksek Lisans Programı (2026-2017)
- İzmir Bölge Kriminal Polis Laboratuvarı Müdürlüğü (2017-)
- Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoteknoloji Anabilim Dalı (2019-2024)