

T.C
FIRAT ÜNİVERSİTESİ
TIP FAKÜLTESİ
ADLİ TIP ANABİLİM DALI

DOĞU ANADOLU BÖLGESİ POPÜLASYONUNUN 15
OTOZOMAL STR LOKUS VERİLERİNİN
DEĞERLENDİRİLMESİ

UZMANLIK TEZİ
Dr. Ferhat Turgut TUNÇEZ

TEZ DANIŞMANI
Prof. Dr. Mehmet TOKDEMİR

ELAZIĞ

2016

DEKANLIK ONAYI

Prof. Dr. Murad ATMACA

DEKAN

Bu tez Uzmanlık Tezi standartlarına uygun bulunmuştur.

Prof. Dr. Mehmet TOKDEMİR

Adli Tıp Anabilim Dalı Başkanı

Tez tarafınızdan okunmuş, kapsam ve kalite yönünden Uzmanlık Tezi olarak kabul edilmiştir.

Danışman

Prof. Dr. Mehmet TOKDEMİR _____

Uzmanlık Tezi Değerlendirme Jüri Üyeleri

Prof. Dr. Mehmet TOKDEMİR _____

Prof. Dr. Osman CELBİŞ _____

Yrd. Doc. Dr. Abdurrahim TÜRKOĞLU _____

TEŐEKKÜR

Çalıőmalarım süresince daima eđitici, öđretici, yol gösterici olan hiçbir zaman hoőgörüsünü esirgemeyen ve yetiőmemde büyük emeđi geçen Adli Tıp Anabilim Dalı Başkanım ve tez danıőmanım saygıdeđer hocam Prof. Dr. Mehmet TOKDEMİR ile bilgi ve birikimini benimle paylaşan Yrd. Doç Dr. Abdurrahim TÜRKOĐLU'na,

Uzmanlık eđitim sürecimi birlikte paylaőtığım Dr. Nazif Harun VİCDANLI, Dr. Turgay BÖRK ve asistan arkadaşlarım Dr. Nevin CAVLAK, Dr Kerem SEHLİKOĐLU, Dr. Muhammet BATBAŐ ile Anabilim Dalı sekreteri İnci HOROZ'a,

Beni en iyi őekilde yetiőtirerek bugünlere getiren, desteđini benden hiç esirgemeyen aileme ve her zaman yanımda olan canım eőim Dr. Ayőe TUNÇEZ'e sonsuz teőekkür ederim.

ÖZET

Bu tez çalışmasında; Doğu Anadolu Bölgesi popülasyonuna ait 15 STR lokusunun allel sıklıklarının belirlenerek genetik polimorfizimin gösterilmesi ve diğer popülasyonlarla karşılaştırılması amaçlandı.

Çalışmada; Fırat Üniversitesi Adli Tıp Anabilim Dalı DNA Laboratuvarında nesep tayini ve adli olayların çözümü için gönderilen örnekler üzerinden elde edilen 802 bireye ait DNA verileri etik onayı alınarak incelendi. Doğu Anadolu Bölgesinin popülasyon genetiğini saptamak için insan DNA'sının 15 Otozomal STR Lokusu (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S53S, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA) baz alınarak allel sıklıkları bulunarak ülkemiz ve diğer ülkelerin popülasyonlarıyla karşılaştırıldı. Tüm genotip verilerinin allel frekansları, Hardy-Weinberg (HW) dengesine uyumu, heterozigotluk (h) ve homozigotluk (H) oranları, dışlama gücü (PE), ayırım gücü (PD), uyuşma olasılığı (PM), tipik babalık indeksi (TPI), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluk değerleri dikkate alınarak standart χ^2 analizi ile ($p>0,05$) kontrol edilip, HW dengesiyle uyumlu olup olmadığına bakıldı.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değerlerinin en yüksek D2S1338 (0.85287) lokusunda, en düşük TPOX (0.67332) lokusunda izlendi. Allel frekanslarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine göre uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P değeri ($p<0,05$) dikkate alınarak kontrol edildi ve bir lokus hariç tüm lokusların HW eşitliğine uyduğu tespit edildi. Sadece D2S1338 lokusu için P değeri 0.00867 olarak saptandı. P değeri $p<0,05$ olduğu için Bonferroni düzeltmesi ($\alpha=0,05/15=0,00333$) uygulandıktan sonra P değerinin ($p>0,0033$) Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyduğu gözlemlendi.

Ülkemiz ve diğer ülke popülasyonları incelenerek bölgemiz popülasyonu ile karşılaştırıldığında; Doğu Anadolu Bölgesi ile Türkiye ve komşu ülke popülasyonlarının (Azerbaycan, KKTC, İran, Irak ve Yunanistan) allel frekanslarının benzer olduğu tespit edildi. Bölgemiz popülasyonuna genetik mesafe açısından en uzak popülasyonların ise Arjantin, Güney Afrika, Çin ve Japonya olduğu görüldü.

Sonuç olarak; kombine ayırlama gücü (0.9999999999999999861) ve kombine dışlama gücü (0.99999759) değerlerinin çok yüksek bulunması nedeniyle incelediğimiz 15 STR lokusunun bölgemiz için nesep tayininde ve adli olayların aydınlatılmasında çok kullanışlı olduğunu göstermektedir. Çalışmamız Doğu Anadolu Bölgesinin tamamını yansıtan ilk çalışma olması ve incelenen birey sayısının fazlalığı (802 kişi) nedenleriyle literatüre önemli bir katkı sağlayacağı kanaatine varıldı.

Anahtar Kelimeler: STR, Doğu Anadolu Bölgesi, Adli DNA, Allel frekansı



ABSTRACT

**POPULATION GENETIC DATA FOR 15 AUTOSOMAL STR MARKERS IN
EASTERN TURKEY**

In this study, the frequency of 15 STR loci alleles from the population of Eastern Anatolia Region was determined, genetic polymorphism are showed, and results are compared with other populations.

In our study, DNA data from 802 individuals, obtained from the samples of paternity determination and forensic cases in DNA Laboratory (Department of Forensic Firat University), were examined by the ethical approval. Eastern Turkey population DNA data were examined for the 15 autosomal STR loci (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, and FGA). Allelic frequency data and key statistical parameters of forensic interest [Expected Heterozygosity (He)/Observed Heterozygosity (Ho), Power of Discrimination (PD), Matching Probability (pM), Polymorphic Information Content (PIC), Power of Exclusion (PE), and Typical Paternity Index (TPI)] were calculated. Allele frequencies from the tested population were compared with data for other populations with P-value of exact test for Hardy–Weinberg equilibrium.

All loci showed a high degree of genetic polymorphism, with observed heterozygosity (Ho) ranges from 0.67332 (TPOX) to 0.85287 (D2S1338). Allele frequencies and statistical evaluations of the 15 autosomal STR loci are reported. We observed no departure from HWE expectations, except for D2S1338 ($p = 0.00867$). However, these departures were no longer significant after Bonferroni correction. All loci showed a high degree of genetic polymorphism, with observed heterozygosity (Ho) ranges from 0.67332 (TPOX) to 0.85287 (D2S1338)

Our country and other countries when compared with the populations of our population examined; Eastern Anatolia Region of Turkey and the populations of neighboring countries (Azerbaijan, Cyprus, Iran, Iraq and Greece) were found to be similar allele frequencies. Our region and remote populations from Argentina, South Africa, China and Japan was seen distant for genetic distance

As a result, the combined power of discrimination (PD) for 15 loci is 0.9999999999999999861 and the combined probability of exclusion (PE) for 15 loci is 0.99999759. These results indicate that all the loci are highly polymorphic and they could be used in determination of identity. Our study provide an important contribution to the literature because it is the first study that reflects all of Eastern Anatolia Region and it analyzes an excessive number of individuals (802 people).

Keywords: STR, Eastern Anatolia Region, Forensic DNA, Allele frequencie



İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa No</u>
BAŞLIK SAYFASI	i
ONAY SAYFASI	ii
TEŞEKKÜR	iii
ÖZET	iv
ABSTRACT	vi
İÇİNDEKİLER	viii
TABLO LİSTESİ	x
ŞEKİL LİSTESİ	xii
KISALTMALAR	xiii
1. GENEL BİLGİLER	1
1.1. Amaç	1
1.2. Adli Genetik Çalışmalarının Tarihi Gelişimi	3
1.3. DNA ve Yapısı	4
1.4. Kromozom ve Yapısı	6
1.5. İnsan Genomu	8
1.5.1. Gen Dışı (Ekstragenik) DNA Tekrarları	9
1.5.2. Genler İle İlgili DNA Dizileri	10
1.6. STR Lokuslarının İsimlendirilmesi	11
1.6.1. Uluslararası Standart STR Bölgeleri	13
1.6.2. Adli Bilimlerde Kullanılan Genetik Belirteçlerin Özellikleri	14
1.7. Mikrosatellit (STR) Lokusları	14
1.7.1. D8S1179 Lokusu	15
1.7.2. D21S11 Lokusu	16
1.7.3. D7S820 Lokusu	17
1.7.4. CSF1PO Lokusu	17
1.7.5. D3S1358 Lokusu	18
1.7.6. THO1 Lokusu	19
1.7.7. D13S317 Lokusu	19
1.7.8. D16S539 Lokusu	20
1.7.9. D2S1338 Lokusu	21
1.7.10. D19S433 Lokusu	21
1.7.11. vWA Lokusu	22
1.7.12. TPOX Lokusu	23
1.7.13. D18S51 Lokusu	23
1.7.14. D5S818 Lokusu	24
1.7.15. FGA Lokusu	25

	<u>Sayfa No</u>
1.8. Popülasyon Genetiği	25
1.8.1. Hardy-Weinberg Kanunu	26
1.8.2. Hardy-Weinberg Dengesinin İstatiksel Olarak Hesaplanması	27
1.8.3. Hardy-Weinberg Dengesini Bozan Etmenler	27
1.8.4. Hardy - Weinberg Dengesine Akraba Evliliklerinin Etkiler	28
1.9. Adli Bilimlerde DNA Analiz Yöntemleri	29
1.9.1. DNA İzolasyonu	29
1.9.2 PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)	30
1.9.3. Kapiller Elektroforez	32
1.9.4. STR Lokus Allellerinin Belirlenmesi	34
2. GEREÇ VE YÖNTEM	35
3. BULGULAR	37
3.1. D8S1179 Lokusu	37
3.2. D21S11 Lokusu	38
3.3. D7S820 Lokusu	39
3.4. CSF1PO Lokusu	40
3.5. D3S1358 Lokusu	41
3.6. TH01 Lokusu	42
3.7. D13S317 Lokusu	43
3.8. D16S539 Lokusu	44
3.9. D2S1338 Lokusu	45
3.10. D19S433 Lokusu	47
3.11. vWA Lokusu	48
3.12. TPOX Lokusu	49
3.13. D18S51 Lokusu	50
3.14. D5S818 Lokusu	51
3.15. FGA Lokusu	52
4. TARTIŞMA	59
5. KAYNAKLAR	84
6. EKLER	93
7. ÖZGEÇMİŞ	94

TABLO LİSTESİ

	<u>Sayfa No</u>
Tablo 1. D8S1179 lokusuna ait bilgiler	16
Tablo 2. D21S11 lokusuna ait bilgiler	16
Tablo 3. D7S820 lokusuna ait bilgiler	17
Tablo 4. CSF1PO lokusuna ait bilgiler	18
Tablo 5. D3S1358 lokusuna ait bilgiler	18
Tablo 6. TH01 lokusuna ait bilgiler	19
Tablo 7. D13S317 lokusuna ait bilgiler	20
Tablo 8. D16S539 lokusuna ait bilgiler	20
Tablo 9. D2S1338 lokusuna ait bilgiler	21
Tablo 10. D19S433 lokusuna ait bilgiler	22
Tablo 11. vWA lokusuna ait bilgiler	22
Tablo 12. TPOX lokusuna ait bilgiler	23
Tablo 13. D18S51 lokusuna ait bilgiler	24
Tablo 14. D5S818 lokusuna ait bilgiler	24
Tablo 15. FGA lokusuna ait bilgiler	25
Tablo 16. D8S1179 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	37
Tablo 17. D21S11 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	38
Tablo 18. D7S820 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	39
Tablo 19. CSF1PO Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	40
Tablo 20. D3S1358 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	41
Tablo 21. TH01 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	42

	<u>Sayfa No</u>
Tablo 22. D13S317 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	43
Tablo 23. D16S539 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	44
Tablo 24. D2S1338 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	45
Tablo 25. D19S433 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	47
Tablo 26. vWA Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	48
Tablo 27. TPOX Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	49
Tablo 28. D18S51 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	50
Tablo 29. D5S818 Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	51
Tablo 30. FGA Lokusu Allel Verileri ve İstatiksel Parametreler	52
Tablo 31. Doğu Anadolu Bölgesinde 802 Bireye Ait 15 STR Lokusu Allel Frekansları	55
Tablo 32. Doğu Anadolu Bölgesinde 802 Bireye Ait 15 STR Lokusu İstatiksel Parametreler	56
Tablo 33. Doğu Anadolu Bölgesi Popülasyonu ile Türkiye ve Diğer Ülke Popülasyonlarının Karşılaştırılması	57
Tablo 34. Doğu Anadolu Bölgesi ile Türkiye ve Diğer Ülke Popülasyonları Arasındaki Genetik Mesafenin FST Testi ile Hesaplanması	58

ŞEKİL LİSTESİ

	<u>Sayfa No</u>
Şekil 1. DNA'nın Çift Sarmal Yapısı	5
Şekil 2. Kromozomun Yapısı	7
Şekil 3. İnsan Genom Organizasyonunun Şematik Özeti	8
Şekil 4. DNA Dizisindeki Genetik Varyasyonların Şematik Sunumu	11
Şekil 5. Basit STR Lokusunun Görüntüsü	12
Şekil 6. Bileşik STR Lokusunun Görüntüsü	12
Şekil 7. Kompleks STR Lokusunun Görüntüsü	12
Şekil 8. Çalışmamızda Kullanılan STR Lokuslarının Kromozomlar Üzerindeki Yeri	15
Şekil 9. PCR Kullanılarak DNA Molekülünün Amplifikasyon Basamakları	31
Şekil 10. Kapillerelektroforez (CE) Yöntemi	32
Şekil 11. STR Lokuslarının Size Standart Eşliğinde Yürütülerek Allelic Leader Basamağı İle Okunması	33
Şekil 12. STR Allellerini Belirlenmesi	34
Şekil 13. D2S1338 Lokusunda Allelic Leaderda Bulunmayan, Çalışmamızda Tespit Etiğimiz 14 Allelini Gösteren Electropherograms	45

KISALTMALAR LİSTESİ

A: Adenin

Bp: Baz çifti

C: Sitozin

CE: Kapiller elektroforez

CODIS: Combined DNA Index System (Birleşik DNA indeks sistemi)

DNA: Deoksiribonükleik asit

G: Guanin

h: Heterozigotluk

H: Homozigotluk

He: Expected Heterozygosity (Beklenen heterozigotluk)

Ho: Observed Heterozygosity (Gözlenen heterozigotluk)

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

PCR: Polymerase Chain Reaction (Polimeraz zincir reaksiyonu)

PD: Power of Discrimination (Ayrımlama gücü)

PE: Power of Exclusion (Dışlama gücü)

PIC: Polymorphism Information Content (Polimorfik bilgi içeriği)

PM: Matching Probability (Uyuşma, karşılaşma olasılığı)

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

RFLP: Restriction Fragment Length Polymorphism (Parçacık uzunluk polimorfizmi)

RNA: Ribonükleik asit

SNP: Single Nucleotide Polymorphisms (Tek nükleotid polimorfizmi)

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

T: Timin

TPI: Typical Paternity Index (Tipik babalık indeksi)

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

1. GENEL BİLGİLER

1.1. Amaç

Adli bilimlerde; olay yerinden toplanan biyolojik örneklerin (kan, kan lekesi, semen, semen lekesi, tükürük, tükürük lekesi kıl, kemik vs.) kimliklendirilmesi ve babalık-akrabalık ilişkilerinin belirlenmesi DNA analizleriyle yapılmaktadır (1-3). 1985 yılında Alec Jeffreys'in DNA molekülünde minisatellit denilen polimorfizm şeklini keşfetmesinden sonra adli bilimlerde DNA kullanımı hızla gelişmiştir. DNA baz dizini üzerinde yapılan çalışmalar DNA'nın çok yüksek oranda polimorfizme sahip olduğunu göstermektedir (4, 5).

İnsanlarda atasal kalıtım gösteren deoksiribonükleik asit (DNA) dizileri arasındaki farklılıklar çeşitli mutasyonların uzun yıllar boyunca birikimi sonucu oluşmuştur. Günümüze kadar belirlenen bu farklılıklar, insanların genetik geçmişinin tarihine ve akrabalıklarına ışık tutacak düzeydedir (6). Toplumlarda normal kişilerde genomik DNA'nın tek baz çiftlik pozisyonunda farklı alternatiflerinin (allel) bulunmasına polimorfizm denir (7). Bir popülasyonda mevcut olan mutant veya varyant genler %1'den fazla sıklıkta bulunuyorsa, buna genetik polimorfizm denir. Genetik polimorfizm ardışık mutasyonlar sonucunda meydana gelir. Bu doğal farklılıklar kuşaktan kuşağa Mendel yasalarına göre aktarılırlar. Allel sayısı arttıkça toplumda o gen için polimorfizm artar (7-9).

Adli bilimlerde DNA analizlerinin uygulanmaya başlandığı ilk dönemlerde kullanılan lokusların ayırım gücünün az olması, ayırım gücü yüksek olanların ise iyi kalitede (parçalanmamış) fazla miktarda (300-500 ng) DNA'ya ihtiyaç duymaları ve analiz sürelerinin uzattığından dolayı yeni sistemlerin araştırılması şart olmuştur. Bu çalışmalar neticesinde de STR lokusları geliştirilmiştir. STR lokuslarının allel büyüklüklerinin 350 bp'den (baz çiftinden) küçük olması, eski ve iyi korunmamış biyolojik örneklerde tipleme yapılabilmesi, otomasyon ve çoklu analize imkan vermesi ayrıca pahalı donanım gerektirmemesi bu lokusların adli bilimlerde ideal genetik işaretler olmalarını sağlamıştır (10-12).

Deoksiribonükleik asit (DNA) molekülünün baz dizisinin tümü protein üretiminden sorumlu değildir, protein kodlayan kısım tüm genomun %3'ü kadardır, geri kalan kısım ise protein kodlaması gerçekleştirmez, kodlama yapmayan

bölgelerin fonksiyonlarının ne olduğu henüz tam olarak bilinmemektedir. Aşırı değişkenlik gösteren bu bölgelerin polimorfizmlerinin sebebi delesyon, insersiyon, nokta mutasyonları ve ardışık tekrar eden dizinlerdir (5, 13). Bütün insanlar aynı tip tekrarlara sahiptir, ancak tekrar sayıları bireyler arasında farklılık göstermektedir. Bu tür polimorfizm, ardışık tekrar eden dizi sayısının büyüklüğüne göre 3-5 baz çifti uzunluğunda tekrar ünitelerinden oluşan mikrosatellitler (STR=Short Tandem Repeat) ve 7-100 baz çifti uzunluğunda tekrar ünitelerinden oluşan minisatellitler (VNTR=VariableNumber of Tandem Repeat) olarak ikiye ayrılırlar (5, 13).

Adli amaçlı kullanılan STR lokusları genellikle farklı kromozomlar üzerinde ya da aynı kromozomda, ancak birbirinden uzak bölgelerde bulunurlar. STR lokusları adli bilimler alanında olgu aydınlatma açısından çok önemlidir. Bir genetik işaretin kişi identifikasyonunda kullanılabilirliğini ölçmek için çeşitli parametrelerden (dışlama gücü, uyuşma olasılığı, ayırtma gücü, heterozigotluk oranı vs.) faydalanılır. STR lokusları aracılığıyla genotipin belirlenmesi 4 basamaktan oluşmaktadır. Bu basamaklar; DNA izolasyonu, PCR, elektroforez, verilerin elde edilmesi ve değerlendirilmesi şeklinde sıralanabilir (14).

Bu çalışmamızda Doğu Anadolu Bölgesi popülasyonuna ait 15 STR lokusunun genotipleri belirlendi ve tüm genotip verilerin allel frekansları, heterozigotluk (h) ve homozigotluk (H) oranları, dışlama gücü (PE), ayırım gücü (PD), uyuşma olasılığı (PM), polimorfik bilgi içeriği (PIC), tipik babalık indeksi (TPI), P değeri, gözlenen (H_o) ve beklenen (H_e) değerleri, Hardy-Weinberg (HW) dengesine uyumlu olup olmadığına bakıldı ve daha önce Türkiye'de çalışılmış popülasyonlara ait veriler ve dünyada diğer ırklara ait popülasyon verileri ile karşılaştırılıp, benzerlik ve farklılıklar istatistiksel olarak tablolar halinde verilerek sonuçlar değerlendirilmiştir. Bu tez çalışmasında; Doğu Anadolu Bölgesinin STR allel sıklığını yansıtması nedeniyle ileride yapılacak benzer popülasyon çalışmalarına katkı sağlanması ve bu bölge popülasyonunun genetik polimorfizmin gösterilmesi amaçlanmıştır.

1.2. Adli Genetik Çalışmalarının Tarihi Gelişimi

Kimliklendirme ve babalık arařtırmalarında 1900’lü yılların bařından itibaren öncelikle kan grupları (eritrosit antijenleri) ardından eritrosit enzimleri, serum proteinleri, hemoglobın ve lökosit antijenleri (HLA) düzeyinde ifade edilen genetik varyasyonlardan faydalanılmıřtır. Bunları incelemek için kullanılan yöntemler proteinlerin elektroforetik ayırımına ve antijenlerin immünolojik reaksiyonların dayanmaktadır (4, 15).

1901 tarihinde Karl Landsteiner insan kanlarının kiřiden kiřiye farklılık gösterdiğini (A,B,O grupları) keřfetmiřtir. 1904 yılından bu yana kan, semen, kıl ve diđer biyolojik materyallerin analizleriyle bireylerin kimliklendirilmesi yapılmaktadır (16, 17). Alexander Wiener 1940 yılında Rh sistemini bulmuř, daha sonra MN, Ss, Kell, Dufy, Kidd gibi genetik olarak birbirlerinden bağımsız 15 kan grubu sistemi kullanılmıřtır. Kandan kimliklendirme yapılabilmesi için 1985’lere kadar kan grupları, kandaki proteinler ve enzimler kullanılmıřtır (18).

1980’li yıllarda moleküler genetik alanında gerçekleřtirilen ilerlemelerle polimorfik özellikler direkt olarak DNA düzeyinde incelenmiřtir. İnsan genomunda bulunan yaklaşık 3 milyar baz çifti, her biri farklı lokuslarda yer alan 50,000-100,000 geni kodlamaktadır. Genlerin çođu ayrıca “allel” olarak adlandırılan birkaç farklı formda görölmektedir. Bu řekilde polimorfizm gösteren bir gen için her birey, biri baba diđer anneden aktarılan iki farklı allel bulundurmaktadır. Bir popölasyon aynı gen için çok sayıda allele sahip olabilmektedir. Bu genetik polimorfizm adli amaçlı kullanılan DNA analizlerinin temel yapı tařını oluřturmaktadır (3).

Variable number of tandem repeat (VNTR) lokuslarındaki polimorfizm, bireyler arasında belli bir baz dizisinin art arda tekrar eden varyasyonlarından meydana gelmektedir. VNTR lokuslarında tekrarlanan baz dizisi 6-30 ya da daha fazla sayıda bulunmaktadır. Bu lokuslar, çok sayıda allele sahip oldukları için bireyleri birbirinden ayırt etme güçleri yüksektir. VNTR lokusları 1980’li yıllarda radyoaktif iřaretlemeye dayalı RFLP (Restriction Fragments Length Polymorphism) analiz yöntemi ile kullanılmaktaydı. Bu yöntem duyarlı ve kesin sonuçlar vermesine rađmen sađlıđa olan zararlarından dolayı günümüzde büyük ölçüde radyoaktiviteden uzaklařılarak floresan ađırlıklı iřaretlemeye dayalı yöntemler kullanılmaktadır (3, 4, 19-21).

1985 yılında Kary Mullis tarafından nükleik asit dizilerini çoğaltabilen polimeraz zincir reaksiyonunun (PCR) tanımlanmasıyla birlikte çok küçük miktarlardaki materyallerden DNA analizi yapılmaktadır. PCR ilk defa aynı yıl R. Saiki, K. Mullis ve arkadaşları tarafından orak hücre anemisinin tanısının konulmasında uygulamaya sokulmuştur. 1993 yılında bu çalışma Kary Mullis'e Nobel ödülünü kazandırmıştır. 1990'larda PCR'ye dayalı yöntemlerin kullanılmaya başlanmasıyla, DNA miktarı daha önceki yöntemlerde yeterli olmayan tek bir kıl, sperm ve epitel hücresinden DNA elde edilebilmiştir (3, 22). Özellikle kısa art arda tekrarlanan baz dizisi içeren STR lokuslarının PCR ile çoğaltılarak incelenmesi adli amaçlı DNA analizinde yeni bir dönemin başlatmıştır. STR lokuslarının, genomda sayılarının fazla oluşu, yüksek oranda polimorfizm göstermeleri ve inceleme kolaylığı STR'lerin adli bilimlerde ideal genetik işaretler olmalarını sağlamıştır (10, 11). 1991 yılında Edwards ve arkadaşlarının STR lokuslarının analizi ilk kez tanımlanmıştır. O yıllardan günümüze kadar kısa bir süre içerisinde geniş kullanım alanı bulmuş ve birbiri ardına çok sayıda yeni STR lokusu tanımlanmıştır (23).

1.3. DNA ve Yapısı

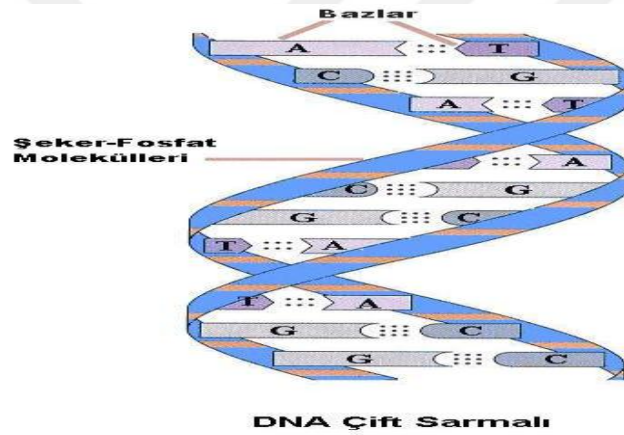
Canlıların metabolizma, büyüme ve çoğalabilme yeteneğine sahip en küçük parçasına hücre denir (23). Hücrelerin moleküler biyolojisi tüm biyolojik bilimlere temel olmasının yanında özellikle insan genomunun diziliminin tamamlanmasıyla birlikte hücre ve moleküler biyolojideki gelişmeler tıp dünyasında yeni uygulama alanları oluşturmuştur (24). İnsan genomu, tüm genetik bilgiyi yapısında bulunduran büyük miktarda kimyasal deoksiribonükleikasitten (DNA) meydana gelir (25).

İnsan genomunu oluşumuna katılan DNA molekülleri çok uzun nükleotit polimerleridir. Nükleotitler, deoksiriboz olarak bilinen şeker, fosfat grubu ve azotça zengin pürin ve pirimidin bazlarından oluşan bir yapıdır. DNA'da iki adet pürin (adenin ve guanin) ve iki adet pirimidin (sitozin ve timin) bazları yer almaktadır. Bazlar şekerlere bağlanarak nükleozidler oluştururlar. Nükleotitler ise nükleozid şekerlerin 5' karbonlarına bağlı bir ya da daha fazla fosfat grupları içeren yapılardır (24).

Nükleotitlerin nükleik asitleri oluşturmak üzere polimerleşmesi, bir nükleotitin 5' fosfatı ile diğerinin 3' hidroksil grubu arasında fosfodiester bağlarıyla oluşur. Polinükleotitler daima 5'- 3' yönünde sentezlenirler; büyüyen zincirin 3'

hidroksil (OH) grubuna serbest nükleotit eklenir ve DNA baz dizilimi 5'- 3' yönünde belirtilir. DNA moleküllerindeki genetik bilgi ise polimer boyunca yer alan bazların dizilim şeklinde saklıdır (24).

Deoksiribonükleik asit (DNA) molekülleri şeker fosfat omurgasından oluşan iki zincirin bir eksen etrafında sarılması ile meydana gelir. Buna çift sarmal (double helix) yapı denir. İki iplik birbirinin aynısı olmayıp birbirini tamamlayıcı yapıdadır (Şekil 1). DNA'nın replikasyon, transkripsiyon, tamir gibi fonksiyonları çift sarmal şekli sayesinde gerçekleşir. Replikasyon sırasında çift iplikli DNA moleküllerinin iplikleri ayrılıp her biri yeni molekülün sentezi için kalıp olarak kullanılır. Sonunda atasal molekülün eşdeğeri olan iki çift iplikli DNA oluşur. Mitoz ve mayoz bölünmeler sırasında replikasyon devamlı olarak meydana gelir (25).



Şekil 1. DNA'nın Çift Sarmal Yapısı (29).

İnsan organizmasının tüm yapı ve fonksiyonları için gerekli olan proteinlerin yapı ve miktarını DNA'nın baz diziliminde saklı olan genetik bilgi belirlerler. Genetik bilgi akışı DNA >mRNA> Protein şeklinde ortaya çıkar. Bu akış "santral doğma" olarak adlandırılır ve Retrovirus"lar hariç tüm canlılar için aynı mekanizma geçerlidir. DNA'daki bilginin mRNA'ya aktarılmasına "transkripsiyon", bu bilginin aminoasit dizisine dönüştürülmesi ise "translasyon" denir. Genetik bilgi DNA zinciri boyunca yer alan bazların diziliminde saklanmasına "genetik kod" denir. DNA zincirinde ardı ardına gelen üç nükleotid bir kod meydana getirir ve bu kod, proteindeki aminoasit dizilerini belirler. Sentezlenen protein post-translasyonel modifikasyonlar (yan grupların eklenmesi, bazı bölgelerin kesilip çıkartılması, paketlenerek üç boyutlu yapısını alması) geçirerek fonksiyonel protein oluşturarak hücre içindeki fonksiyonunu yerine getirir (2, 26-29).

1.4. Kromozom ve Yapısı

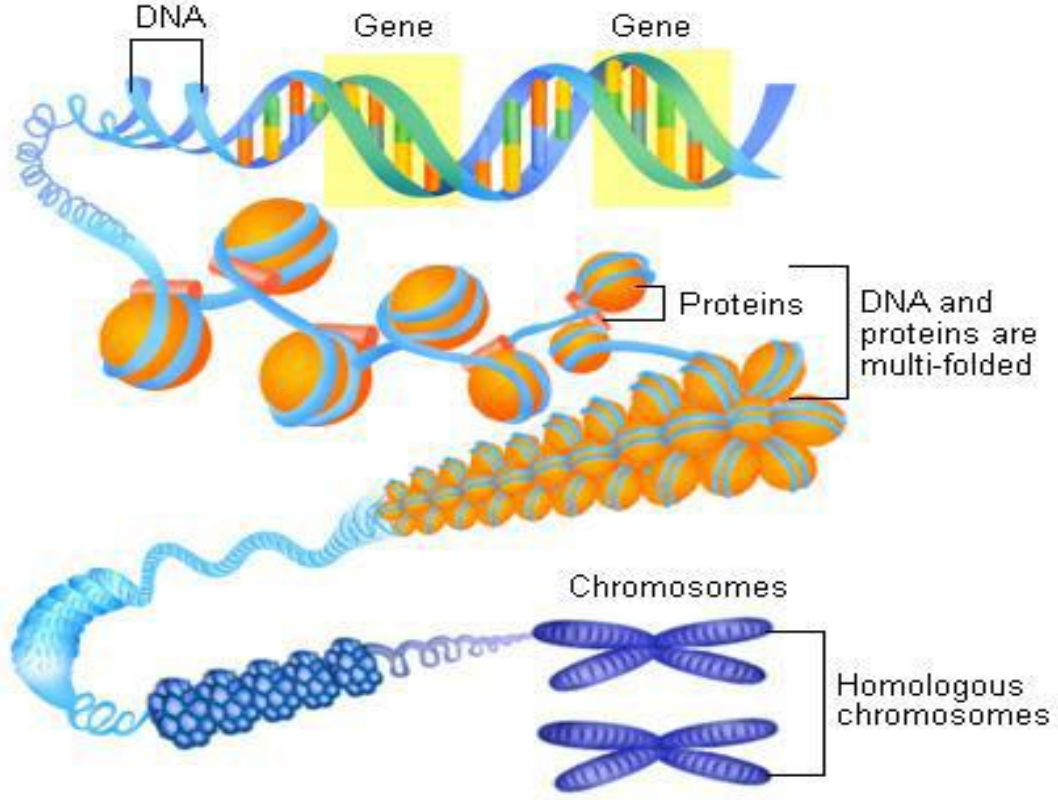
İnsan genomu her biri doğrusal DNA molekülü içeren 22 çift otozomal ve 2 cinsiyet kromozomundan meydana gelir. Histon proteinleri yaklaşık olarak 2 metre olan genomik DNA'nın sadece 5-10 µm çapındaki bir çekirdeğe yerleşimi için yoğun bir şekilde paketlenmesini sağlar. DNA ile histon proteinleri kromatin adı verilen yapıyı oluştururlar (24, 25).

Hücrenin kromatin kondansasyonunun düzeyi sürekli değişim gösterir. Ökromatin interfazdaki hücrelerde kromatinin çoğunu oluşturan yoğun olmayan ve çekirdek içinde dağılmış durumuna denir. Hücre döngüsünün bu döneminde, gen transkripsiyonu olur ve DNA hücre bölünmesine hazırlanmak için replike olur. İnterfazda kromatinin yaklaşık %10'u mitoz giren çok yoğunlaşmış bir haldedir. Heterokromatin ise geç replike olan, RNA'ya hiç çevrilmeyen ve hücrenin gerek duyduğunda ökromatine dönüştürdüğü bir yapıdır (24).

Sadece mitoz bölünme sırasında görülen kromozomlar genomun en ileri derecede paketlenmiş durumudur (Şekil 2). Kromozomlar mikroskopta çeşitli boyamalar ile açık ve koyu bantlar şeklinde görülürler (25). Açık ve koyu bantların özelliği adenin-timin (A-T) ve guanin-sitozin (G-C) bazlarının yoğunluğuna göre değişir. Koyu boyanan G bantları Adenin ve Timinden zengin, açık boyanan bantlar ise Guanin ve Sitozinden zengin şekildedir. İnsanda bulunan 24 kromozomun (22 otozomal ve 2 cinsiyet) boyut farkları ve sentromer yerleşimlerine göre birbirinden ayırt edilmesine karyotip adı verilir (23).

Kromozomların üzerindeki genlerin dağılımı da birbirinden farklılıklar gösterir. Bazı kromozomlar genden zengin olurken bazıları ise genden daha fakir durumdadır (30). Genler, kromozom üzerinde lokuslar şeklinde doğrusal biçimde sıralanmıştır. Bu dizilim her tür için ve tür içerisindeki her bir birey için karakteristiktir ve ayırt edicidir. Böylece her insan için bir gen haritası meydana gelmiş olur (25). 2003 yılında İnsan Genom Projesi tamamlanmıştır. Bu sayede günümüzde insan kromozomlarının 23 çiftinin de uzunluk ve sekanslarını bilmekteyiz (23). Homolog kromozomlar birbiri ile uyumlu dizilime sahip genetik bilgi taşırlar. Bununla beraber, herhangi bir spesifik lokusta aynı genin özdeşi veya çok az farklı formuna allel denir. Homolog kromozom üzerinde, aynı lokustaki iki allel farklı ise heterozigot, aynı ise homozigot olarak adlandırılır. Aynı lokustaki

allelelerde saptanan farklılıklar insan kimliklendirilmesi için çok önemlidir. Bir genetik lokusta bulunan allellerin tanımlanmasına genotip denir (25).



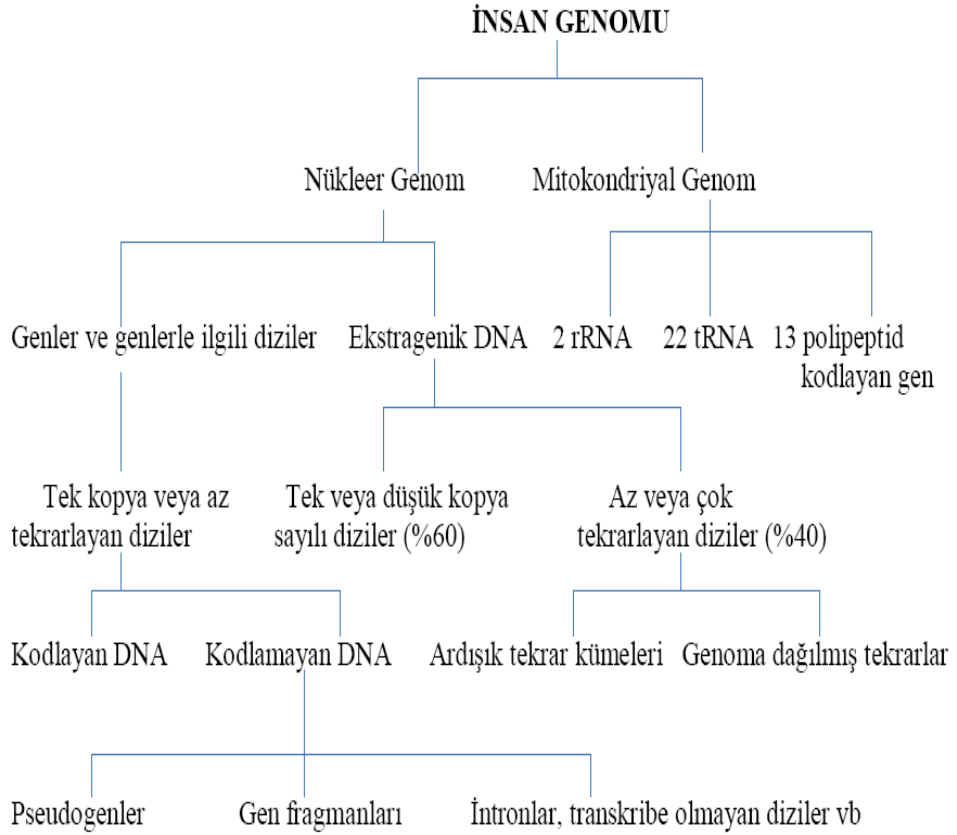
Şekil 2. Kromozomun Yapısı (24).

Örneğin bir lokusta A ve a allelleri varsa üç farklı genotip oluşma ihtimali vardır (AA, Aa, aa). AA ve aa genotipleri homozigottur, Aa genotipi ise heterozigot şeklindedir. DNA profili birçok lokus için elde edilmiş genotiplerin kombine edilmiş halidir. DNA molekülünün spesifik lokuslarında (lokalizasyonlarında) bulunan genotiplerin toplamına DNA profili denir. DNA markırlarında daha çok sayıda allel olması daha fazla sayıda genotip ortaya çıkarır. Genel olarak "n" sayıda allel varsa, n sayıda homozigot genotip ve $n(n-1)/2$ adet heterozigot genotip meydana gelir. Örneğin 10 tane allel varsa, $10+10(10-1)/2=55$ tane genotip oluşur. Eğer 10 lokus olduğunu ve her lokusta 10 allel olduğunu düşünürsek; kombinasyonu $2,5 \times 10^{17}$ olası genotip oluşur ($55 \times 55 \times 55 \times \dots$). Her lokustaki allel sayısı çokluğu ve her DNA testi için lokus sayısının fazlalığı olası genotip sayısının daha çok üretilmesine neden olur (23).

1.5. İnsan Genomu

İnsan DNA moleküllerinin çok büyük kısmı (yaklaşık %99,7'si) tüm insanlarda aynıdır. Sadece DNA'nın çok küçük bir kısmı (%0,3, yaklaşık 10 milyon nükleotit) bizi diğer insanlardan ayırır. Bu farklı bölgelerin ortaya çıkarılması sonucu insan kimliklendirilmesi yapılmaktadır (23).

İnsan DNA'sının aslında %10'nundan daha az bir kısmı proteinleri kodlamaktadır. Genomumuzun toplam uzunluğunun dörtte üçü kadarı tek kopya DNA'dan geri kalanı ise tekrarlayan DNA dizilerinden meydana gelir. İnsan genomda bulunan 20-25 bin genin çoğu tek kopya DNA şeklinde bulunur (Şekil 3). Genomdaki tekrarlayan DNA dizileri ise, kromozom yapısının korunmasını sağlar. Ökaryotik hücre geninin nükleotid dizisi, polipeptit ürünün aminoasit dizisi için kodlayıcı olmayan bir veya daha fazla sayıda DNA parçaları bulundurmaktadır. DNA'da ki kodlayıcı bölgeler ekson, kodlayıcı olmayan bölgeler ise intron olarak isimlendirilir (2, 26, 27, 29).



Şekil 3. İnsan Genom Organizasyonunun Şematik Özeti

1.5.1. Gen Dışı (Ekstragenik) DNA Tekrarları:

İnsan genomunun büyük kısmı gen dışı tekrarlardan meydana gelir. Bu diziler ardışık tekrar kümeleri ve genoma dağılmış tekrarlar olarak ikiye ayrılır.

1.5.1.1. Ardışık Tekrar Kümeleri:

Aynı baz dizisinin ardı ardına “n” sayıda tekrarlanması şeklinde görülür. Tekrarlanan bu dizilerde tekrar sayıları değişken olması nedeniyle genellikle polimorfik özellik gösterirler. Bu diziler kendi içinde gruplara ayrılır.

Satellit DNA: Satellit DNA’lar hiçbir zaman transkribe olmayan ve heterokromatik bölgelerde özellikle sentromer yakınlarında bulunan yapılardır.

Minisatellit DNA: Hiper değişken minisatellitler VNTR (Variable Number of Tandem Repeats): 6-100 baz çifti (bç) uzunluğundaki birimlerin tekrarı ile oluşan yapılardır. Genom üzerinde 0.1- 20 kilobazlık (kb) tekrar blokları ile yaklaşık 1000 kadar blok şeklinde bulunurlar. Bu yapılara orta derecede tekrarlayan DNA da (moderately repetitive) denir. Bu ardışık tekrarların replikasyon kayması olaylarının ürünü olan duplikasyonlar sonucu oluştuğu düşünülmektedir. Yüksek mutasyon hızına (~%2.0) ve yüksek derecede polimorfizme sahip olmasından dolayı DNA kimliklendirilmesi için kullanılabilirler (25).

Telomerik DNA: Kromozomları oluşturan lineer DNA’nın uçlarını kısılmaktan koruyan 10-15 kb’lık ardı ardına yerleşik tekrar ünitelerinden oluşurlar (25).

Mikrosatellit DNA: Kısa ardışık tekrarlar STR (Short tandem repeats): 2-6 baz çifti uzunluktaki çekirdek ünitenin 5-30 kez ardışık tekrarından oluşan ve yaklaşık 150 bç uzunluğundaki DNA birimleridir (Şekil 4). Genom boyunca ortalama her 6-10 kb’da bir kısa ardışık tekrar görülür. İnsan genomunda yaklaşık olarak bir milyon STR lokusu bulunur (31). STR lokusları ileri derecede polimorfik olduklarından genetik belirteç olarak kullanılan en yaygın ve en iyi yöntemdir. İnsan genomunda heterozigotluk oranı %70’in üzerinde olan 1300’den fazla STR lokusu bulunmuştur.

Megasatellit DNA (Düşük Kopyalı DNA Tekrarları): Bunların tekrar ünitesi birkaç kb olup, genom üzerindeki blok uzunluğu birkaç 100 kb’dır.

1.5.1.2. Genoma Dağılmış DNA Tekrarları:

Birçok küçük DNA ailesi bu genel tanımlama içinde bulunur. Özellikle Alu ve L1 ailesi genomun önemli bir kısmını oluşturdukları ve genetik hastalıklara karıştıkları için önemlidir. Alu ailesi yaklaşık 300bp uzunluğundadır ve insan genomunda yaklaşık 500.000 adet bulunmaktadır. SINE (short interspersed repeated sequences) grubuna ait en önemli ailelerden birisidir. L1 (LINE) ailesi ise 6kb kadar uzunluktadır. İnsan genomunda yaklaşık 100.000 kopyası vardır.

1.5.2. Genler İle İlgili DNA Dizileri

Genom üzerinde proteine veya RNA'ya çevrilen işlevsel bir ürün oluşturan diziler gen olarak adlandırılır. İnsan Genom Projesi kapsamında 30000 civarında gen tanımlanmış olup bunların %95'i polipeptid kodlarken %5'i RNA kodlamaktadır. Genlerin içinde büyük miktarda kodlamayan DNA vardır. Bu tip genlerin kodlayan, yani proteine çevrilen dizi bölgelerine ekson, kodlamayan dizilerden intron denir. Tüm genin uzun bir RNA molekülü oluşturacak şekilde transkripsiyonunda intronlar kesilerek ayrılır ve böylece mRNA'da (mesajcı RNA) sadece eksonlar bulunmuş olur (24).

Tek Nükleotit Polimorfizmi (SNP, Single Nucleotide Polymorphisms)

Günümüz teknolojisinde DNA sekans analizi ve tek baz farklılıklarının tespit edilerek bireyler arasındaki tüm DNA sekans farklılıkları bulunur. Bu sayede hastalık riskleri ve tedavilere cevap gibi fenotiplerin genetik farklılıklarla ilişkilerini bulmak hedeflenir (32). DNA dizisinde her 2000-2500 bazda bir tek baz farklılığı görülür. Bu da aynı tür içerisinde genom farklılıklarının oluşmasını sağlar (Şekil 4). Tek nükleotid değişim polimorfizminin bazı alt grupları bulunmaktadır (26, 28, 33).

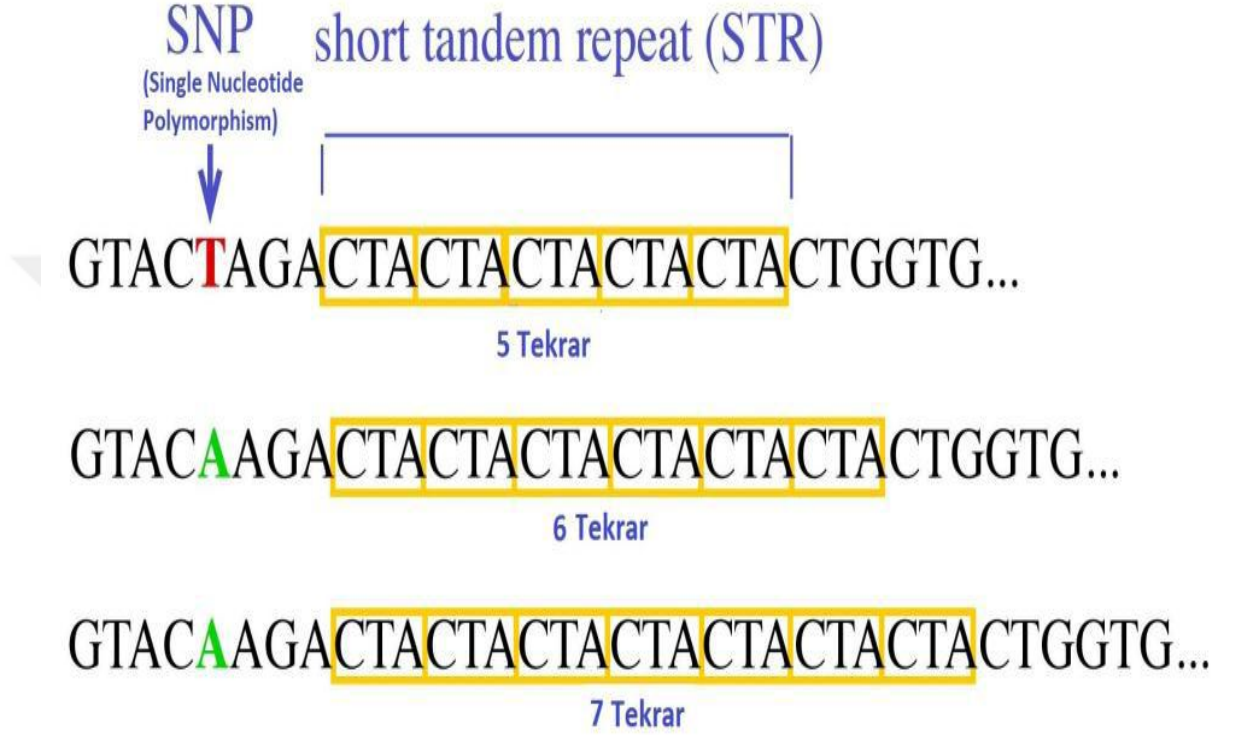
Transisyon: Dizi içindeki bir pürin bazının (Adenin, Guanin) diğer bir pürin bazına veya bir pirimidin bazının (Timin, Sitozin) diğer bir pirimidin bazına dönüşmesine denir.

Transversiyon: Dizi içindeki bir pürin bazının (Adenin, Guanin) bir pirimidin bazına (Timin, Sitozin) veya bir pirimidin bazının bir pürin bazına dönüşmesine denir.

Delesyonlar: DNA dizisi içerisinde nükleotidlerin kırılıp ayrılması sonucu genin normal uzunluğundan daha kısa olur. Bu gen, yapısal bir gen (protein

kodlayan) ise proteinin aminoasit dizisinde azalma olur ve proteinin fonksiyonu bozulur.

İnsersiyon: DNA içerisine nükleotidlerin eklenmesi ile genin normal uzunluğundan daha uzun olmasına denir. Bu yapısal bir gen ise proteinin aminoasit dizisinde artmaya neden olur.

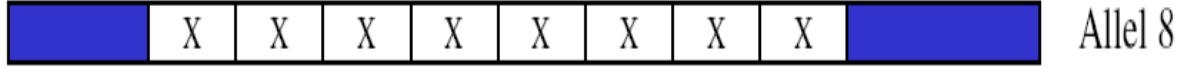


Şekil 4. DNA Dizisindeki Genetik Varyasyonların Şematik Sunumu (6).

1.6. STR Lokuslarının İsimlendirilmesi

İnsan STR lokusları, 2-7 baz çifti uzunluğunda belli bir baz dizilimine sahip, baş-kuyruk şeklinde art arda tekrarlanan ünitelerden oluşmaktadır. STR'lerin tekrarlanan ünitesindeki baz sayısı minisatellitlerden (VNTR) daha az olduğu için bu lokuslara mikrosatellitler de denilmektedir. Bu bölgelerin insan genomu boyunca dağılmış olup, her 6-10 kb'de bir görüldüğü saptanmıştır. Adli amaçlı çalışmalarda, bu lokusların bireyden bireye tekrarlanan ünite sayılarındaki varyasyonlardan yararlanılmaktadır. STR lokusları tekrarlanan ünitenin sayısından ve baz çifti olarak uzunluğundan kaynaklanan varyasyonların yanı sıra bazen homojen tekrar ünitelerinde nokta mutasyonları veya insersiyon/delesyonlardan kaynaklanan baz dizilim farklılıkları da göstermektedir (15).

Basit STR'ler: Baz sayısı ve baz dizilim sırası aynı olan tekrar ünitelerinden meydana gelirler (Şekil 5).



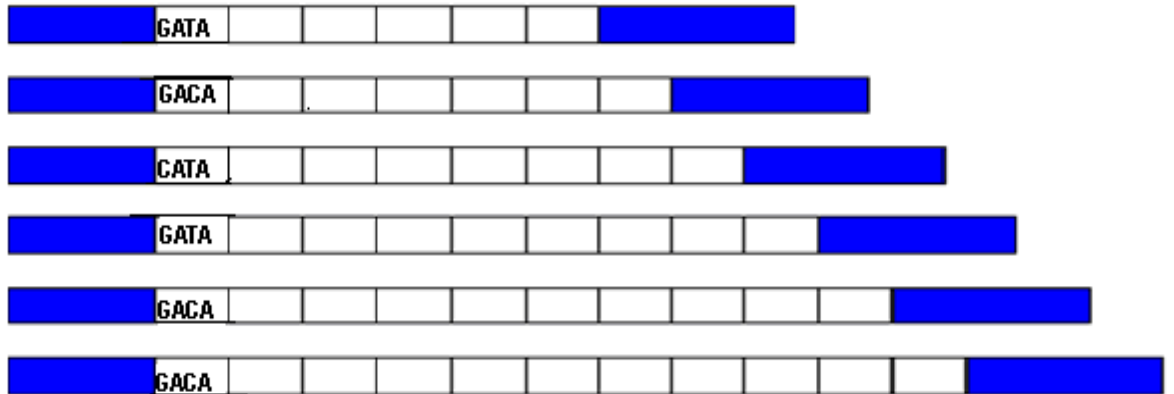
Şekil 5. Basit STR Lokusunun Görüntüsü (15).

Bileşik STR'ler: Baz dizilim sırası birbirinden farklı olan iki veya daha fazla sayıda tekrar ünitelerinin oluşumuna denir (Şekil 6).



Şekil 6. Bileşik STR Lokusunun Görüntüsü (15).

Kompleks STR'ler: Baz dizilimi ve baz sayısı farklı olan birkaç tekrar bloğuyla oluşurlar (Şekil 7).



Şekil 7. Kompleks STR Lokusunun Görüntüsü (15).

1992 yılında Uluslararası Adli Hemogenetik Topluluğu DNA Komisyonunun yayınladığı kararlarla; STR lokus allelleri, içerdikleri tekrar ünitesi sayısına göre isimlendirilirler. Bir allel, ardı ardına tekrarlanan 8 tane ünite bulunduyorsa buna “allel 8” denir (Şekil 5). Bir ünitesindeki baz çifti sayısı standart tekrar ünitesinden eksik olan allellerde, tam olarak tekrarlanan ünitelerin sayısı ve eksik baz içeren ünitedeki baz sayısı ile adlandırılır. Bu iki değer birbirinden ondalık nokta ile ayrılarak yazılır. Örneğin, dört baz çiftlik tekrar üniteleri içeren bir STR lokusunun 9.3 alleli, 10 allelinden, yedinci tekrar ünitesinde adenin kaybından dolayı 1 baz çifti daha kısadır (Şekil 6) (15, 34).

Adli amaçlı yapılan DNA analizi çalışmalarında STR lokuslarının allel frekansları hesaplanarak sonuç verilmektedir. Bu konuda en önemli farklılık özel bir lokustaki allellerin frekanslarıdır. Farklı popülasyonlarda değişiklik gösteren allel frekanslarının rutinde kullanılmadan önce bilinmesi ve hesaplanması gerekir (15).

1.6.1. Uluslararası Standart STR Bölgeleri

Günümüzde ticari olarak üretilen ve adli DNA laboratuvarlarında kullanılan 30’a yakın STR gen bölgesi kullanılmaktadır. Elde edilen STR lokusları analiz sonuçlarının veri bankalarında ve laboratuvarlarda karşılaştırılabilmesi için aynı STR lokuslarının kullanılması gerekmektedir. Bu nedenle uluslararası kullanılan gen bölgeleri belirlenerek standardizasyon sağlanmaktadır. Bununla birlikte çalışılan STR gen bölgesi sayısı arttıkça bulunan sonuçların ayırım gücünün de artacağı kesindir.

Değişik laboratuvarlarda aynı sayıda ve aynı gen bölgelerinin (lokus) çalışılmasının sonucu DNA veri bankaları olmuştur. Bu standardın sağlanabilmesi için ABD’de 1997 yılında CODIS (Combined DNA Index System) DNA veri bankası kurulmuştur. CODIS sistemi içinde FBI tarafından belirlenen 13 STR lokusu bulunmaktadır. Bu lokusları içeren çeşitli ticari multipleks STR kitleri üretilmeye başlanmıştır. CODIS sistemindeki lokuslar; D3S1358, VWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, TH01, CSF1PO ve Amelogenin’dir. Bu STR lokuslarının allel büyüklüklerinin 350 bp’den küçük olması, eski ve iyi korunmamış biyolojik örneklerden kimliklendirme yapabilmesi, çoklu analize imkân vermesi ve pahalı donanım gerektirmemesinden dolayı adli bilimler için ideal genetik işaretler olmuşlardır. Günümüzde ABD’de 50 eyaletten

elde edilen DNA profilleri ulusal veri bankasında toplanarak CODIS sisteminde barkotlanmış örneklerin DNA profilleri ile bilgisayar ortamında karşılaştırılmaktadır (35).

Avrupa birliğinde standart 12 STR bölgesi belirlenmiştir. Bunlar: FGA, THO1, VWA, D1S1656, D2S441, D3S1358, D8S1179, D10S1248, D12S391, D18S51, D21S11, D22S1045 dir. Bunlara daha sonra D2S1338, D16S539, D19S433, SE33 ve Amelogenin olmak üzere 5 lokus daha eklenmiştir. İnterpol 7 STR bölgesi (FGA, THO1, VWA, D3S1358, D8S1179, D18S51, D21S11) ile tercihli olarak Amelogenin'i belirlemiştir (36).

İngiltere 10 STR gen bölgesi (FGA, THO1, VWA, D2S1338, D3S1358, D8S1179, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11) ile Amelogenin, Almanya için ise 8 STR (FGA, THO1, SE33, VWA, D3S1358, D8S1179, D18S51, D21S11) ile Amelogenin standart olarak seçilmiştir. Ülkemizde ise henüz ulusal bir DNA veri bankası ve belirlenen bir STR lokus standardı yoktur. Ancak Türkiye'de de bir DNA veri bankası kurulduğunda mutlaka standart STR lokusları belirlenmelidir (36).

1.6.2 Adli Bilimlerde Kullanılan Genetik Belirteçlerin (STR) Özellikleri

Adli bilimler alanında kullanılacak olan genetik sistemlerin (STR lokusları içeren kitler) bazı özellikleri olmalıdır. Bunlar;

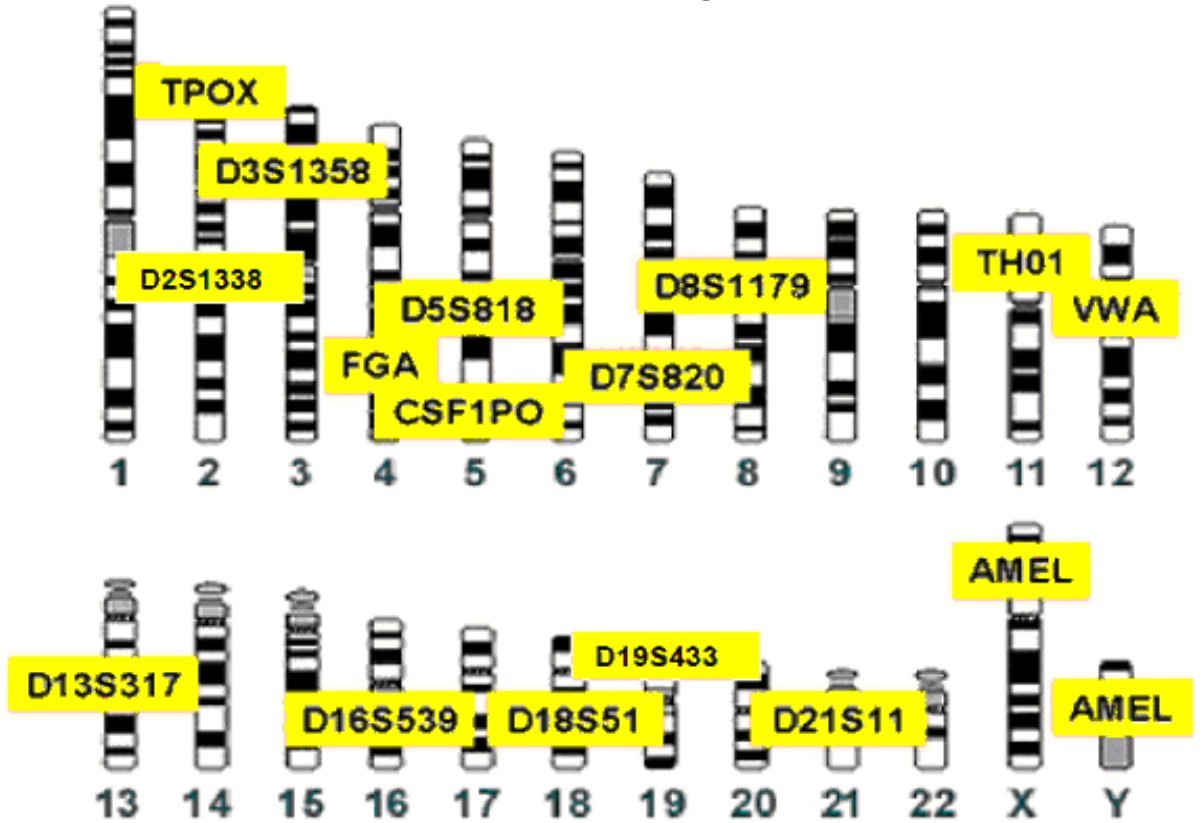
- Yüksek oranda polimorfizm göstermelidir (Toplumdaki sıklığı %1'den fazla olmalıdır).
- Yüksek oranda heterozigotluk özelliği göstermelidir.
- Kalıtım modeli net olarak tanımlanmış olmalıdır.
- Yeni mutasyon görülme oranı çok az olmalıdır.
- Popülasyondaki allel, genotip ve/veya fenotip sıklığı belirlenmiş olmalıdır.
- Basit, hızlı, tekrarlanabilir ve ucuz yöntemlerle kullanılabilir.
- Analiz için çok az başlangıç materyali yeterli olmalıdır (37, 38).

1.7. Mikrosatellit (STR) Lokusları

Çalışmamızda kullanılan STR lokusları; D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, Amelogenin, D5S818 ve FGA gibi yüksek derecede polimorfizim gösteren STR lokuslarıdır (Şekil 8). Günümüzde yaygın olarak adli bilimlerde; kriminal

olayların aydınlatılması, kimlik tespiti, nesep tayini, genom haritalamaları ve popülasyon çalışmaları gibi birçok konuda STR polimorfizm uygulamaları kullanılmaktadır.

15 STR Lokus ve Kromozomlar Üzerindeki Pozisyonları



Şekil 8. Çalışmamızda Kullanılan STR Lokuslarının Kromozomlar Üzerindeki Yeri

1.7.1. D8S1179 Lokusu

D8S1179 Lokusu tetranükleotid tekrarlı olup, 8. kromozomun uzun kolu üzerinde (8q24.13) bulunmaktadır. Lokusun mutasyon oranı %0,14 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 8-19 tekrarlar arasında toplam 12 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [TCTA][TCTG] şeklinde görülür. Bu lokusdaki allellerin fragman uzunluğu 123-170 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 1) (23, 32, 39-41).

Tablo 1. D8S1179 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	8q24.13
Baz Büyüklüğü	123- 169 bp
Tekrar Dizini	[TCTA] [TCTG]
Mutasyon Oranı	% 0,14
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-TTTTGTATTTTCATGTGTACATTTCG-3' 5'-CGTAGCTATAATTAGTTCATTTTCA-3'
Tekrar Allelleri	8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18-19

1.7.2. D21S11 Lokusu

D21S11 Lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 21. kromozomun uzun kolu üzerinde (21q21.1) bulunmaktadır. Lokusun mutasyon oranı %0,14 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 24-38 tekrarlar arasında toplam 24 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [TCTA][TCTG] şeklinde görülür. Bu lokusdaki allellerin fragman uzunluğu 184-239 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 2) (23, 32, 39, 40, 42).

Tablo 2. D21S11 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	21q21.1
Baz Büyüklüğü	184-239 bp
Tekrar Dizini	[TCTA] [TCTG]
Mutasyon Oranı	% 0,14
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-GTGAGTCAATTCCCAAG-3' 5'-GTTGTATTAGTCAATGTTCTCC-3'
Tekrar Allelleri	24-24,2-25-26-27-28-29-30-30,2-31-31,2- 32-32,2-33-33,2-34-34,2-35-35,2-36-37-38

1.7.3. D7S820 Lokusu

D7S820 lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 7. kromozomun uzun kolu üzerinde (7q21.11) bulunmaktadır. Lokusun mutasyon oranı %0,19 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 6-15 tekrarlar arasında toplam 10 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [GATA] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 255-291 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 3) (23, 32, 39, 40, 43).

Tablo 3. D7S820 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	7q21.11
Baz Büyüklüğü	255-291 bp
Tekrar Dizini	[GATA]
Mutasyon Oranı	% 0,19
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-TGTCATAGTTTAGAACGAACTAACG-3' 5'-CTGAGGTATCAAAAACCTCAGAGG-3'
Tekrar Allelleri	6-7-8-9-10-11-12-13-14-15

1.7.4. CSF1PO Lokusu

CSF1PO lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 5. kromozomun uzun kolu üzerinde (5q33.1) insan c-CSF için proto-onkogeni-1 reseptör geni 6. intron bölümünde bulunur. Lokusun mutasyon oranı %0,16 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 6-15 tekrarlar arasında toplam 10 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [AGAT] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 304-341 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 4) (23, 32, 39, 40, 44).

Tablo 4. CSF1PO lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	5q33.1
Baz Büyüklüğü	304-341 bp
Tekrar Dizini	[AGAT]
Mutasyon Oranı	% 0,16
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-AACCTGAGTCTGCCAAGGACTAGC-3' 5'-TTCCACACACCACTGGCCATCTTC-3'
Tekrar Allelleri	6-7-8-9-10-11-12-13-14-15

1.7.5. D3S1358 Lokusu

D3S1358 lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 3. kromozomun kısa kolu üzerinde (3p21.31) bulunur. Lokusun mutasyon oranı %0,12 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 12-19 tekrarlar arasında toplam 8 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [TCTA] [TCTG] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 111-140 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 5) (23, 32, 39, 40, 45).

Tablo 5. D3S1358 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	3p21.31
Baz Büyüklüğü	111-140 bp
Tekrar Dizini	[TCTA] [TCTG]
Mutasyon Oranı	% 0,12
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-ACTGCAGTCCAATCTGGGT-3' 5'-ATGAAATCAACAGAGGCTTG-3'
Tekrar Allelleri	12-13-14-15-16-17-18-19

1.7.6. THO1 Lokusu

THO1 lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 11. kromozomun kısa kolu üzerinde (11p15.5) 1. intron insan tirozin hidroksilaz geninde bulunur. Lokusun mutasyon oranı %0,01 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 4-13,3 tekrarlar arasında toplam 10 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [AATG] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 111-140 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 6) (23, 32, 39, 40, 46).

Tablo 6. THO1 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	11p15.5
Baz Büyüklüğü	163-201 bp
Tekrar Dizini	[AATG]
Mutasyon Oranı	% 0,01
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-GTGGGCTGAAAAGCTCCCGATTAT- 3' 5'-ATTCAAAGGGTATCTGGGCTCTGG- 3'
Tekrar Allelleri	4-5-6-7-8-9-10-9,3-11-13,3

1.7.7. D13S317 Lokusu

D13S317 lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 13. kromozomun uzun kolu üzerinde (13q31.1) bulunur. Lokusun mutasyon oranı %0,14 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 8-15 tekrarlar arasında toplam 8 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [TATC] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 216-244 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 7) (23, 32, 39, 40, 47).

Tablo 7. D13S317 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	13q31.1
Baz Büyüklüğü	216-244 bp
Tekrar Dizini	[TATC]
Mutasyon Oranı	% 0,14
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-ACAGAAGTCTGGGATGTGGA-3' 5'-GCCCAAAAAGACAGACAGAA-3'
Tekrar Allelleri	8-9-10-11-12-13-14-15

1.7.8. D16S539 Lokusu

D16S539 lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 16. kromozomun uzun kolu üzerinde (16q24.1) bulunur. Lokusun mutasyon oranı %0,11 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 5-15 tekrarlar arasında toplam 9 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [GATA] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 252-292 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 8) (23, 32, 39, 40, 48).

Tablo 8. D16S539 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	16q24.1
Baz Büyüklüğü	252-292 bp
Tekrar Dizini	[GATA]
Mutasyon Oranı	% 0,11
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-GATCCCAAGCTCTTCCTCTT-3' 5'-ACGTTTGTGTGTGCATCTGT-3'
Tekrar Allelleri	5-8-9-10-11-12-13-14-15

1.7.9. D2S1338 Lokusu

D2S1338 lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 2. kromozomun uzun kolu üzerinde (2q35) bulunur. Lokusun mutasyon oranı %0,12 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 15-28 tekrarlar arasında toplam 14 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [TGCC][TTCC] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 307-358 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 9) (23, 32, 39, 40, 49).

Tablo 9. D2S1338 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	2q35
Baz Büyüklüğü	307-358 bp
Tekrar Dizini	[TGCC][TTCC]
Mutasyon Oranı	% 0,12
STR Lokusunun Primer dizisi	5''- CAGTGGATTTGGAAACAGAAATG-3'' 5''-TCAGTAAGTTAAAGGATTGCAGG- 3''
Tekrar Allelleri	15-16-17-18-19-20-21-22-23-24-25-26- 27-28

1.7.10. D19S433 Lokusu

D19S433 lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 19. kromozomun uzun kolu üzerinde (19q12) bulunur. Lokusun mutasyon oranı %0,11 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 9-17,2 tekrarlar arasında toplam 15 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [AAGG][AAAG][TAGG] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 101-135 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 10) (23, 32, 39, 40, 50).

Tablo 10. D19S433 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	19q12
Baz Büyüklüğü	101-135 bp
Tekrar Dizini	[AAGG][AAAG][TAGG]
Mutasyon Oranı	% 0,11
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-CCTGGGCAACAGAATAAGAT-3' 5'-TAGGTTTTTAAGGAACAGGTGG-3'
Tekrar Allelleri	9-10-11-12-12,2-13-13,2-14-14,2-15- 15,2-16-16,2-17-17,2

1.7.11. vWA Lokusu

vWA lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 12. kromozomun kısa kolu üzerinde (12p13.31) von willebrand factor geni 40. intronda bulunur. Lokusun mutasyon oranı %0,17 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 11-24 tekrarlar arasında toplam 14 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [TCTA] [TCTG] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 154-206 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 11) (23, 32, 39, 40, 51).

Tablo 11. vWA lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	12p13.31
Baz Büyüklüğü	154-206 bp
Tekrar Dizini	[TCTA] [TCTG]
Mutasyon Oranı	% 0,17
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-CCCTAGTGGATAAGAATAATC-3' 5'-GGACAGATGATAAATACATAGGATGGATGG-3'
Tekrar Allelleri	11-12-13-14-15-16-17-18-19-20-21-22-23-24

1.7.12. TPOX Lokusu

TPOX lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 2. kromozomun kısa kolu üzerinde (2p25.3) 10. intron insan tiroid peroksidaz geninde bulunur. Lokusun mutasyon oranı %0,01 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 6-13 tekrarlar arasında toplam 8 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [AATG] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 222-249 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 12) (23, 32, 39, 40, 52).

Tablo 12. TPOX lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	2p25.3
Baz Büyüklüğü	222-249 bp
Tekrar Dizini	[AATG]
Mutasyon Oranı	% 0,01
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-ACTGGCACAGAACAGGCACTTAGG- 3' 5'-GGAGGAACTGGGAACCACACAGGT- 3'
Tekrar Allelleri	6-7-8-9-10-11-12-13

1.7.13. D18S51 Lokusu

D18S51 lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 18. kromozomun uzun kolu üzerinde (18q21.33) bulunur. Lokusun mutasyon oranı %0,22 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 7-27 tekrarlar arasında toplam 23 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [AGAA] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 262-345 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 13) (23, 32, 39, 40, 53).

Tablo 13. D18S51 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	18q21.33
Baz Büyüklüğü	262-345 bp
Tekrar Dizini	[AGAA]
Mutasyon Oranı	% 0,22
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-CAAACCCGACTACCAGCAAC-3' 5'-GAGCCATGTTCATGCCACTG-3'
Tekrar Allelleri	7-9-10,2-10-11-12-13-13,2-14-14,2-15- 16-17-18-19-20-21-22-23-24-25-26-27

1.7.14. D5S818 Lokusu

D5S818 lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 5. kromozomun uzun kolu üzerinde (5q23.2) bulunur. Lokusun mutasyon oranı % 0,11 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 7-16 tekrarlar arasında toplam 10 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [AGAT] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 134-172 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 14) (23, 32, 39, 40, 54).

Tablo 14. D5S818 lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	5q23.2
Baz Büyüklüğü	134-172 bp
Tekrar Dizini	[AGAT]
Mutasyon Oranı	% 0,11
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-GGGTGATTTTCCTCTTTGGT-3' 5'-TGATTCCAATCATAGCCACA-3'
Tekrar Allelleri	7-8-9-10-11-12-13-14-15-16

1.7.15. FGA Lokusu

FGA lokusu tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 5. kromozomun uzun kolu üzerinde (4q31.3) insan α -fibrinojen geninin 3. intron bölgesinde bulunur. Lokusun mutasyon oranı % 0,28 olarak hesaplanmıştır. Şimdiye kadar 17-51,2 tekrarlar arasında toplam 28 farklı allel bulunmuştur. Tekrar dizini [TTTC] [CTTT] [TTCC] şeklinde görülür. Bu allellerin fragman uzunluğu 304-341 baz çifti arasında tanımlanmıştır (Tablo 15) (23, 32, 39, 40, 55).

Tablo 15. FGA lokusuna ait bilgiler

Kromozom yerleşimi	4q31.3
Baz Büyüklüğü	304-341 bp
Tekrar Dizini	[TTTC] [CTTT] [TTCC]
Mutasyon Oranı	% 0,28
STR Lokusunun Primer dizisi	5'-GCCCCATAGGTTTTGAACTCA-3' 5'-TGATTTGTCTGTAATTGCCAGC-3'
Tekrar Allelleri	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

1.8. Popülasyon Genetiği

Popülasyon genetiği allel frekansı değişiklikleri ile ilgilenen bilim dalıdır. Günümüzde popülasyonların genetik yapısını tanımlayacak matematiksel modellerin geliştirilmesi hedeflenmektedir. Popülasyon genetiğiyle allel frekanslarını değiştiren, seçilim, mutasyon, göç ve rastgele genetik sürüklenmeler gibi faktörler değerlendirilir. Genetik evrimi anlamak için, belirli bir organizma değil popülasyonun tamamı incelenir. Aynı türe ait, aynı coğrafyada yaşayan ve potansiyel olarak birbirleriyle eşleşebilen bireylerden oluşan topluluğa popülasyon denir. İnsan genomunda tek bir genetik lokus dikkate alındığında popülasyon içindeki farklı

bireylerin farklı genotiplere sahip olduklarını bulabiliriz. Popülasyonun belirli bir genotipe sahip olması genotip frekansı olarak isimlendirilir. Belirli bir nesildeki popülasyonun üreyebilen üyelerinin tümü tarafından oluşturulan tüm gametlerinden meydana gelen yapıya gen havuzu denir. Gen havuzunu meydana getiren yumurtalar ve spermeler haplotip yapıdadır. Böylece her lokus için yalnız bir allel içerirler. Tek bir lokusu düşündüğümüzde farklı gametlerin farklı alleller bulundurur. Belirli bir allelin gen havuzundaki görülme oranına allel frekansı denir (26).

1.8.1. Hardy-Weinberg Kanunu

İngiliz matematikçi Godfrey H.Hardy ve Alman Fizikçi Wilhelm Weinberg'in birbirlerinden bağımsız olarak geliştirdikleri matematik modeline Hardy-Weinberg Kanunu denir. Hardy-Weinberg kanununda bazı varsayımlar altında bir popülasyondaki genotip ve allel frekanslarının ne olacağı bulunur. Bu varsayımlar sonucu gerçek popülasyonların karşılaştığı birçok karmaşık durumun bulunmadığı ideal bir popülasyon belirlenir (26, 56-58).

Bir mendel popülasyonu rastgele eşleştirilen fertlerden oluşur. Hardy-Weinberg yasası baskınlık kuralı, gen sıklıkları ve rastgele eşleşme ile insan gibi diploid organizmalarda araştırılan fenotipin dağılımının hesaplanmasını sağlar. Hardy-Wienberg yasası güvenilirdir. İncelenen örneklerin çoğu bunu destekler. Hardy-Wienberg yasasında:

- Bütün genotipler eşit hayatta kalma oranına ve eşit üreme başarısına sahiptir ve hiçbir seçilim bulunmaz.
- Yeni allel oluşturacak veya mevcut hiçbir alleli diğerine dönüştürecek mutasyon yoktur.
- Popülasyonun içine veya içinden dışına hiçbir göç olmaz.
- Popülasyon sınırsız olup örnekleme hatalarının ve diğer rastgele etkilerinin göz ardı edilebileceği kadar geniştir.
- Popülasyondaki bireyler rastgele eşleşirler.

Hardy-Weinberg kanununa göre, yukarıdaki varsayımlara uygun popülasyon aşağıdaki özelliklere sahiptir (26, 57).

- Bir popülasyondaki allel frekansları nesilden nesillere değişmez böylece popülasyon evrimleşmez.
- Bir nesil süren rastgele eşleşmenin ardından, genotip frekansları allel frekanslarından tahmin edilebilir niteliktedir.

1.8.2. Hardy-Weinberg Dengesinin İstatiksel Olarak Hesaplanması

Hardy-Weinberg'den sapma testi uyumunun anlamlılığı χ^2 istatistiksel indeksi ile hesaplanır. Elde edilen sonuçlar önceden belirlenen miktardan büyükse, Hardy-Weinberg'den sapmanın istatistiksel olarak anlamlı olduğu söylenebilir. Ancak χ^2 sayısal değeri popülasyonu oluşturan fertlerle doğru orantılı haldedir. Eğer gerçek bir sapma varsa örnek ne kadar büyükse sapma o kadar anlamlıdır. Büyük popülasyonların sapma göstermeleri kaçınılmazdır. Bu nedenle Hardy-Weinberg dengesini temel alarak bir frekansın değerlendirmesini yapmak her zaman mümkün değildir (59).

1.8.3. Hardy-Weinberg Dengesini Bozan Etmenler

Hardy-Weinberg kuralına göre popülasyona ait gen havuzunda mutasyon, göç, seleksiyon, izolasyon olmadığı sürece gen havuzunun gen frekansı değişime uğramaz. Ancak genellikle popülasyondaki genlerin frekansı değişir. Popülasyonda genlerin frekansının değişmesine etki eden faktörler; göç, izolasyon, mutasyon, doğal seçim, genetik sürüklenme ve eş seçimi olarak sıralanabilir (26, 57).

Göç: Popülasyonu meydana getiren bireylerin başka bir popülasyona göç etmesi popülasyonun gen frekansını değiştirir. Popülasyon dışına göçler popülasyondaki gen frekansını azaltırken popülasyon içine göçler ise gen frekansını artırır (26, 57).

İzolasyon (Ayrılma): Bir popülasyonun diğer popülasyonlarla genetik alışverişinin kesilmesine izolasyon denir. Gen frekanslarının değişmesinde rol oynayan en önemli etmen izolasyondur. Coğrafi izolasyon popülasyonları birbirinden ayıran en önemli etkendir. Coğrafi izolasyon sonucu meydana gelen popülasyonlar arasında gen geçişi olması beklenmez (26, 57).

Mutasyon: DNA'da meydana gelen değişikliklere mutasyon denir. Mutasyonlar genellikle zararlıdır. Zararlı olan mutasyonlar popülasyona ait gen frekansını azaltır (26, 57).

Doğal Seçim: Aynı türün bireyleri arasında meydana gelen varyasyonlar sonucunda çevreye daha iyi uyum yapabilen bireyler hayatta kalırken uyum yapamayanlar ise yok olur. Bu nedenle istenmeyen özellikte olan genlerin frekansının azalması sonucu kararsız popülasyonlar zamanla kararlı duruma dönüşür (26, 57).

Genetik Sürüklenme: Bir popülasyondan göç, afet, iklim vb. etkenlerin etkisiyle ayrılan küçük popülasyonların gen havuzunda şansa bağlı olarak oluşan değişikliklere denir. Popülasyonlarda eşlerin seçimi ve çiftleşme büyük ölçüde şans faktörü ile olur. Kısacası popülasyona ait gen havuzundaki frekans şansa bağlı olaylarla değişir (26, 57).

Eş Seçimi: Popülasyonda, şansa bağlı olmayan durumlar Hardy-Weinberg eşitliğini bozar. Popülasyonlardaki bireylerin çiftleşmek için rastgele eş seçiminin yanı sıra bazen belirli özelliklerle seçim yaparlar. Böylece popülasyonu oluşturan bireylerin bir zaman sonra köken aldıkları popülasyondan farklı davranış şekilleri gösterirler. Bu davranış şekilleri yaşam kavgasında beslenme, korunma, yavrularına bakma vb. farklı yetenekleri ortaya çıkarır. Ayrıca bireylerin belli özelliklere göre eşlerini seçmeleri belirli genlerin frekansını popülasyonda artırır (26, 57).

Popülasyonlar dinamiktir ve sürekli değişirler. Popülasyonlar doğum, ölüm, göç ve diğer popülasyonlarla etkileşim ile büyür ya da küçülürler. Popülasyon genetiği çalışmalarının çoğunda ilk adım, ilgilenilen popülasyondaki belirli lokustaki allel frekansını bulmaktır. Allel frekanslarının bulunması için çok sayıda bireyin genotipi çıkarılır ve DNA dizilerinin doğrudan analizleri gerekir (26).

1.8.4. Hardy - Weinberg Dengesine Akraba Evliliklerinin Etkileri

Ebeveynlerinden en az biri ortak olanlara akraba denir. Akrabaların aralarında yaptıkları evliliklerden doğan çocuklara ise akraba çocuğu (inbred) denir. Akrabaların genleri yüksek derecede benzer yapıdadır. Böylece akraba evlilikleri sonucu benzer genlerin homozigot olarak açığa çıkmaktadır (60, 61, 62). Dünyanın her yerinde akraba evlilikleri görülmekle beraber bazı izole toplumlarda ve İslam ülkelerinde daha sık rastlanmaktadır (62).

Akraba evliliklerinin sık olduğu popülasyonlarda homozigot alleller heterozigotlardan daha fazla olmaktadır. Toplumdaki kişiler rastgele değil de homozigotlar homozigotlarla, heterozigotlar heterozigotlarla eşleşecek olursa

doğacak homozigotların sayısı artacak ve Hardy-Weinberg dengesi bozulacaktır. Kısacası rastgele olmayan evlilikler toplumda gen sıklığının değiştirir. Bir popülasyonda sadece akraba evlilikleri olursa aynı gen ya da genotiplere sahip kişilerin sayısı hızla artıracaktır ve akraba evliliği yapanlar öteki kişilerden izole edilmiş duruma gelecektir (61).

Örneğin; Brezilya Kızılderili kabilelerinden Iriri'lerde D1S80 lokusunda 18 numaralı allelin sıklığı %100 olarak bulunmuştur ve hepsinde homozigot haldedir (62). Bu kabile için bu lokusundan yararlanarak kimliklendirme yapılamaz. Popülasyonda homozigotların oranı düştükçe Hardy - Weinberg dengesine uyum artar ve kimliklendirme de daha sağlıklı şekilde yapılır (63, 64, 65).

1.9. Adli Bilimlerde DNA Analiz Yöntemleri

Adli bilimlerde DNA analiz yöntemleri teknolojinin gelişmesiyle sürekli kendini yenilemiştir. STR lokuslarının analizi için rutin uygulamalarda şu işlem basamakları bulunmaktadır;

- Adli örneklerden DNA'nın ekstraksiyon ve izolasyonun yapılması,
- İzole edilen DNA STR lokuslarının PCR ile çoğaltılması,
- Çoğaltılan STR lokus allellerinin elektroforez ile ayrımının yapılması,
- STR lokus allellerin görünür hale getirilerek ve sonuçların değerlendirilmesidir

1.9.1. DNA İzolasyonu

İnsan hücrelerinin bulunduğu herhangi bir materyalden (kan, kıl, diş, sperm vs.) DNA'nın elde edilmesi için kullanılacak yöntemlere DNA izolasyonu denir. Bu yöntemin mümkün olduğunca yüksek molekülü ve proteinlerden arındırılmış bir izolasyon sağlaması gerekmektedir. Bu anlamda dikkat edilmesi gereken iki nokta vardır;

1-) Yüksek derecede mekanik etki spesifik olmayan DNA fragmentlerinin oluşmasına neden olacağından izolasyon ile hücreden DNA'nın inaktive edilmesi ve bu esnada mekanik etkilerden kaçınılması gerekmektedir (14).

2-) Elde edilen DNA'nın enzimlerle kolayca reaksiyona girebilmesi için proteinlerin tamamen uzaklaştırılması gerekmektedir (14).

Günümüzde kan, kemik-diş ve diğer örnekler (doku, swab vs.) olmak üzere değişik DNA izolasyon protokolleri bulunmaktadır. İzolasyon sırasında ilk olarak hücrelerin lize edilip, Proteinase-K aracılığıyla DNA'nın serbest hale getirilmesi sağlanır, sonrasında ise alkol ve özel sıvılarla proteinler uzaklaştırılır ve saf bir DNA elde edilir.

1.9.2 PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)

Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) metodu, adli bilimlerden ekolojiye, DNA diagnostik çalışmalarından temel araştırmalara kadar her alanda basit, kolay ve hızlı olması nedenleriyle kullanılmaktadır (66). Kary Mullis tarafından 1988'de bulunan PCR hücre çekirdeği içerisinde gerçekleşen DNA replikasyonunun bir analogudur. Denaturasyon (A), bağlanma (B) ve uzama (C) olmak üzere üç aşamadan oluşmaktadır (Şekil 9). Nanogram (ng) düzeyindeki çok az miktardaki kalıp DNA'da istenen bölgelerin tekrarlayan kopyalarının çıkarılması için DNA polimeraz kullanılmaktadır (23, 25). DNA'nın her bir replikasyon döngüsünde iki katına DNA moleküllerinin sayısı ekponansiyonel olarak artar. Bu sayede başlangıçtaki az miktardaki kalıp DNA'dan yeterli miktarda DNA elde edilmiş olur. Örneğin 30 döngü boyunca amplifiye edilen tek bir DNA molekülünden 2^{30} (yaklaşık 1 milyar) adet yeni molekül elde edilir. Moleküler klonlama veya nükleotit dizi analizi gibi daha ileri analizler için gereken miktarlarda DNA tek bir DNA molekülünün amplifikasyonu ile elde edilebilir (24). Primerler kalıp DNA'da çoğaltılmak istenen bölgeye özel olarak üretilirler. PCR tekniğinde günümüzde en yaygın olarak kullanılan Taq polimeraz enzimidir. Taq DNA polimerazlar, yüksek sıcaklığa dayanıklı ve çok verimli enzimlerdir. PCR yönteminin başarısında; hedef DNA'nın konsantrasyonu, oligonükleotid primer, Mg²⁺, DNA polimeraz miktarları, DNA kalitesi ile bağlanma sıcaklığı gibi faktörler rol oynar (23, 67).

Adli bilimlerde PCR tekniğiyle çok düşük miktardaki DNA'yı (tek bir saç teli, sigara filtresi, kemik parçası, kan lekesi vs.) çoğaltma imkanı verdiği için tercih edilirler. Böylece kriminal olaylarda çeşitli delillerden elde edilen çok az miktarlardaki DNA'nın PCR tekniği ile çoğaltılabilmesi deliller ile suçlu bulma oranını artırır (68). Kısacası PCR tekniğiyle DNA'nın amaca en iyi hizmet edecek bölgelerinin çoğaltılması hedeflenir (69).

aatcgaaatgtgcccgtaacgattcgatgcgaaactaggagccctatcgat
ttagcttacacggggcatgctaagctacgctttgatcctcgggatagcta



Denatürasyon

aatcgaaatgtgcccgtaacgattcgatgcgaaactaggagccctatcgat
94°C

ttagcttacacggggcatgctaagctacgctttgatcctcgggatagcta



Bağlanma

aatcgaaatgtgcccgtaacgattcgatgcgaaactaggagccctatcgat
cggggcat
58°C

aactagg

ttagcttacacggggcatgctaagctacgctttgatcctcgggatagcta



Uzama

aatcgaaatgtgcccgtaacgattcgatgcgaaactaggagccctatcgat
cggggcatgc taagctacgctttgatcctcgggatagcta
72°C

aatcgaaatgtgcccgtaacgattcgatgcgaaactagg

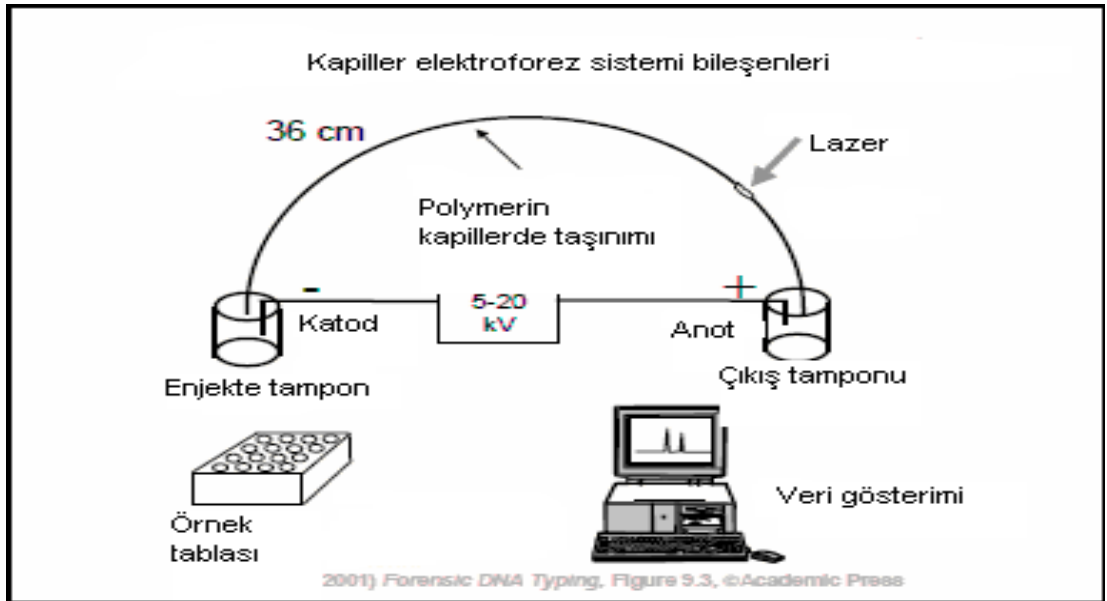
ttagcttacacggggcatgctaagctacgctttgatcctcgggatagcta

Şekil 9. PCR Kullanılarak DNA Molekülünün Amplifikasyon Basamakları

1.9.3. Kapiller Elektroforez

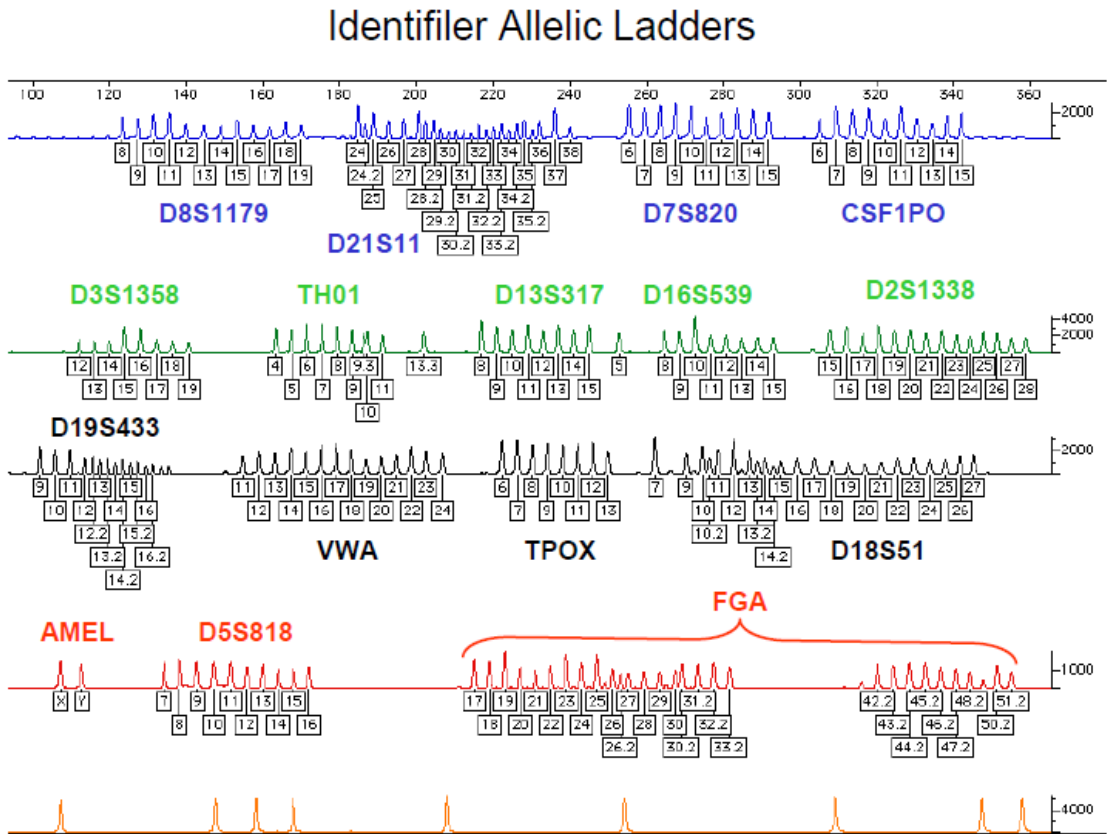
Kapiller elektroforez (CE) yöntemi elektroforetik hareket kabiliyeti, faz ayırımı ve moleküler boyuttaki farklılıklara bağlı olarak elektrokinetik ayırım yapmaktadır. Bu elektrokinetik ayırım; iki ucu açık, dış yüzeyi silika ile kaplanmış, yaklaşık 25-75 µm iç çaplı ve 15-100 cm uzunluğundaki silindir şeklinde kapillerlerle yapılır. Kapiller, elektrotları ve tamponu içeren iki cam hazne arasına yerleştirilirler ve kapillerler jel ile doldurulurlar. Daha sonra çok az miktardaki örnek, kapillerin bir ucuna elektrokinetik ve hidrodinamik teknikle yüklenir. Ayırım yüksek voltaj (yaklaşık 5-30 kV, 1-150 uA) uygulayarak yaklaşık 200-500 V/cm doğru akım altında yapılır. Kapillerdeki çözünür maddenin dağılımı temel olarak difüzyon ile kapiller duvarı-örnek etkileşimi, ısı ve iletkenlikteki değişkenliğe bağlı olarak elektroforetik dağılıma uyar (Şekil 10). Bu yöntemin en önemli avantajları çok az miktarda örnek gerektirmesi ve ileri derecede hassas bir lazer (LIF, laser induced fluorescence) teknolojisi ile hızlı ayırım gücü olmasıdır (23, 70, 71, 72, 73).

Kapiller Elektroforez birçok genetik hastalıkların tanısı ve adli tıpta genetik polimorfizmin saptanmasında kullanılır. Ayrıca mutasyon ve polimorfizm analizinde, SSCP (single strand conformation polymorphism), VNTR (variable number tandem repeat), STR (short tandem repeat) analizi ve DNA dizilemesi gibi bir çok çalışmada kapiller elektroforezden faydalanılır (70, 72, 74).



Şekil 10. Kapillerelektroforez (CE) Yöntemi (23)

Kapiller elektroforez cihazlarında anot ve katot kutuplar arasında uzanan bir kapiller, sıcaklığı sabit tutacak bir ısıtıcı bölge ve anot uca yakın bir bölgede lazer ışık kaynağı ile CCD kameradan meydana gelir. Ayrıca bu cihazlarda polimer dolduran bir şırınga ve her iki kutupta elektrik geçirgenliği sağlayacak tampon hazneleri vardır. Kapiller örnek tüpüne girerek PCR ile çoğaltılmış ve denatüre edilmiş DNA fragmanlarını elektrokinetik yöntemle kapiller içerisine alır. Daha sonra sabit voltaj ve sabit sıcaklıkta anot kutba doğru hareket eden DNA fragmanları kapillerin silika ile kaplanmamış bölgesinden geçerken lazer ışığını bağılandıkları primerin rengine göre değişik dalga boylarında yansıtarak CCD kamera tarafından algılanırlar. Uygun bilgisayar yazılımları ile bu veriler değerlendirilir. Sonuçlar ekranda büyüklük ve yoğunluğu ifade eden pikler şeklinde görünürler (Şekil 11). Bu pikler bahsedilen yazılım tarafından daha önce bu yazılıma tanıtılan floresan boyalı ve fragman büyüklüğü bilinen allelik ladder (AL)'larla karşılaştırılarak değerlendirilmektedir (Şekil 11) (70, 71, 72).

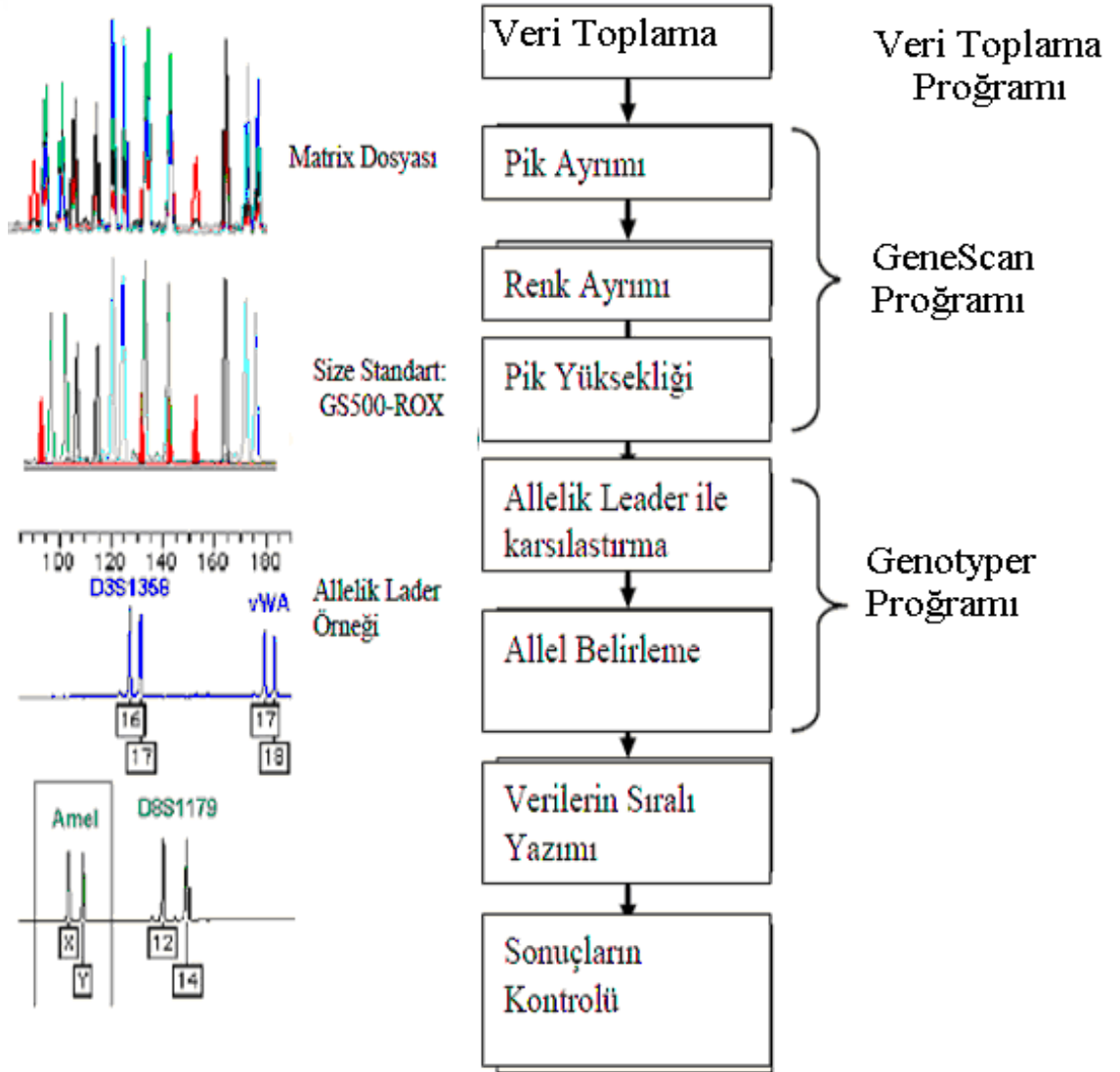


Şekil 11. STR Lokuslarının Size Standart Eşliğinde Yürütülerek allelic leader Basamağı İle Okunması (75).

1.9.4. STR Lokus Allellerinin Belirlenmesi

İnsan STR lokus allelleri belirlenirken PCR örneği Formamid içerisinde çözülerek Gen Liz Size Standard kullanılıp standart değerler olan 100-139-150-160-200-300-340-350-400 bp uzunluk aralıklarına uyacak şekilde yürütülür. Kapiller elektroforezde DNA tekrar bölgelerini istenen bir çözünürlükte düşük vizkosite sağlayıp formüle eden Performance Optimized Polymer (POP)'le yürütülerek, cihaza bağlı bilgisayarın Data collection'da analiz edilip pik değerleri çıkartılır. Bulunan değerler allelik ladders referans alınarak karşılaştırma yapılır (Şekil 12) (23).

STR Allellerini Belirleme Basamakları



Şekil 12. STR Allellerini Belirlenmesi (23).

2. GEREÇ VE YÖNTEM

Çalışmamız için; Fırat Üniversitesi Hastanesi Adli Tıp Anabilim Dalı DNA Laboratuvarı'nda DNA analizi için çalışılan örneklerle ait sonuç dataları Fırat Üniversitesi Girişimsel Olmayan Araştırmalar Etik Kurulu'ndan etik onayı ve Adli Tıp Anabilim Dalı'ndan izin alınarak temin edilerek çalışma için gerekli olan verilere ulaşıldı

Adli Tıp Anabilim Dalı DNA Laboratuvarında DNA verilerinin elde edilme basamakları:

İzolasyon: Kan, kıl, swap ve adli örneklerden (sigara izmariti, elbise v.b.) DNA ekstraksiyonu QIAamp DNA Mini Kit (Qiagen) kullanım protokolü dikkate alınarak yapılmıştır.

PCR: İzolasyonu tamamlanan 1 ng genetic DNA materyalinden 15 STR lokusu (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S53S, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA) amplikiye etmek için AmpF/STR identifiler PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) kullanılmıştır.

Elektroforez ve Tiplendirme: Amplikiye olmuş PCR materyali size standart olarak kullanılan GeneScan500-LIZ ile ABI PRISM 310 Genetic Analyzer cihazına yüklenmiştir Kapiller elektroforezde analiz edilip pik değerleri GeneMapper ID software version 3.2 ile çıkartıldı. Referans Allelic Leadar dikkate alınarak 15 STR DNA verisi elde edilmiştir.

Çalışmada; 01.01.2008 – 31.12.2014 tarihleri arasında Fırat Üniversitesi Adli Tıp Anabilim Dalı DNA Laboratuvarında nesep tayini ve adli olayların çözümü için gönderilen örnekler üzerinden elde edilen DNA verileri incelendi. Çalışmamızda 802 akraba olmayan bireye ait veriye ulaşıldı ve bu veriler çalışılan kişilerin isimlerini ve adli olaylarla ilgili herhangi bir bilgi içermeksizin elde edildi. Çalışmamızda Doğu Anadolu Bölgesinin popülasyon genetiğini saptamak için insan DNA'sının 15 Otozomal STR Lokusu (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S53S, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA) baz alınarak allel sıklıkları bulundu.

Çalışmamıza alınan DNA verileri içerisinde; akrabalık bağı bulunan kişilere ait veriler ile Doğu Anadolu Bölgesi dışındaki bölgelere ait veriler dışlanmıştır. Veriler toplanırken çalıştığımız evrenin (Doğu Anadolu Bölgesi) tamamını yansıtması için tüm illerden eşit sayıda bireye ait DNA dataları toplanmaya çalışılmıştır.

Tüm veriler bir TextPad dosyasına kaydedilerek Arlequin Software 3.5 ve PowerStats V1.2 programlarında allel frekansları bulunarak her lokus kendi arasında karşılaştırılarak genetik uzaklıklar belirlenip, farklılıklar istatistiksel olarak değerlendirildi. Tüm genotip verilerinin allel frekansları, Hardy-Weinberg (HW) dengesine uyumu, heterozigotluk (h) ve homozigotluk (H) oranları, dışlama gücü (PE), ayırım gücü (PD), uyuşma olasılığı (PM), tipik babalık indeksi (TPI), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluk değerleri dikkate alınarak standart χ^2 analizi ile ($p>0,05$) kontrol edilip, HW dengesiyle uyumlu olup olmadığına bakıldı. Allel frekanslarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine göre uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P değeri ($p<0,05$) dikkate alınarak kontrol edildi. Ayrıca P değeri 0,05'den düşük olan lokuslar için Bonferroni düzeltmesi ($\alpha=0,05/15=0,00333$) uygulandıktan sonra P değerinin ($p>0,0033$) Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyup uymadığı incelendi.

Bonferroni düzeltmesi; bağımlı veya bağımsız istatistiksel testlerde, aynı anda çoklu karşılaştırmalarda kullanılan bir α değeri ($\alpha=0,05$), yalancı pozitif veya bizim çalışmamız için olabilecek boş allel düzeltmelerinde, bu α tipi hatayı 0,05'in altına çekmek için kullanılmaktadır. 15 STR lokusu için Bonferroni düzeltmesi $\alpha=0,05/15=0,0033$ olarak hesaplandı. Bu hesaplanan yeni değer kullanılması "Bonferroni düzeltmesi" olarak isimlendirilmektedir.

Ayrıca 15 STR lokusuna ait verilerimiz literatürde bulunan ülkemiz ve diğer dünya popülasyonlarını konu alan değişik çalışmalardan elde edilen allel frekansları ile karşılaştırıldı ve farklılık istatistiksel olarak Arlequin 3.5 programı kullanılarak değerlendirildi. Diğer popülasyonlarla allel frekansları karşılaştırılırken Markov zinciri ve Exact test P değeri ($p<0,05$) alınıp Bonferroni düzeltmesi ($\alpha=0,05/15=0,00333$) uygulanarak P değeri ($p<0,0033$) olarak dikkate alındı. Ayrıca ırklar arası geçiş hakkında bilgi veren FST (fiksasyon testi) testi P değeri ($p<0,05$) kullanılarak diğer popülasyonlar ile Doğu Anadolu Bölgesi popülasyonu arasındaki genetik mesafe incelendi.

3. BULGULAR

3.1. D8S1179 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 148 homozigot allel çifti 654 heterozigot allel çifti bulundu. D8S1179 lokusuna ait toplam 11 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 13 (389 kez), en az gözlenen allel 18 (2 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 13-14 allel çifti bulunmuştur. 19 alleli ise çalışığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.81546 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.83202 ve P değeri 0.25117 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,81, tipik babalık indeksi (TPI) değeri: 2,71 ve dışlama gücü (PE) değeri:0,628, ayırlama gücü (PD) değeri: 0,949 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,051 olarak bulundu (Tablo 16).

Tablo 16. D8S1179 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikleri		D8S1179		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma Olasılığı (MP)	0,051	8	1,2%	19
Ayırlama Gücü (PD)	0,949	9	1,4%	22
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,81	10	7,9%	126
Dışlama gücü (PE)	0,628	11	8,9%	142
Tipik Babalık İndeksi (TPI)	2,71	12	11,0%	177
Allel Frekansları		13	24,3%	389
Homozigot	18,5%	14	23,8%	381
Heterozigot	81,5%	15	15,5%	249
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.81546	16	5,0%	81
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.83202	17	1,0%	16
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.25117	18	0,1%	2
Toplam Allel	1604			

3.2. D21S11 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 136 homozigot allel çifti 666 heterozigot allel çifti bulundu. D21S11 lokusuna ait toplam 15 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 24.2, 26, 27, 28, 29, 29.2, 30, 30.2, 31, 31.2, 32, 32.2, 33, 33.2, 34.2 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 29 (337 kez), en az gözlenen alleller 24.2 ve 29,2 (1'erkez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 28-30 allel çifti bulunmuştur. 24, 25, 34, 35, 36, 37 ve 38 allelleri ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.83042 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.85036 ve P değeri 0.69124 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,83, tipik babalık indeks (TPI) değeri: 2,95 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,657, ayırtılma gücü (PD) değeri: 0,960 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,040 olarak bulundu (Tablo 17).

Tablo 17. D21S11 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		D21S11		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,040	24,2	0,1%	1
Ayırtılma Gücü (PD)	0,960	26	0,4%	6
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,83	27	2,8%	45
Dışlama gücü (PE)	0,657	28	17,8%	286
Tipik babalık indeksi (TPI)	2,95	29	21,0%	337
		29,2	0,1%	1
		30	20,3%	326
		30,2	2,8%	45
Allel Frekansları		31	4,4%	71
Homozigot	17,0%	31,2	12,3%	198
Heterozigot	83,0%	32	1,1%	17
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.83042	32,2	10,4%	167
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.85036	33	0,3%	5
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.69124	33,2	5,6%	90
Toplam Allel	1604	34,2	0,6%	9

3.3. D7S820 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 174 homozigot allel çifti 628 heterozigot allel çifti bulundu. D7S820 lokusuna ait toplam 7 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 7, 8, 9 10, 11, 12, 13 dur. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 10 (423 kez), en az gözlenen allel 13 (42 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 10-11 allel çifti bulunmuştur. 6, 14 ve 15 allelleri ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.78304 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.80133 ve P değeri 0.80387 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,77, tipik babalık indeks (TPI) değeri: 2,30 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,568, ayırlama gücü (PD) değeri: 0,933 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,067 olarak bulundu (Tablo 18).

Tablo 18. D7S820 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		D7S820		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,067	7	3,1%	49
Ayırlama Gücü (PD)	0,933	8	18,4%	295
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,77	9	9,2%	148
Dışlama gücü (PE)	0,568	10	26,4%	423
Tipik babalık indeksi (TPI)	2,30	11	24,8%	398
Allel Frekansları		12	15,5%	249
Homozigot	21,7%	13	2,6%	42
Heterozigot	78,3%			
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.78304			
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.80133			
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.80387			
Toplam Allel	1604			

3.4. CSF1PO Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 233 homozigot allel çifti 569 heterozigot allel çifti bulundu. CSF1PO lokusuna ait toplam 9 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 11 (529 kez), en az gözlenen alleller 7 ve 15 (2'şer kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 11-12 allel çifti bulunmuştur. 6 allelli ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.70948 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.72456 ve P değeri 0.37554 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,67, tipik babalık indeksi (TPI) değeri: 1,72 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,443, ayırlama gücü (PD) değeri: 0,874 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,126 olarak bulundu (Tablo 19).

Tablo 19. CSF1PO Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		CSF1PO		
		Allel	Frekans (%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,126	7	0,1%	2
Ayırlama Gücü (PD)	0,874	8	0,3%	5
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,67	9	2,5%	40
Dışlama gücü (PE)	0,443	10	27,1%	434
Tipik babalık indeksi (TPI)	1,72	11	33,0%	529
Allel Frekansları				
Homozigot	29,1%	12	29,8%	478
Heterozigot	70,9%	13	6,7%	107
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.70948	14	0,4%	7
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.72456	15	0,1%	2
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.37554			
Toplam Allel	1604			

3.5. D3S1358 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 188 homozigot allel çifti 614 heterozigot allel çifti bulundu. D3S1358 lokusuna ait toplam 8 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 15 (456 kez), en az gözlenen allel 20 (1 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 15-16 allel çifti bulunmuştur. 12 allelli ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.76559 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.76701 ve P değeri 0.45326 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,73, tipik babalık indeks (TPI) değeri: 2,13 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,537, ayırtılma gücü (PD) değeri: 0,907 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,093 olarak bulundu (Tablo 20).

Tablo 20. D3S1358 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		D3S1358		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,093	13	0,2%	4
Ayırtılma Gücü (PD)	0,907	14	5,9%	95
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,73	15	28,4%	456
Dışlama gücü (PE)	0,537	16	27,9%	447
Tipik babalık indeksi (TPI)	2,13	17	23,3%	374
Allel Frekansları		18	13,0%	209
Homozigot	23,4%	19	1,1%	18
Heterozigot	76,6%	20	0,1%	1
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.76559			
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.76701			
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.45326			
Toplam Allel	1604			

3.6. TH01 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 161 homozigot allel çifti 641 heterozigot allel çifti bulundu. TH01 lokusuna ait toplam 7 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 6, 7, 8, 9, 9.3, 10, 11 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 6 (438 kez), en az gözlenen allel 11 (5 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 6-9 allel çifti bulunmuştur. 4, 5 ve 13.3 allelleri ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.79925 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.79656 ve P değeri 0.60638 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,76, tipik babalık indeks (TPI) değeri: 2,49 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,598, ayırlama gücü (PD) değeri: 0,927 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,073 olarak bulundu (Tablo 21).

Tablo 21. TH01 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		TH01		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,073			
Ayırlama Gücü (PD)	0,927	6	27,3%	438
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,76	7	17,3%	278
Dışlama gücü (PE)	0,598	8	13,7%	220
Tipik babalık indeksi (TPI)	2,49	9	21,8%	350
Allel Frekansları		9,3	18,1%	290
Homozigot	20,1%	10	1,4%	23
Heterozigot	79,9%	11	0,3%	5
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.79925			
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.79656			
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.60638			
Toplam Allel	1604			

3.7. D13S317 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 205 homozigot allel çifti 597 heterozigot allel çifti bulundu. D13S317 lokusuna ait toplam 7 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 dür. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 12 (543 kez), en az gözlenen allel 14 (47 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 11-12 allel çifti bulunmuştur. 15 allelli ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.74439 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.78144 ve P değeri 0.08043 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,75, tipik babalık indeks (TPI) değeri: 1,96 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,500, ayırlama gücü (PD) değeri: 0,922 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,078 olarak bulundu (Tablo 22).

Tablo 22. D13S317 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		D13S317		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,078	8	11,6%	186
Ayırlama Gücü (PD)	0,922	9	6,2%	99
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,75	10	7,9%	126
Dışlama gücü (PE)	0,500	11	25,7%	412
Tipik babalık indeksi (TPI)	1,96	12	33,9%	543
Allel Frekansları				
Homozigot	25,6%	13	11,9%	191
Heterozigot	74,4%	14	2,9%	47
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.74439			
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.78144			
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.08043			
Toplam Allel	1604			

3.8. D16S539 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 187 homozigot allel çifti 615 heterozigot allel çifti bulundu. D16S539 lokusuna ait toplam 9 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 6, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 12 (479 kez), en az gözlenen allel 6 (1 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 11-12 allel çifti bulunmuştur. 5 alleli ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.76683 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.78158 ve P değeri 0.10977 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,75, tipik babalık indeks (TPI) değeri: 2,14 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,539, ayırtlama gücü (PD) değeri: 0,922 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,078 olarak bulundu (Tablo 23).

Tablo 23. D16S539 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		D16S539		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,078			
Ayırtlama Gücü (PD)	0,922	6	0,1%	1
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,75	8	5,2%	83
Dışlama gücü (PE)	0,539	9	14,4%	231
Tipik babalık indeksi (TPI)	2,14	10	8,7%	139
Allel Frekansları		11	29,4%	472
Homozigot	23,3%	12	29,9%	479
Heterozigot	76,7%	13	11,0%	176
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.76683	14	1,3%	21
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.78158	15	0,1%	2
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.10977			
Toplam Allel	1604			

3.9. D2S1338 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 118 homozigot allel çifti 684 heterozigot allel çifti bulundu. D2S1338 lokusuna ait toplam 15 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen alleller 17 (304 kez), en az gözlenen alleller 14 ve 28 (1'er kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 17-20 allel çifti bulunmuştur. Allelic leaderda bulunan tüm alleller bulunmuştur. Ayrıca allelic leaderda bulunmayan 14 alleli bu popülasyonda tespit edilmiştir (Şekil 13).

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.85287 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.88025 ve P değeri 0.00867 olarak bulundu. P değerinin Bonferroni düzeltilmesi uygulandıktan sonra ($P > 0,0033$) Hardy-Weinberg(HW) eşitliğine uyduğu gözlemlendi. Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,87, tipik babalık indeksi (TPI) değeri: 3,40 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,701, ayırtılma gücü (PD) değeri: 0,973 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,027 olarak bulundu (Tablo 24).

Tablo 24. D2S1338 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		D2S1338		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,027	14	0,1%	1
Ayırtılma Gücü (PD)	0,973	15	0,1%	2
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,87	16	4,0%	64
Dışlama gücü (PE)	0,701	17	19,0%	304
Tipik babalık indeksi (TPI)	3,40	18	11,7%	188
		19	11,2%	180
		20	13,5%	216
Allel Frekansları		21	5,4%	87
Homozigot	14,7%	22	4,6%	74
Heterozigot	85,3%	23	15,3%	245
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.85287	24	8,3%	133
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.88025	25	5,4%	87
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.00867	26	0,9%	14
Toplam Allel	1604	27	0,5%	8
		28	0,1%	1



Şekil 13. D2S1338 lokusunda Allelic leaderda bulunmayan, çalışmamızda tespit ettiğimiz 14 allelini gösteren Electropherograms.

3.10. D19S433 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 151 homozigot allel çifti 651 heterozigot allel çifti bulundu. D19S433 lokusuna ait toplam 13 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 9, 11, 12, 13, 13.2, 14, 14.2, 15, 15.2, 16, 16.2, 17, 17.2 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 14 (426 kez), en az gözlenen allel 9 (1 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 13-14 allel çifti bulunmuştur. 10 ve 12.2 allelleri ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.81172 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.82944 ve P değeri 0.08740 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,81, tipik babalık indeksi (TPI) değeri: 2,66 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,621, ayırtılma gücü (PD) değeri: 0,948 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,052 olarak bulundu (Tablo 25).

Tablo 25. D19S433 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

		<i>D19S433</i>		
Adli Genetik İstatistikler		<i>Allel</i>	<i>Frekans(%)</i>	<i>Sayı</i>
Uyuşma olasılığı (MP)	0,052	9	0,1%	1
Ayırtılma Gücü (PD)	0,948	11	0,6%	10
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,81	12	10,0%	160
Dışlama gücü (PE)	0,621	13	24,6%	395
Tipik babalık indeksi (TPI)	2,66	13,2	2,1%	33
		14	26,6%	426
Allel Frekansları		14,2	4,1%	66
Homozigot	18,8%	15	11,3%	181
Heterozigot	81,2%	15,2	10,2%	163
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.81172	16	5,8%	93
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.82944	16,2	3,6%	58
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.08740	17	0,6%	10
Toplam Allel	1604	17,2	0,5%	8

3.11. vWA Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 190 homozigot allel çifti 612 heterozigot allel çifti bulundu. vWA lokusuna ait toplam 10 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 17 (465 kez), en az gözlenen allel 21 (1 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 16-17 allel çifti bulunmuştur. 11, 22, 23 ve 24 allelleri ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.76309 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.80418 ve P değeri 0.07907 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,78, tipik babalık indeks (TPI) değeri: 2,11 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,532, ayırlama gücü (PD) değeri: 0,935 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,065 olarak bulundu (Tablo 26).

Tablo 26. vWA Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		vWA		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,065	12	0,2%	3
Ayırlama Gücü (PD)	0,935	13	1,1%	17
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,78	14	8,2%	132
Dışlama gücü (PE)	0,532	15	9,4%	151
Tipik babalık indeksi (TPI)	2,11	16	22,4%	360
Allel Frekansları				
Homozigot	23,7%	17	29,0%	465
Heterozigot	76,3%	18	19,6%	315
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.76309	19	8,6%	138
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.80418	20	1,4%	22
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.07907	21	0,1%	1
Toplam Allel	1604			

3.12. TPOX Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 262 homozigot allel çifti 540 heterozigot allel çifti bulundu. TPOX lokusuna ait toplam 8 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 8 (800 kez), en az gözlenen allel 13 (2 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 8-11 allel çifti bulunmuştur. Allelic leaderda bulunan tüm alleller bulunmuştur.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.67332 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.66848 ve P değeri 0.06267 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,62, tipik babalık indeksi (TPI) değeri: 1,53 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,388, ayırtılma gücü (PD) değeri: 0,840 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,160 olarak bulundu (Tablo 27).

Tablo 27. TPOX Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		TPOX		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,160	6	0,2%	4
Ayırtılma Gücü (PD)	0,840	7	0,2%	4
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,62	8	49,9%	800
Dışlama gücü (PE)	0,388	9	12,6%	202
Tipik babalık indeksi (TPI)	1,53	10	9,7%	156
Allel Frekansları		11	23,8%	382
Homozigot	32,7%	12	3,4%	54
Heterozigot	67,3%	13	0,1%	2
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.67332			
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.66848			
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.06267			
Total Alleles	1604			

3.13. D18S51 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 128 homozigot allel çifti 674 heterozigot allel çifti bulundu. D18S51 lokusuna ait toplam 14 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23 dur. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 14 (309 kez), en az gözlenen allel 23 (1 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 13-14 ve 14-15 allel çiftleri bulunmuştur. 9, 24, 25, 26 ve 27 allelleri ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.84040 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.87339 ve P değeri 0.06671 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,86, tipik babalık indeks (TPI) değeri: 3,13 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,676, ayırlama gücü (PD) değeri: 0,970 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,030 olarak bulundu (Tablo 28).

Tablo 28. D18S51 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

		<i>D18S51</i>		
Adli Genetik İstatistikler		<i>Allel</i>	<i>Frekans(%)</i>	<i>Sayı</i>
Uyuşma olasılığı (MP)	0,030	10	0,5%	8
Ayırlama Gücü (PD)	0,970	11	3,2%	51
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,86	12	12,7%	204
Dışlama gücü (PE)	0,676	13	13,9%	223
Tipik babalık indeksi (TPI)	3,13	14	19,3%	309
		15	14,5%	232
Allel Frekansları		16	12,2%	196
Homozigot	16,0%	17	10,8%	173
Heterozigot	84,0%	18	5,9%	94
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.84040	19	4,7%	76
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.87339	20	1,8%	29
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.06671	21	0,3%	5
Toplam Allel	1604	22	0,2%	3
		23	0,1%	1

3.14. D5S818 Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 223 homozigot allel çifti 579 heterozigot allel çifti bulundu. D5S818 lokusuna ait toplam 8 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15 dir. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 12 (555 kez), en az gözlenen allel 15 (2 kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 11-12 allel çifti bulunmuştur. 7 ve 16 allelleri ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.74439 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.78144 ve P değeri 0.08043 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,69, tipik babalık indeks (TPI) değeri: 1,80 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,463, ayırlama gücü (PD) değeri: 0,886 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,114 olarak bulundu (Tablo 29).

Tablo 29. D5S818 Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

Adli Genetik İstatistikler		D5S818		
		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,114			
Ayırlama Gücü (PD)	0,886	8	0,3%	5
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,69	9	6,0%	97
Dışlama gücü (PE)	0,463	10	10,0%	160
Tipik babalık indeksi (TPI)	1,80	11	32,7%	525
Allel Frekansları		12	34,6%	555
Homozigot	27,8%	13	15,5%	249
Heterozigot	72,2%	14	0,7%	11
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.72195	15	0,1%	2
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.73584			
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.91798			
Toplam Allel	1604			

3.15. FGA Lokusu

Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki illerin nüfusuna kayıtlı 802 kişiye ait veriler incelendi. 802 birey içerisinde 128 homozigot allel çifti 674 heterozigot allel çifti bulundu. FGA lokusuna ait toplam 13 adet allel gözlenmiştir. Bu alleller sırasıyla 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 29 dur. 1604 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel 24 (302 kez), en az gözlenen alleller 16, 17 ve 29 (1'er kez) olarak saptandı. En fazla gözlenen fenotip olarak 23-24 allel çifti bulunmuştur. 28 ve 30allelleri ise çalıştığımız popülasyonda bulunmamıştır.

Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.84040 ve beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.85609 ve P değeri 0.10197 olarak bulundu. P değerinin Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumlu olduğu ($P>0,05$) gözlemlendi.

Genetik istatistiksel değerler incelendiğinde; Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri: 0,84, tipik babalık indeksi (TPI) değeri: 3,13 ve dışlama gücü (PE) değeri: 0,676, ayırlama gücü (PD) değeri: 0,961 ve uyuşma olasılığı (MP) değeri: 0,039 olarak bulundu (Tablo 30).

Tablo 30. FGA Lokusu Allel Verileri ve İstatistiksel Parametreler

		FGA		
Adli Genetik İstatistikler		Allel	Frekans(%)	Sayı
Uyuşma olasılığı (MP)	0,039	16	0,1%	1
Ayırlama Gücü (PD)	0,961	17	0,1%	1
Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC)	0,84	18	0,7%	12
Dışlama gücü (PE)	0,676	19	4,0%	64
Tipik babalık indeksi (TPI)	3,13	20	9,2%	148
		21	16,4%	263
Allel Frekansları		22	16,2%	260
Homozigot	16,0%	23	17,6%	283
Heterozigot	84,0%	24	18,8%	302
Gözlenen Homozigotluk (HO)	0.84040	25	10,6%	170
Gözlenen Heterozigotluk (HE)	0.85609	26	5,7%	92
P değeri (Hardy-Weingberg Eşitliği)	0.10197	27	0,4%	7
Toplam Allel	1604	29	0,1%	1

Allel frekanslarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine göre uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P değeri ($p<0,05$) dikkate alınarak kontrol edildi ve bir lokus hariç tüm lokusların HW eşitliğine uyduğu tespit edildi. Sadece D2S1338 lokusu için P değeri 0.00867 olarak saptandı. P değeri $p<0,05$ olduğu için Bonferroni düzeltmesi ($\alpha=0,05/15=0,00333$) uygulandıktan sonra P değerinin ($p>0,0033$) Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyduğu gözlemlendi.

15 STR lokusuna ait verilerimiz literatürde bulunan ülkemiz ve diğer dünya popülasyonlarını (KKTC, Irak, İran, Yunanistan, Azerbaycan, Mısır, Romanya, İtalya, Arjantin, Japonya) konu alan değişik çalışmalardan elde edilen allel frekansları ile karşılaştırıldı ve farklılık istatistiksel olarak değerlendirildi (Tablo 33). Diğer popülasyonlarla allel frekansları karşılaştırılırken Markov zinciri ve Exact test P değeri ($P<0,05$) alınıp Bonferroni düzeltmesi ($\alpha=0,05/15=0,00333$) uygulanarak P değeri ($P<0,0033$) olarak dikkate alındı (Tablo 33).

Gürkan ve ark. (2014) KKTC'de yapılan çalışması ile 1 lokusda (FGA), Hedjazi ve ark. (2013) İran'da yapılan çalışması ile 1 lokusda (FGA), Sanchez-Diz ve ark. (2008) Yunanistan'da yapılan çalışması ile 1 lokusda (FGA), Brisighelli ve ark. (2009) İtalya'da yapılan çalışması ile 1 lokusda (FGA), Anghel ve ark. (2014) Romanya'da yapılan çalışması ile 4 lokusda (D8S1179, THO1, D16S539, FGA), Omran ve ark. (2009) Mısır'da yapılan çalışması ile 5 lokusda (THO1, TPOX, D18S51, D5S818, FGA), Borosky ve ark. (2014) Arjantin'de yapılan çalışması ile 6 lokusda (D21S11, D7S820, THO1, D13S317, D5S818, FGA), Schlebusch ve ark. (2012) Güney Afrika'da yapılan çalışması ile 11 lokusda (D8S1179, D21S11, CSF1PO, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, TPOX, D18S51, FGA), Castillo ve ark. (2013) Kolombiya'da yapılan çalışması ile 11 lokusda (D8S1179, D21S11, D7S820, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, vWA, TPOX, D5S818, FGA), Liu ve ark. (2013) Çin'de yapılan çalışması ile 11 lokusda (D8S1179, D21S11, D7S820, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D18S51, D5S818, FGA), Ozeki ve ark. (2013) Japonya'da yapılan çalışması ile 13 lokusda (D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818) istatistiksel olarak anlamlı fark ($p<0,0033$) tespit edildi. Bülbül ve ark. (2014) Türkiye'de, Çakır ve ark. (2003) Van-Ağrı'da, Barni ve ark. (2003) Irak'ta, Nasibov ve ark. (2013) Azerbaycan'da yaptığı

çalışmalarla ise 15 STR lokusu için anlamlı fark tespit edilmedi (76, 77, 78, 80, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 98, 102).

Ayrıca ırklar arası geçiş hakkında bilgi veren FST (fiksasyon testi) testi P değeri ($P < 0,05$) alınıp kullanılarak diğer popülasyonlar ile Doğu Anadolu Bölgesi popülasyonu arasındaki genetik mesafe incelendi (Tablo 34). Hedjazi ve ark. (2013) İran'da yapılan çalışması ile 1 lokusda (D16S539), Nasibov ve ark. (2013) Azerbaycan'da yapılan çalışması ile 1 lokusda (D8S1179), Gürkan ve ark. (2014) KKTC'de yapılan çalışması ile 2 lokusda (D16S539, FGA), Sanchez-Diz ve ark. (2008) Yunanistan'da yapılan çalışması ile 2 lokusda (D13S317, FGA), Barni ve ark. (2003) Irak'ta yapılan çalışması ile 3 lokus da (D3S1358, D13S317, D19S433), Omran ve ark. (2009) Mısır'da yapılan çalışması ile 3 lokusda (D21S11, THO1, D5S818), Anghel ve ark. (2014) Romanya'da yapılan çalışması ile 3 lokusda (D8S1179, THO1, D13S317), Brisighelli ve ark. (2009) İtalya'da yapılan çalışması ile 3 lokusda (D8S1179, FGA, D5S818), Borosky ve ark. (2014) Arjantin'de yapılan çalışması ile 7 lokusda (D21S11, D7S820, THO1, D13S317, D19S433, D5S818, FGA), Schlebusch ve ark. (2012) Güney Afrika'da yapılan çalışması ile 10 lokusda (D8S1179, D21S11, CSF1PO, THO1, D16S539, D2S1338, D19S433, TPOX, D18S51, FGA), Castillo ve ark. (2013) Kolombiya'da yapılan çalışması ile 11 lokusda (D8S1179, D21S11, D7S820, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, vWA, TPOX, D5S818, FGA), Liu ve ark. (2013) Çin'de yapılan çalışması ile 12 lokusda (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D18S51, D5S818, FGA), Ozeki ve ark. (2013) Japonya'da yapılan çalışması ile 13 lokusda (D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818) istatistiksel olarak anlamlı fark ($p < 0,05$) tespit edildi. Bülbül ve ark. (2014) Türkiye'de, Çakır ve ark. (2003) Van-Ağrı'da yaptığı çalışmalarla ise 15 STR lokusu için FST (fiksasyon testi) testi P değerinde istatistiksel olarak anlamlı fark tespit edilmedi (76, 77, 78, 80, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 98, 102).

Tablo 31. Doğu Anadolu Bölgesinde 802 Bireye Ait 15 STR Lokusu Allel Frekansları

Allele	D8S11 79	D21S1 1	D7S82 0	CSF1P O	D3S13 58	TH01	D13S3 17	D16S5 39	D2S13 38	D19S4 33	vWA	TPO X	D18S51	D5S818	FGA
6						0,273		0,001				0,002			
7			0,031	0,001		0,173						0,002			
8	0,012		0,184	0,003		0,137	0,116	0,052				0,499		0,003	
9	0,014		0,092	0,025		0,218	0,062	0,144		0,001		0,126		0,060	
9,3						0,181									
10	0,079		0,264	0,271		0,014	0,079	0,087				0,097	0,005	0,100	
11	0,089		0,248	0,330		0,003	0,257	0,294		0,006		0,238	0,032	0,327	
12	0,110		0,151	0,298			0,339	0,299		0,100	0,002	0,034	0,127	0,346	
13	0,243		0,026	0,067	0,002		0,119	0,110		0,246	0,011	0,001	0,139	0,155	
13,2										0,021					
14	0,238			0,004	0,059		0,029	0,013	0,001	0,266	0,082		0,193	0,007	
14,2										0,041					
15	0,155			0,001	0,284			0,001	0,001	0,113	0,094		0,145	0,001	
15,2										0,102					
16	0,050				0,279				0,040	0,058	0,224		0,122		0,001
16,2										0,036					
17	0,010				0,233				0,190	0,006	0,290		0,108		0,001
17,2										0,005					
18	0,001				0,130				0,117		0,196		0,059		0,007
19					0,011				0,112		0,086		0,047		0,040
20					0,001				0,135		0,014		0,018		0,092
21									0,054		0,001		0,003		0,164
22									0,046				0,002		0,162
23									0,153				0,001		0,176
24									0,083						0,188
24,2		0,001													
25									0,054						0,106
26		0,004							0,009						0,057
27		0,028							0,005						0,004
28		0,178							0,001						
29		0,210													0,001
29,2		0,001													
30		0,203													
30,2		0,028													
31		0,044													
31,2		0,123													
32		0,011													
32,2		0,104													
33		0,003													
33,2		0,056													
34,2		0,006													
Total allel	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604

Tablo 32. Doğu Anadolu Bölgesinde 802 Bireye Ait 15 STR Lokusu İstatiksel Parametreler

Allele	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
Ho	0.81546	0.83042	0.78304	0.70948	0.76559	0.79925	0.74439	0.76683	0.85287	0.81172	0.76309	0.67332	0.84040	0.72195	0.84040
He	0.83202	0.85036	0.80133	0.72456	0.76701	0.79656	0.78144	0.78158	0.88025	0.82944	0.80418	0.66848	0.87339	0.73584	0.85609
P	0.25117	0.69124	0.80387	0.37554	0.45326	0.60638	0.08043	0.10977	0.00867	0.08740	0.07907	0.06267	0.06671	0.91798	0.10197
MP	0,051	0,040	0,067	0,126	0,093	0,073	0,078	0,078	0,027	0,052	0,065	0,160	0,030	0,114	0,039
PD	0,949	0,960	0,933	0,874	0,907	0,927	0,922	0,922	0,973	0,948	0,935	0,840	0,970	0,886	0,961
PIC	0,81	0,83	0,77	0,67	0,73	0,76	0,75	0,75	0,87	0,81	0,78	0,62	0,86	0,69	0,84
PE	0,628	0,657	0,568	0,443	0,537	0,598	0,500	0,539	0,701	0,621	0,532	0,388	0,676	0,463	0,676
TPI	2,71	2,95	2,30	1,72	2,13	2,49	1,96	2,14	3,40	2,66	2,11	1,53	3,13	1,80	3,13
Total alleles	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604	1604

Ho: Gözlenen Heterozigotluk, **He:** Beklenen Heterozigotluk, **P :**Hardy-Weinberg Dengesi için Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P değeri, **MP :** Uyuşma Olasılığı, **PD :** Ayırma Gücü, **PIC :** Polimorfik Bilgi İçeriği, **PE :** Dışlama Gücü, **TPI :** Tipik Babalık İndeksi

Tablo 33. Doğu Anadolu Bölgesi Popülasyonu ile Türkiye ve Diğer Ülke Popülasyonlarının Karşılaştırılması

POPÜLASYON	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	THO1	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
TÜRKİYE 1	0.32610	0.19954	0.33689	0.51402	0.89927	0.57528	0.63959	0.46161	0.99918	0.63152	0.72051	0.90578	0.40828	0.76404	0.07950
TÜRKİYE 2	0.96428	0.59384	0.27914	0.65002	0.35545	0.06621	0.48353	0.77247			0.92556	0.71860	0.24772	0.83074	0.38039
KKTC	0.57859	0.17931	0.08115	0.77869	0.17685	0.44031	0.01063	0.00532	0.17428	0.11707	0.25884	0.08752	0.02240	0.40873	0.00019
IRAK	0.40050	0.37728	0.66810	0.34223	0.10995	0.86671	0.01695	0.93538	0.34249	0.06651	0.26103	0.57334	0.93918	0.49002	0.26012
İRAN	0.85431	0.54641	0.74942	0.95076	0.70805	0.81811	0.04053	0.14730	0.58936	0.55278	0.37252	0.83880	0.19571	0.04885	0.00219
YUNANİSTAN	0.33029	0.23805	0.05270	0.98313	0.55017	0.30865	0.03071	0.12638	0.18238	0.16687	0.84895	0.77232	0.35576	0.03679	0.00140
AZERBAYCAN	0.24926	0.58810	0.81866	0.62502	0.75755	0.51617	0.15195	0.52241	0.37355	0.48025	0.45430	0.91108	0.43427	0.42253	0.00776
MISIR	0.71380	0.01992	0.05680	0.01787	0.80065	0.00000	0.14164	0.14107	0.38164	0.04213	0.43605	0.00253	0.00182	0.00000	0.00017
ROMANYA	0.00159	0.30828	0.06588	0.73431	0.07696	0.00000	0.01043	0.00138			0.63511	0.34971	0.28973	0.09041	0.00000
İTALYA	0.22101	0.27175	0.41795	0.87528	0.04988	0.22309	0.20775	0.27447			0.54956	0.53182	0.32068	0.08336	0.00023
ARJANTİN	0.58464	0.00965	0.00086	0.62961	0.33871	0.00070	0.00000	0.01721	0.41245	0.02535	0.10981	0.02522	0.27409	0.00000	0.00063
JAPONYA	0.15679	0.00000	0.00000	0.00010	0.00296	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00121	0.00000	0.00000	0.02814
GÜNEY AFRİKA	0.00000	0.00000	0.22161	0.00000	0.00355	0.00000	0.00019	0.00000	0.00000	0.00000	0.00543	0.00000	0.00000	0.00450	0.00000
KOLOMBİYA	0.00000	0.00000	0.00000	0.04246	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000			0.00000	0.00000	0.01210	0.00000	0.00000
ÇİN	0.00000	0.00000	0.00000	0.00355	0.00000	0.00000	0.00001	0.00000	0.00000	0.45703	0.06971	0.15904	0.00000	0.00097	0.00000

Not: Popülasyonlarla allel frekansları karşılaştırılırken Markov zinciri ve Exact test P değeri ($P < 0,05$) alınıp Bonferroni düzeltmesi ($\alpha = 0,05/15 = 0,00333$) uygulanarak P değeri ($P < 0,0033$) olarak dikkate alındı.

Tablo 34. Doğu Anadolu Bölgesi ile Türkiye ve Diğer Ülke Popülasyonları Arasındaki Genetik Mesafenin FST Testi ile Hesaplanması

POPÜLASYON	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	THO1	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
TÜRKİYE 1	0.44144	0.51351	0.88288	0.72973	0.63964	0.89189	0.72072	0.31532	0.99099	0.96396	0.74775	0.53153	0.53153	0.34234	0.95495
TÜRKİYE 2	0.95495	0.65766	0.28829	0.69369	0.47748	0.27928	0.51351	0.69369			0.81081	0.81081	0.61261	0.92793	0.87387
KKTC	0.47748	0.36036	0.30631	0.73874	0.15315	0.41441	0.06306	0.02701	0.06306	0.72072	0.94595	0.08108	0.11712	0.57658	0.00000
IRAK	0.14417	0.52252	0.50450	0.69369	0.04505	0.78378	0.03604	0.61261	0.85586	0.04505	0.05405	0.53153	0.98198	0.71171	0.74775
İRAN	0.69369	0.92793	0.81081	0.88288	0.58559	0.67568	0.10811	0.00000	0.63964	0.78378	0.21622	0.95495	0.81081	0.23423	0.28829
YUNANİSTAN	0.14414	0.06306	0.36937	0.96396	0.64865	0.27027	0.02705	0.43243	0.25225	0.18018	0.85586	0.45045	0.44144	0.17117	0.01806
AZERBAYCAN	0.00901	0.44143	0.71171	0.29730	0.68468	0.36036	0.08108	0.36937	0.48649	0.45045	0.22523	0.43243	0.63964	0.27027	0.58559
MISIR	0.51351	0.04505	0.09910	0.49550	0.86486	0.00000	0.51351	0.12613	0.11712	0.27027	0.15315	0.05405	0.07207	0.01802	0.48649
ROMANYA	0.02698	0.76577	0.21622	0.70270	0.20721	0.00000	0.00000	0.09009			0.95495	0.08108	0.85586	0.16216	0.06306
İTALYA	0.02703	0.42342	0.54955	0.73874	0.07207	0.32432	0.10811	0.37838			0.78378	0.25225	0.55856	0.01799	0.02703
ARJANTİN	0.17117	0.01801	0.03604	0.54054	0.35135	0.00000	0.00000	0.15315	0.21622	0.01802	0.11712	0.19820	0.58559	0.01804	0.01801
JAPONYA	0.27928	0.00000	0.00901	0.01797	0.01802	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00901	0.00901	0.00901	0.02703	0.00000	0.36937
GÜNEY AFRİKA	0.00000	0.00000	0.18919	0.00000	0.09010	0.00000	0.10811	0.00000	0.00000	0.00000	0.06306	0.00000	0.00000	0.06306	0.00000
KOLOMBİYA	0.00000	0.00000	0.00901	0.09010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000			0.00000	0.00000	0.35631	0.00000	0.00000
ÇİN	0.00000	0.00000	0.00000	0.00903	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.36040	0.11712	0.09009	0.03604	0.00000

Not: Popülasyonlarla allel frekansları FST test ile karşılaştırılırken P değeri (P<0,05) olarak dikkate alındı.

4. TARTIŞMA

Günümüzde çok önemli aşamalar kaydeden genetik incelemeler, babalık-akrabalık ilişkilerinin belirlenmesi ve kriminal araştırmalarda olay yerinden toplanan biyolojik örneklerin (kan, kan lekesi, semen, semen lekesi, tükürük, tükürük lekesi kıl, kemik v.s) kimliklendirilmesinde başarı ile kullanılmaktadır. STR lokuslarının allel büyüklüklerinin 350 bp'den (baz çiftinden) küçük olması, eski ve iyi korunmamış biyolojik örnekleri tiplendirilebilmesi, ayrıca otomasyon ve çoklu analize imkan vermesi, pahalı donanım gerektirmemesi bu lokusları ideal genetik işaretler olmasını sağlamıştır. Tüm Dünya popülasyonlarında allel sıklıklarının bilinmesi ile dünyanın her yerinde adli bilimlerde kullanılan polimorfik sistemlerin gen frekansları (rastlanma sıklıkları), heterozigotluk oranları, dışlama güçleri gibi parametreler araştırılmış, sonuçlar tüm laboratuvarların kullanımına olanak vermektedir (10-12).

Çalışmamızda, genetik belirteçler kullanılarak doğrudan doğruya DNA üzerinde yüksek polimorfizm gösteren ve STR (kısa ardışık tekrar) olarak isimlendirilen 15 lokus incelendi ve allel sıklıklarına göre değerlendirildi. Doğu Anadolu bölgesi popülasyonuna ait 802 bireye ait 15 STR lokusu frekanslarına bakıldığında; en çok allelin D21S11 ve D2S1338 lokuslarında (15 allel/lokus) ve en az allelin ise D7S820, THO1 ve D13S317 lokuslarında (7 allel/lokus) olduğu tespit edilmiştir.

Polimorfik Bilgi içeriği (PIC) değeri 0,62 ile 0,87 değerleri arasında hesaplanmış olup en düşük PIC değeri TPOX (0,62) lokusunda, en yüksek PIC değeri ise D2S1338 (0,87) lokusunda gözlemlendi.

Dışlama gücü (PE), ayırlama gücü (PD), babalık indeksi (TPI), heterozigotluk oranı (HO) yüksek ve karşılaşma olasılığı (MP) düşük olan sistemler akrabalık ilişkileri tayininde adli çalışmalarda tercih edilen istatistiksel parametrelerdir. Uyuşma olasılığı, bireylerin birbirine olan yakınlığının bir göstergesidir. Bireylerin akrabalık derecesi ne kadar yüksek olursa aynı alleli taşıma olasılığı o kadar yüksek olacaktır. Bu nedenle bir STR lokusu için uyuma olasılığı ne kadar düşük ve dışlama gücü, ayırlama gücü, heterozigotluk oranı ne kadar yüksekse o kadar iyi bir kimliklendirme belirteci olduğu söylenebilir.

Heterozigotluk (HO) deęerleri incelendięinde, gözlenen heterozigotluk (Ho) deęerlerinin en yüksek D2S1338 (0.85287) lokusunda, en düşük TPOX (0.67332) lokusunda gözlenmiř ve beklenen heterozigotluk (He) deęerlerinin ise en yüksek D2S1338 (0.88025), en düşük deęer ise TPOX (0.66848) lokusunda verilen deęerler arasında olduęu tespit edilmiřtir. Literatürdeki benzer çalıřmalara incelendięinde: Bülbül ve ark. (2014) çalıřmasında Türkiye’de gözlenen heterozigotluk deęerlerinin en yüksek FGA(0.858) lokusunda, en düşük TPOX (0,617) lokusunda (76), Hedjazi ve ark. (2013) çalıřmasında İnan’da en yüksek D2S1338 (0.878) lokusunda, en düşük TPOX (0.650) lokusunda (77), Liu ve ark. (2013) çalıřmasında Çin’de en yüksek D18S51 (0.910) lokusunda, en düşük TPOX (0.630) lokusunda (78), Semikhodskii ve ark. (2012) çalıřmasında Rusya’da en yüksek D2S1338 (0.880) lokusunda, en düşük TPOX (0.584) lokusunda (79) bulmuřlardır. Ülkemizde ve yurtdıřında yapılan çalıřmalarda gözlenen ve beklenen heterozigot deęerleri ile çalıřmamız incelendięinde 15 STR lokusuna ait heterozigotluk deęerlerinin benzer olduęu görüldü.

Allel frekanslarının Hardy-Weinberg (HW) eřitlięine göre uyumluluęu, Markov zinciri ve Fisher’in Exact test P deęeri ($P<0,05$) dikkate alınarak kontrol edildi ve bir lokus hariç tüm lokusların HW eřitlięine uyduęu tespit edildi. Sadece D2S1338 lokusu için P deęeri 0.00867olarak saptandı. P deęeri $P<0,05$ olduęu için Bonferroni düzeltmesi ($\alpha=0,05/15=0,00333$) uygulandıktan sonra P deęerinin ($P>0,0033$) Hardy-Weinberg (HW) eřitlięine uyduęu gözlendi.15 STR lokusu içerisinde P deęeri en yüksek D5S818 (0.91798) lokusunda tespit edildi. Bülbül ve ark. (2014) Türk popülasyonunda yaptıkları çalıřmada D7S820 (0,0002) ile FGA(0,002) lokuslarında (76), Çakır ve ark. (2003) Van-Aęrı yöresinde yapılan çalıřmada D5S818 (0,001) lokusunda (80), Shafique ve ark. (2015) Pakistan’da yapılan çalıřmasında D3S1358(0,002) ile D19S433(0,002) lokuslarında (81) P deęerinin HW eřitlięine uymadıęını belirtmiřlerdir.

Karřılařma olasılıęı (MP);en yüksek TPOX (0,160), CSF1PO (0,126), D5S818 (0,114) lokuslarında gözlenmiř ve en düşük ise D2S1338 (0,027), D18S51 (0,030) ve FGA (0,039) lokuslarında hesaplanmıřtır. 15 STR lokusunda bu deęerlerin düşük bulunması allellerin ilgili popülasyonda bir araya gelmesinin düşük

sıklıkta olacağını ve bu lokusların popülasyonumuz için iyi bir kimliklendirme belirteci oldukları sonucunu çıkarmaktadır.

Ayrımlama gücü (PD); en yüksek D2S1338 (0,973) lokusunda, en düşük ise TPOX (0,840) lokusunda gözlemlendi. Popülasyonun allel frekansları incelendiğinde; allel sayısı fazla olan lokusların, az olan lokuslara oranla ayrımlama gücünün yüksek çıktığı tespit edildi. Doğu Anadolu Bölgesi'nin 15 STR lokusu için kombine ayrımlama gücü 0.9999999999999999861 olarak hesaplandı. Tüm lokuslar açısından ayırım gücü yüksek olduğu gözlemlendi.

Çalışmamızla ülkemiz ve yurtdışında yapılan benzer çalışmaların karşılaşma olasılığı ve ayrımlama gücü değerlerinde anlamlı bir fark gözlenmemiş olup incelediğimiz 15 STR lokusunun incelenen tüm popülasyonlar için ayrımlama gücünün çok yüksek, karşılaşma olasılığının ise çok düşük olduğu söylenebilir (76-90).

Dışlama Gücü (PE); en yüksek D2S1338 (0,701) lokusunda, en düşük ise TPOX (0,388) lokusunda tespit edildi. 15 STR lokusu incelendiğinde, heterozigot oranı yüksek olan lokuslarda daha yüksek dışlama gücü, heterozigotluk değeri düşük lokuslarda da dışlama gücü değerinin düşük çıktığı görüldü. Doğu Anadolu Bölgesi'nin 15 STR lokusu için kombine dışlama gücü 0.99999759 olarak hesaplandı. Tüm lokuslar açısından bakıldığında dışlama gücü değerlerinin yüksek olduğu tespit edildi.

Tipik babalık indeksi (TPI); en yüksek D3S1338 (3.40), D18S51 (3.13), ve FGA (3.13) lokuslarında, en düşük ise TPOX (1.53), CSF1PO (1.73) ve D5S818 (1.80) lokuslarında gözlemlendi. İstatiksel parametreler incelendiğinde; dışlama gücü ile tipik babalık indeksi arasında doğru orantı olup dışlama gücü yüksek lokusların babalık indeksi değerlerinin de yüksek olduğu görülmektedir.

Çalışmamızla ülkemiz ve yurtdışında yapılan benzer çalışmaların dışlama gücü ve babalık indeksi değerlerinde anlamlı bir fark tespit edilmemiş olup incelediğimiz 15 STR Lokusunun incelenen tüm popülasyonlar için babalık indeksi değerleri ve dışlama gücünün çok yüksek olduğu söylenebilir (76-90).

D8S1179 lokusunda 8 ile 18 arasında 10 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 13 (% 24,3), en az gözlenen allel 18 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir

çalışmada Türkiye’de 8-18 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı’da 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya’nın (2005) çalışmasında Türkiye’de 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu’da 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 8-18 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda D8S1179 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC’de 8-18 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak’da 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran’da 8-16 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan’da 8-18 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan’da 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır’da 8-18 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya’da 7-17 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya’da 8-18 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin’de 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya’da 9-18 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (92), Hatzer-Grubwieser ve ark. (2012) çalışmasında Avusturya’da 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (93), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş’de 8-18 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (94), Sousa ve ark. (2014) çalışmasında Brezilya’da 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (95), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin’de 10-17 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri’nde 8-18 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya’da 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya’da 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore’de 9-19 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt’de 8-

18 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan'da 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya'da 7-18 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan'da 8-18 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

D21S11 lokusunda 24.2 ile 34.2 arasında 15 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 29 (% 21,0), en az gözlenen allel 24.2 (% 0,1) ve 29.2 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye'de 27-33.2 arası alleller içerisinde en fazla 19 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı'da 26-33.2 arası alleller içerisinde en fazla 29 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya'nın (2005) çalışmasında Türkiye'de 25-34.2 arası alleller içerisinde en fazla 29 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu'da 27-33.2 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 24.2-34.2 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda D21S11 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC'de 24.2-35 arası alleller içerisinde en fazla 29 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak'ta 27-35 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran'da 27-35 arası alleller içerisinde en fazla 29 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan'da 26-34.2 arası alleller içerisinde en fazla 29 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan'da 25-34.2 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır'da 26-38 arası alleller içerisinde en fazla 29 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya'da 24.2-34.2 arası alleller içerisinde en fazla 29 ile 30 allelleri (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya'da 24.2-34.2 arası alleller içerisinde en fazla 29 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin'de 24.3-35.1 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya'da 28-34.2 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (92), Hatzer-Grubwieser

ve ark. (2012) çalışmasında Avusturya’da 25-34 arası alleller içerisinde en fazla 29 ile 30 allelleri (93), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş’te 27-36.2 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (94), Sousa ve ark. (2014) çalışmasında Brezilya’da 24.2-37 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (95), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin’de 28-33.2 arası alleller içerisinde en fazla 29 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri’nde 26-36 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya’da 24.2-34.2 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya’da 24.2-36 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore’de 27-34.2 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt’te 25-35.2 arası alleller içerisinde en fazla 29 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan’da 25-35 arası alleller içerisinde en fazla 29 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya’da 24.2-34.2 arası alleller içerisinde en fazla 30 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan’da 26-36.2 arası alleller içerisinde en fazla 32.2 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

D7S820 lokusunda 7 ile 13 arasında 7 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 10 (% 26,4), en az gözlenen allel 13 (% 2,6) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye’de 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı’da 7-13 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya’nın (2005) çalışmasında Türkiye’de 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu’da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 7-14 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda D7S820 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC’de 6-15 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak’ta 7-13 arası

alleller içerisinde en fazla 10 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan'da 7-13 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır'da 5-14 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya'da 6-14 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya'da 2-14 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin'de 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya'da 6-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (92), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş'te 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (94), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin'de 8-13 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri'nde 6-14 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore'de 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt'te 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 10 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

CSF1PO lokusunda 7 ile 15 arasında 9 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 11 (% 33,0), en az gözlenen allel 7 (% 0,1) ve 15 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye'de 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya'nın (2005) çalışmasında Türkiye'de 8-14 arası alleller

içerisinde en fazla 12 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu'da 9-13 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 7-15 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda CSF1PO lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC'de 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak'ta 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran'da 9-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan'da 6-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya'da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya'da 9-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin'de 5-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (92), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş'te 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (94), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin'de 9-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri'nde 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya'da 6-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore'de 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt'te 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında

belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

D3S1358 lokusunda 13 ile 20 arasında 8 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 15 (% 28,4), en az gözlenen allel 20 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye’de 14-19 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı’da 14-20 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya’nın (2005) çalışmasında Türkiye’de 13-19 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu’da 14-18 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 13-20 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda D8S1179 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC’de 13-19 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak’ta 13-19 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran’da 14-19 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan’da 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan’da 13-19 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır’da 13-19 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya’da 11-19 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya’da 12-20 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin’de 12-20 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya’da 12-19 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (92), Hatzler-Grubwieser ve ark. (2012) çalışmasında Avusturya’da 11-19 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (93), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş’te 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (94), Sousa ve ark. (2014) çalışmasında Brezilya’da 10-20 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (95), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin’de 14-19 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap

Emirlikleri'nde 10-19 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya'da 11-19 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya'da 12-20 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore'de 12-19 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt'te 14-19 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan'da 11-19 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya'da 11-21 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan'da 12-20 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

THO1 lokusunda 6 ile 11 arasında 7 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 6 (% 27,3), en az gözlenen allel 11 (% 0,3) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye'de 6-11 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı'da 5-10 arası alleller içerisinde en fazla 9 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya'nın (2005) çalışmasında Türkiye'de 6-10 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu'da 6-10 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 5-11 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda THO1 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC'de 3-10 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak'ta 6-10 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran'da 6-10 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan'da 5-10,3 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan'da 6-10 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır'da 6-11 arası alleller içerisinde en fazla 9 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya'da 5-10 arası alleller içerisinde en fazla 9.3 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009)

çalışmasında İtalya'da 4-10 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin'de 6-10 arası alleller içerisinde en fazla 7 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya'da 6-10 arası alleller içerisinde en fazla 9 alleli (92), Hatzer-Grubwieser ve ark. (2012) çalışmasında Avusturya'da 5-10.3 arası alleller içerisinde en fazla 9.3 alleli (93), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş'te 5-10 arası alleller içerisinde en fazla 9 alleli (94), Sousa ve ark. (2014) çalışmasında Brezilya'da 5-11 arası alleller içerisinde en fazla 9.3 alleli (95), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin'de 6-9.3 arası alleller içerisinde en fazla 9 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri'nde 4-11 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya'da 5-10 arası alleller içerisinde en fazla 9.3 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya'da 6-11 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore'de 6-11 arası alleller içerisinde en fazla 19 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt'te 6-11 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan'da 6-10 arası alleller içerisinde en fazla 9 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya'da 5-11 arası alleller içerisinde en fazla 9.3 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan'da 6-10 arası alleller içerisinde en fazla 6 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

D13S317 lokusunda 8 ile 14 arasında 7 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 12 (% 33,9), en az gözlenen allel 14 (% 2,9) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye'de 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı'da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya'nın (2005) çalışmasında Türkiye'de 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu'da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 8-14 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda D13S317 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC’de 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak’ta 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran’da 8-16 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan’da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan’da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır’da 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya’da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya’da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin’de 6-11 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya’da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (92), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş’te 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (94), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin’de 8-13 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri’nde 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya’da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya’da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore’de 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt’te 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan’da 6-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya’da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan’da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

D16S539 lokusunda 6 ile 15 arasında 9 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 12 (% 29,9), en az gözlenen allel 6 (% 0,1)olarak saptandı. Ülkemizde

yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbul ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye’de 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı’da 5-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya’nın (2005) çalışmasında Türkiye’de 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu’da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 5-15 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda D16S539 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC’de 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak’ta 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran’da 8-17 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan’da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 ile 12 allelleri (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan’da 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır’da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya’da 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya’da 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin’de 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya’da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 9 alleli (92), Hatzer-Grubwieser ve ark. (2012) çalışmasında Avusturya’da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (93), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş’te 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (94), Sousa ve ark. (2014) çalışmasında Brezilya’da 5-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (95), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin’de 6-16 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri’nde 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya’da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya’da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore’de 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 9 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013)

çalışmasında Kuveyt'te 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan'da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan'da 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

D2S1338 lokusunda 14 ile 28 arasında 15 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 17 (% 19,0), en az gözlenen allel 14 (% 0,1) ve 28 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye'de 16-26 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (76), Yavuz ve Sarıkaya'nın (2005) çalışmasında Türkiye'de 16-27 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu'da 16-26 arası alleller içerisinde en fazla 23 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 14-28 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda D2S1338 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC'de 13-26 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak'ta 15-26 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran'da 15-26 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan'da 15-26 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan'da 16-27 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır'da 16-27 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (88), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin'de 16-27 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya'da 16-28 arası alleller içerisinde en fazla 19 alleli (92), Hatzer-Grubwieser ve ark. (2012) çalışmasında Avusturya'da 13-26 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (93), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş'te 16-28 arası alleller içerisinde en fazla 23 alleli (94), Sousa ve ark. (2014) çalışmasında Brezilya'da 12-28 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (95), Liu ve ark. (2013)

çalışmasında Çin’de 17-26 arası alleller içerisinde en fazla 21 alleli (78), Alhmodi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri’nde 14-27 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya’da 13-27 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (97), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore’de 16-28 arası alleller içerisinde en fazla 23 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt’te 16-27 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan’da 14-27 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya’da 13-30 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan’da 16-27 arası alleller içerisinde en fazla 19 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

D19S433 lokusunda 9 ile 17,2 arasında 13 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 14 (% 26,6), en az gözlenen allel 9 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye’de 10-17 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (76), Yavuz ve Sarıkaya’nın (2005) çalışmasında Türkiye’de 11-17.2 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu’da 11-16.2 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 9-17.2 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda D19S433 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC’de 10-18.2 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak’da 11-17 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran’da 11-17.2 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan’da 10-18.2 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan’da 11-17.2 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır’da 10-17 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (88), Borosky ve ark. (2014)

çalışmasında Arjantin’de 9.2-17.2 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya’da 9.2-17.2 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (92), Hatzer-Grubwieser ve ark. (2012) çalışmasında Avusturya’da 10-18.2 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (93), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş’te 9-17.2 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (94), Sousa ve ark. (2014) çalışmasında Brezilya’da 9-18.2 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (95), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin’de 11-16.2 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri’nde 10-18 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya’da 10-23 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (97), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore’de 9.2-17.2 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt’te 9-17.2 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan’da 6.2-18.2 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya’da 9-22 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan’da 9-17.2 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

vWA lokusunda 12 ile 21 arasında 10 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 17 (% 29,0), en az gözlenen allel 21 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye’de 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı’da 12-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya’nın (2005) çalışmasında Türkiye’de 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu’da 14-19 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 12-21 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda vWA lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC’de 12-21 arası

alleller içerisinde en fazla 17 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak'ta 14-20 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran'da 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan'da 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan'da 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır'da 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya'da 14-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya'da 13-19 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin'de 11-21 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya'da 14-21 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (92), Hatzler-Grubwieser ve ark. (2012) çalışmasında Avusturya'da 14-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (93), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş'te 10-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (94), Sousa ve ark. (2014) çalışmasında Brezilya'da 11-21 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (95), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin'de 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri'nde 11-21 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya'da 12-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya'da 11-22 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore'de 12-20.3 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt'te 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan'da 14-21 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya'da 13-20 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan'da 10-21 arası alleller içerisinde en fazla 17 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

TPOX lokusunda 6 ile 13 arasında 8 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 8 (% 49,9), en az gözlenen allel 13 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde

yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye’de 8-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı’da 7-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya’nın (2005) çalışmasında Türkiye’de 8-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu’da 6-13 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 6-13 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda TPOX lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC’de 6-13 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak’ta 6-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran’da 6-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan’da 7-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan’da 8-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır’da 6-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya’da 7-13 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya’da 8-13 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin’de 6-13 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya’da 8-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (92), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş’te 5-13 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (94), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin’de 8-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri’nde 6-15 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya’da 7-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya’da 6-13 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore’de 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt’te 6-12 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan’da 5-14 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya’da 6-13 arası

alleller içerisinde en fazla 8 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan'da 7-13 arası alleller içerisinde en fazla 8 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

D18S51 lokusunda 10 ile 23 arasında 14 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 14 (% 19,3), en az gözlenen allel 23 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye'de 10-23 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı'da 10-24 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya'nın (2005) çalışmasında Türkiye'de 9-22 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu'da 11-20 arası alleller içerisinde en fazla 16 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 9-23 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda D18S51 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC'de 10-22 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak'ta 10-21 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran'da 10-23 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan'da 10-24 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan'da 10-24 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır'da 8-22 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya'da 9-23 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya'da 9-23 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin'de 10-26 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya'da 11-25 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (92), Hatzer-Grubwieser ve ark. (2012) çalışmasında Avusturya'da 10-22 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (93), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş'te 8-24 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (94),

Sousa ve ark. (2014) çalışmasında Brezilya'da 9-28 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (95), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin'de 12-23 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri'nde 10-22 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya'da 10-22 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya'da 9-24 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore'de 9-25 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt'te 9-22 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan'da 8-22 arası alleller içerisinde en fazla 13 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya'da 10-24 arası alleller içerisinde en fazla 15 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan'da 10-22 arası alleller içerisinde en fazla 14 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

D5S818 lokusunda 8 ile 15 arasında 8 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 12 (% 34,6), en az gözlenen allel 15 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye'de 9-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı'da 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya'nın (2005) çalışmasında Türkiye'de 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (83) gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 7-15 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda D5S818 lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC'de 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak'ta 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (86),

Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır'da 8-14 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin'de 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya'da 6-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (92), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş'te 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (94), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin'de 9-13 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri'nde 7-16 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya'da 8-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore'de 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt'te 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan'da 8-16 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya'da 7-15 arası alleller içerisinde en fazla 12 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan'da 7-14 arası alleller içerisinde en fazla 11 alleli (81) saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

FGA lokusunda 16 ile 29 arasında 13 allel tespit edilmiş olup, en fazla gözlenen allel 24 (% 18,8), en az gözlenen alleller 16 (% 0,1), 17 (% 0,1) ve 29 (% 0,1) olarak saptandı. Ülkemizde yapılan çalışmalara bakıldığında; Bülbül ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada Türkiye'de 19-28 arası alleller içerisinde en fazla 23 alleli (76), Çakır ve ark. (2003) çalışmasında Van-Ağrı'da 18-26 arası alleller içerisinde en fazla 22 alleli (80), Yavuz ve Sarıkaya'nın (2005) çalışmasında Türkiye'de 17-27 arası alleller içerisinde en fazla 21 alleli (82), Tuğ ve ark. (2010) çalışmasında Bolu'da 17-26 arası alleller içerisinde en fazla 23 alleli (83)

gözlemlenmiştir. Bu lokus için çalışmamız ülkemizdeki diğer çalışmalarla uyumlu olup Türk popülasyonunda 16-29 arası alleller görülmektedir.

Uluslararası literatür incelenip bölgemiz verileri ile karşılaştırma yapılarak benzerlik ve farklılıklar değerlendirildi. Yurtdışında yapılan çalışmalarda FGA lokusu için; Gürkan ve ark. (2014) yaptığı bir çalışmada KKTC’de 17-28 arası alleller içerisinde en fazla 23 alleli (84), Barni ve ark. (2003) çalışmasında Irak’ta 18-27 arası alleller içerisinde en fazla 24 alleli (85), Hedjazi ve ark. (2013) çalışmasında İran’da 18-28 arası alleller içerisinde en fazla 22 alleli (77), Sanchez-Diz ve ark. (2008) çalışmasında Yunanistan’da 17-27 arası alleller içerisinde en fazla 21 alleli (86), Nasibov ve ark. (2013) çalışmasında Azerbaycan’da 16-27 arası alleller içerisinde en fazla 22, 23 ile 24 allelleri (87), Omran ve ark. (2009) çalışmasında Mısır’da 16.1-30 arası alleller içerisinde en fazla 22 alleli (88), Anghel ve ark. (2014) çalışmasında Romanya’da 16-29 arası alleller içerisinde en fazla 21 alleli (89), Brisighelli ve ark. (2009) çalışmasında İtalya’da 18-27 arası alleller içerisinde en fazla 22 alleli (90), Borosky ve ark. (2014) çalışmasında Arjantin’de 17-31.2 arası alleller içerisinde en fazla 24 alleli (91), Ozeki ve ark. (2013) çalışmasında Japonya’da 17-28 arası alleller içerisinde en fazla 22 alleli (92), Hatzer-Grubwieser ve ark. (2012) çalışmasında Avusturya’da 16-28 arası alleller içerisinde en fazla 22 alleli (93), Hossain ve ark. (2014) çalışmasında Bangladeş’te 16-32 arası alleller içerisinde en fazla 23 alleli (94), Sousa ve ark. (2014) çalışmasında Brezilya’da 17-29 arası alleller içerisinde en fazla 22 alleli (95), Liu ve ark. (2013) çalışmasında Çin’de 18-26 arası alleller içerisinde en fazla 23 alleli (78), Alhmoudi ve ark. (2015) çalışmasında Birleşik Arap Emirlikleri’nde 16.1-31.2 arası alleller içerisinde en fazla 24 alleli (96), Fernandez-Formoso ve ark. (2012) çalışmasında İspanya’da 18-29 arası alleller içerisinde en fazla 22 alleli (97), Castillo ve ark. (2013) çalışmasında Kolombiya’da 17-29 arası alleller içerisinde en fazla 24 alleli (98), Hyun Park ve ark. (2013) çalışmasında Kore’de 17-27 arası alleller içerisinde en fazla 23 alleli (99), Al-enizi ve ark. (2013) çalışmasında Kuveyt’te 18-29 arası alleller içerisinde en fazla 22 alleli (100), Andari ve ark. (2013) çalışmasında Lübnan’da 16-29 arası alleller içerisinde en fazla 23 alleli (101), Semikhodskii ve ark. (2012) çalışmasında Rusya’da 16-29 arası alleller içerisinde en fazla 21 alleli (79), Shafique ve ark. (2015) çalışmasında Pakistan’da 17-26 arası alleller içerisinde en fazla 24 alleli (81)

saptanmıştır. Yapılan çalışmalar incelendiğinde bölgemiz popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında belirgin fark olmayıp Doğu Anadolu Bölgesi için ayırt edici özel bir allel tespit edilmemiştir.

15 STR lokusuna ait verilerimiz literatürde bulunan ülkemiz ve diğer dünya popülasyonlarını (KKTC, Irak, İran, Yunanistan, Azerbaycan, Mısır, Romanya, İtalya, Arjantin, Japonya) konu alan değişik çalışmalardan elde edilen allel frekansları ile karşılaştırıldı ve farklılık istatistiksel olarak değerlendirildi (Tablo 33). Diğer popülasyonlarla allel frekansları karşılaştırılırken Markov zinciri ve Exact test P değeri ($P < 0,05$) alınıp Bonferroni düzeltmesi ($\alpha = 0,05/15 = 0,00333$) uygulanarak P değeri ($P < 0,0033$) olarak dikkate alındı (Tablo 33).

Gürkan ve ark. (2014) KKTC’de yapılan çalışması ile 1 lokusda (FGA), Hedjazi ve ark. (2013) İran’da yapılan çalışması ile 1 lokusda (FGA), Sanchez-Diz ve ark. (2008) Yunanistan’da yapılan çalışması ile 1 lokusda (FGA), Brisighelli ve ark. (2009) İtalya’da yapılan çalışması ile 1 lokusda (FGA), Anghel ve ark. (2014) Romanya’da yapılan çalışması ile 4 lokusda (D8S1179, THO1, D16S539, FGA), Omran ve ark. (2009) Mısır’da yapılan çalışması ile 5 lokusda (THO1, TPOX, D18S51, D5S818, FGA), Borosky ve ark. (2014) Arjantin’de yapılan çalışması ile 6 lokusda (D21S11, D7S820, THO1, D13S317, D5S818, FGA), Schlebusch ve ark. (2012) Güney Afrika’da yapılan çalışması ile 11 lokusda (D8S1179, D21S11, CSF1PO, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, TPOX, D18S51, FGA), Castillo ve ark. (2013) Kolombiya’da yapılan çalışması ile 11 lokusda (D8S1179, D21S11, D7S820, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, vWA, TPOX, D5S818, FGA), Liu ve ark. (2013) Çin’de yapılan çalışması ile 11 lokusda (D8S1179, D21S11, D7S820, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D18S51, D5S818, FGA), Ozeki ve ark. (2013) Japonya’da yapılan çalışması ile 13 lokusda (D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818) istatistiksel olarak anlamlı fark ($p < 0,0033$) tespit edildi. Bülbül ve ark. (2014) Türkiye’de, Çakır ve ark. (2003) Van-Ağrı’da, Barni ve ark. (2003) Irak’ta, Nasibov ve ark. (2013) Azerbaycan’da yaptığı çalışmalarla ise 15 STR lokusu için anlamlı fark tespit edilmedi (76, 77, 78, 80, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 98, 102).

Ayrıca ırklar arası geçiş hakkında bilgi veren FST (fiksasyon testi) testi P değeri ($P < 0,05$) alınıp kullanılarak diğer popülasyonlar ile Doğu Anadolu Bölgesi popülasyonu arasındaki genetik mesafe incelendi (Tablo 34). Hedjazi ve ark. (2013) İran'da yapılan çalışması ile 1 lokusda (D16S539), Nasibov ve ark. (2013) Azerbaycan'da yapılan çalışması ile 1 lokusda (D8S1179), Gürkan ve ark. (2014) KKTC'de yapılan çalışması ile 2 lokusda (D16S539, FGA), Sanchez-Diz ve ark. (2008) Yunanistan'da yapılan çalışması ile 2 lokusda (D13S317, FGA), Barni ve ark. (2003) Irak'ta yapılan çalışması ile 3 lokus da (D3S1358, D13S317, D19S433), Omran ve ark. (2009) Mısır'da yapılan çalışması ile 3 lokusda (D21S11, THO1, D5S818), Anghel ve ark. (2014) Romanya'da yapılan çalışması ile 3 lokusda (D8S1179, THO1, D13S317), Brisighelli ve ark. (2009) İtalya'da yapılan çalışması ile 3 lokusda (D8S1179, FGA, D5S818), Borosky ve ark. (2014) Arjantin'de yapılan çalışması ile 7 lokusda (D21S11, D7S820, THO1, D13S317, D19S433, D5S818, FGA), Schlebusch ve ark. (2012) Güney Afrika'da yapılan çalışması ile 10 lokusda (D8S1179, D21S11, CSF1PO, THO1, D16S539, D2S1338, D19S433, TPOX, D18S51, FGA), Castillo ve ark. (2013) Kolombiya'da yapılan çalışması ile 11 lokusda (D8S1179, D21S11, D7S820, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, vWA, TPOX, D5S818, FGA), Liu ve ark. (2013) Çin'de yapılan çalışması ile 12 lokusda (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D18S51, D5S818, FGA), Ozeki ve ark. (2013) Japonya'da yapılan çalışması ile 13 lokusda (D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818) istatistiksel olarak anlamlı fark ($p < 0,05$) tespit edildi. Bülbül ve ark. (2014) Türkiye'de, Çakır ve ark. (2003) Van-Ağrı'da yaptığı çalışmaları ise 15 STR lokusu için FST (fiksasyon testi) testi P değerinde istatistiksel olarak anlamlı fark tespit edilmedi (76, 77, 78, 80, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 98, 102).

Sonuç olarak Doğu Anadolu Bölgesi popülasyonuna ait STR lokuslarının allel frekansları ve istatistiksel parametreleri hesaplanmıştır. Ayrıca literatürde bulunan ülkemiz ve diğer dünya popülasyonlarını konu alan değişik çalışmalardan elde edilen allel frekansları ile karşılaştırmalar yapılarak farklılıklar istatistiksel olarak değerlendirildi. Elde edilen sonuçlar tablolar halinde gösterilmiştir (Tablo 31, Tablo 32, Tablo 33 ve Tablo 34). Ülkemiz ve diğer ülke popülasyonları incelenerek

bölgemiz popülasyonu ile karşılaştırıldığında; Doğu Anadolu Bölgesi ile Türkiye ve komşu ülke popülasyonlarının (Azerbaycan, KKTC, İran, Irak ve Yunanistan) allel frekanslarının benzer olduğu tespit edildi. Bölgemiz popülasyonuna genetik mesafe açısından en uzak popülasyonların ise Arjantin, Güney Afrika, Çin ve Japonya olduğu görüldü. Ayrılma gücü ve kombine ayrılma gücü değerlerinin çok yüksek, uyuşma olasılığı değerlerinin çok düşük olması nedeniyle incelediğimiz 15 STR lokusunun nesep tayininde ve adli olayların aydınlatılmasında çok kullanışlı olduğunu göstermektedir. Günümüzde insan DNA sarmalı üzerinde incelenen STR lokuslarına yenilerin eklenmekte ve giderek artmaktadır. Doğu Anadolu Bölgesinin tamamını yansıtan ilk çalışma olması ve incelenen birey sayısının fazlalığı (802 kişi) nedenleriyle literatüre önemli bir katkı sunacağı söylenebilir.

5. KAYNAKLAR

1. Chan L. Advances in molecular biology with applications in clinical medicine. *Klin Lab* 1992; 38: 2-4.
2. Tokdemir M, Dülger HE, Doymaz MZ. DNA parmak izi ile kişi farklılıklarının gösterilmesi. *Fırat Üniversitesi Sağlık Bilimleri Dergisi* 1998; 12: 59-65.
3. Robertson J, Ross AM, Burgayne LA. DNA in Forensic Science: Theory, Techniques and Applications. London; Ellis Howard Ltd, 1990.
4. Jeffreys AJ, Wilson V, Thein SL. Hypervariable minisatellite regions in human DNA. *Nature* 1985; 314: 67-73.
5. Saferstain R. *Criminalistics: An Introduction To Forensic Dna Analysis*. 2. Edition, New Jersey: Pearson Prentice Hall, 2004: 34-50.
6. Jobling MA, Tyler-Smith C. Fathers and sons: the Y chromosome and human evolution. *Trends in Genetics* 1995; 11: 449-456.
7. Alikışıođlu M. Genotipleme alıřmalarında kullanılan ileri teknolojik yöntemler. *Türk Farmakoloji Derneđi Eđitim Sempozyumu*. 100.Yıl Üniversitesi Tıp Fakóltesi, Van, 2006.
8. Kantarcı S, Eraslan S, Lâleli KY. Türk toplumunda sık görülen kalıtsal hastalıklarda PCR tekniđine dayalı DNA tanı yöntemlerinin geliřtirilmesi ve servis olarak sunulması. *Perinatoloji Dergisi* 2004; 7(1): 15-22.
9. Aynacıođlu řA. Farmakogenetik/genomik arařtırmalar ve tıpta uygulamaları. *Türk Farmakoloji Derneđi Eđitim Sempozyumu*, 100. Yıl Üniversitesi Tıp Fakóltesi, Van, 2006.
10. Weber JL, May PE. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *Am J Hum Genet* 1989; 44: 388-96.
11. Edwards A, Hammond HA, Jin L, Caskey T, Chakraborty R. Genetic variation at five trimeric and tetrameric tandem repeats. *Genomics* 1992; 12: 241-53.

12. Filođlu G. 7 Tetramerik STR Lokusunun Kriminal İdentifikasyondaki Önemi. Doktora Tezi, İstanbul: İstanbul Üniversitesi Adli Tıp Enstitüsü, Fen Bilimleri A.D, 1999.
13. Lewin B. Simple Sequence DNA. Genes VI. Chapter 25, Oxford University Press, 1997.
14. Ün C, Wimmers K, Ponsuksili S, Schmoll F, Schellander K. Mikrosatellitler ve kullanım alanları. Hayvansal Üretim 2000; 41: 9-14.
15. Dönbak L. Kısa ardarda tekrar eden DNA dizilerinin adli amaçlı DNA çalışmalarındaki yeri. T Klin Tıp Bilimleri 2002; 22: 233-238.
16. Atasoy S, Abacı-Kalfođlu E. Studies of 16 blood group systems in Turkey and their importance for forensic biostatistics. Meeting Of The International Society Of Haematology İstanbul, 1995.
17. Chatovic G. Study Of The Five AMFLP's In Paternity Investigation. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2003.
18. James HS, Nordby JJ. Forensic Science: An intraduction to scientific and investigative techniques. Florida: Crc Press, 2003; 115-134.
19. Griffin HG, Griffin AM. PCR Technology. Current Innoviations, 1994: 291-292.
20. Panneerchelvam S, Norazmi MN. Forensic DNA profiling and database. Malaysian Journal of Medical Sciences 2003; 10(2): 20-26.
21. Brinkmann B. The use of STRs in stain analysis in: proceedings from the third international symposium on human identification. Promega Corporation Madison 1992; 132: 357-73.
22. Sensabaugh GF. Forensic application of the polymerase chain reaction. J Forensic Sci Soc 1991; 31: 201-204.
23. Butler JM. Forensic DNA Typing: Biology, Technology and Genetics of STR Markers. Academic Press, 2005.
24. Strachan T, Andrew R. Human Molecular Genetics. Fourth Edition, Oxford Univ Press, 2010.

25. Nussbaum RL, McInnes RR, Willard HF. Genetic variation in individuals and population: mutation and polymorphism. Thompson and Thompson Genetics in Medicine. 7th Edition, Philadelphia: Saunders Elsevier, 2007: 175-199.
26. Klug WS, Cummings MR. Genetik, Öner C. (çeviren) s.683-710, Ankara, Palme Yayıncılık, 2003.
27. Nelson DL, Cok MM. Lehninger Biyokimyanın İlkeleri, Kılıç N. (çeviren), Ankara, Palme Yayıncılık, 2005.
28. Yılmaz E. Nükleik asitlerin yapısı, fonksiyonu ve genom organizasyonu. Türk Hematoloji Derneği Moleküler Hematoloji Kursu, Ankara, 2008.
29. Dilsiz N. Moleküler Biyoloji. Ankara: Palme Yayınevi, 2009.
30. Hodge R. Human Genetics: Race, Population, and Disease. Infobase Publishing, 2010.
31. Hagelberg E, Gray IC, Jeffreys AJ. Identification of the skeletal remains of a murder victim by DNA analysis. Nature 1991; 352: 427- 429.
32. Kashyap VK, Sitalaximi T, Chattopadhyay P, Trivedi R. DNA profiling technologies in forensic analysis. Int J Hum Genet 2004; 4(1): 11-30.
33. Emir F, Özden A. Genetik polimorfizm ve polimorfizm çalışmaları. Güncel Gastroenteroloji, 2006.
34. Bar W, Brinkmann B, Lincoln P, Mayr WR, Rossi U. DNA recommendations-report concerning further recommendations of the DNA commission of the ISFH regarding PCR-based polymorphisms in STR (Short Tandem Repeat) systems. Int J Leg Med 1994; 107: 159-160.
35. Budowle B, Moretti TR. Genotype profiles for six population groups at the 13 CODIS short tandem repeat core loci and other PCR-Based loci. Forensic Science Communications 1999; 1(2): 1-2.
36. Semizoğlu İ. Adli DNA Analizleri. Ankara: Adalet Yayınları, 2013.
37. Özgüç M. Prenatal Tanıda Genetik Yöntemlerin Standardizasyonu ve Kalite Kontrolü. 3. Prenatal Tanı ve Tıbbi Genetik Kongresi Özet Kitabı, 1998: 68-71.

38. Akar N. Pediatrik Moleküler Patoloji ve Genetik. Ankara Üniversitesi Yayınları, 2003.
39. Tamaki K, Jeffreys AJ. Human tandem repeat sequences in forensic DNA typing. Legal Medicine 2005; 7: 244-250.
40. Butler JM. Genetics and genomics of core short tandem repeat loci used in human identity testing. J Forensic Sci 2006; 51: 253-276.
41. http://www.cstl.gov/biotech/strbase/str_D8S1179.htm, 28 Ekim 2015.
42. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D21S11.htm, 28 Ekim 2015.
43. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D7S820.htm, 28 Ekim 2015.
44. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_CSF1PO.htm, 28 Ekim 2015.
45. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D3S1358.htm, 28 Ekim 2015
46. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_TH01.htm, 28 Ekim 2015.
47. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D13S317.htm, 28 Ekim 2015.
48. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D16S539.htm, 28 Ekim 2015.
49. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D2S1338.htm, 28 Ekim 2015.
50. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D19S433.htm, 28 Ekim 2015.
51. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_VWA.htm, 28 Ekim 2015.
52. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_TPOX.htm, 28 Ekim 2015.
53. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D18S51.htm, 28 Ekim 2015.
54. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D5S818.htm, 28 Ekim 2015.
55. http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_FGA.htm, 28 Ekim 2015.
56. Çıtak B, Kesici T. Hardy-Weinberg dengesine uygunluğun exact test ile kontrolü. Tr J of Veterinary and Animal Sciences 1999; 23(2): 435-439.

57. Barton CK. Population genetics and evolution: a simulation exercise tested. *Studies For Laboratory Teaching* 2000; 21: 113-134.
58. Wigginton JE, Cutler DJ, Abecasis GR. A note on exact tests of Hardy-Weinberg equilibrium. *Am J Hum Genet* 2005; 76: 887–883.
59. Oraler G. *Temel Genetik*. İstanbul: İ.Ü. Yayınları, 1990; 215: 80-89.
60. Ulusoy M, Tunçbilek E. Türkiye'de akraba evlilikleri ve çocuk ölümlerine etkisi. *Nüfus Bilim Dergisi* 1987; 9: 7-26.
61. Akgüneş E. *Down Sendromunda Epidemiyolojik ve Sitogenetik İncelemeler*. Yüksek Lisans Tezi, İstanbul: İ.Ü. Çocuk Sağlığı Enstitüsü, Genetik bölümü, 1989.
62. Ribeiro Dos Santos AKC, Guerreiro JF, Santos SEB, Zago MA. The split of the arara population: comparison of genetic drift and founder effect. *Human Heredity* 2001; 51: 79-84.
63. Canyürek E, Aşan Z. *Parametrik olmayan İstatistiksel Teknikler*. Eskişehir: Anadolu Üniversitesi Yayınları, 2001; 1266: 238-249.
64. Foreman LA, Smith AFM, Evet IW. Bayesian validation for quadroplex STR profiling system for identification purposes. *Journal of Forensic Sciences* 1999; 44(3): 478-486.
65. Chakraborty R. Detection of non random association of alleles from the distribution of the number of heterozygous loci in a sample. *Genetics* 1984; 108: 719-731.
66. Koops BJ, Schellekens M. Forensic DNA phenotyping: regulatory issues. *Colum Sci & Tech L Rev* 2008; 9: 158-160.
67. Ross MD. *Polymerase Chain Reaction*. Archives Of Pathoogy And Laboratory Medicine, 1990.
68. Altunçul H. *Kemik Dokudan DNA Çekitleme Ve Tipleme Yöntemleri*. Doktora Tezi, İstanbul: İstanbul Üniversitesi Adli Tıp Enstitüsü, 2001.
69. Yuryev A. *PCR Primer Design*. Methods in Molecular Biology, Humana Press, 2007.
70. Fanali S, Aturki Z, Desiderio C. New strategies for chiral analysis of drugs by capillary electrophoresis. *Forensic Science International* 1998; 92: 137–155.

71. Asıcıođlu F, Tarak-Koluađık S, etinkaya , Akyz F. Kapiller elektroforez teknolojisinin klinik ve adli amađlı DNA analizlerinde kullanımı. Adli Tıp Dergisi 2002; 16: 2-4.
72. Butler JM, Buel E, Crivellente F, McCord BR. Forensic DNA typing by capillary electrophoresis: using the ABI Prism 310 and 3100 genetic analyzers for STR analysis. Electrophoresis 2004; 25: 1397-1412.
73. Anastos N, Barnett-Neil W, Lewis-Simon W. Capillary electrophoresis for forensic drug analysis: a review. Talanta 2005; 67: 269–279.
74. Demers DB, Kelly C, Sozer A. Multiplex STR analysis by capillary electrophoresis. Profiles in DNA 1988; 1: 3-5.
75. AmpFISTR Identifiler PCR Amplification Kit User’s Manual. Foster City: Applied Biosystems, 2001.
76. Bulbul O, Fernandez-Formoso L, Phillips C, Altuncul H, Filoglu G, Lareu MV, Carracedo A. Allele frequencies of the five new European Standard Set (ESS) STRs and 15 established STRs in a Turkish population. Forensic Science International: Genetics 2014; 9: 26-28.
77. Hedjazi A, Nikbakht A, Hosseini M, Hoseinzadeh A, Hosseini SMV. Allele frequencies for 15 autosomal STR loci in Fars province population, southwest of Iran. Legal Medicine 2003; 15(4): 226-228.
78. Liu J, Guo L, Qi R, Li SY, Yin JY, Zhang W. Allele frequencies of 19 autosomal STR Loci in Manchu population of China with phylogenetic structure among worldwide populations. Gene 2013; 529(2): 282-287.
79. Semikhodskii A, Kozub NA, Sozinov IA. Genetic data on 15 STR loci in the caucasian population of the Russian Federation. Cytology And Genetics 2012; 46(6): 373-378.
80. akır AH, elebiođlu A, Altunbař S, Yardımcı E. Allele frequencies for 15 STR loci in Van–Ađrı districts of the Eastern Anatolia Region of Turkey. Forensic Science International 2003; 135(1): 60-63.

- 81.** Shafique M, Hussain M, Shan MA, Shahzad M, Hussain S, Hussain N, Iqbal M. Genetic diversity of 15 autosomal STR loci in the population of Southern Punjab Pakistan. *Forensic Science International: Genetics* 2015 (baskıda).
- 82.** Yavuz I, Sarikaya AT. Turkish population data for 15 STR loci by multiplex PCR. *J Forensic Sci* 2005; 50(3): 737-738.
- 83.** Tuğ A, Erkol Z, Çetinyürek A, Alakoç YD, Elma C, Büken B, Erkol H. Allele distribution data for 16 short tandem repeat loci in Bolu. *Turkish Journal of Medical Sciences* 2010; 40(4): 659-664.
- 84.** Gurkan C, Demirdov DK, Yamaci RF, Sevay H. Population genetic data for 15 autosomal STR markers in Turkish Cypriots from Cyprus. *Forensic Science International: Genetics* 2015; 14: 1-3.
- 85.** Barni F, Berti A, Pianese A, Boccellino A, Miller MP, Caperna A, Lago G. Allele frequencies of 15 autosomal STR Loci in the Iraq Population with comparisons to other populations from the Middle-Eastern Region. *Forensic Science International* 2007; 167(1): 87-92.
- 86.** Sánchez-Diz P, Menounos PG, Carracedo A, Skitsa I. 16 STR Data of a Greek Population. *Forensic Science International: Genetics* 2008; 2(4): 71-72.
- 87.** Nasibov E, Bulbul O, Jabrayili G, Zorlu T, Shahzad MS, Cengiz S, Sadixov G. Allele frequencies of 15 STR loci in Azerbaijan population. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 3(7): 99-100.
- 88.** Omran GA, Rutty GN, Jobling MA. Genetic variation of 15 autosomal STR loci in Upper (Southern) Egyptians. *Forensic Science International: Genetics* 2009; 3(2): 39-44.
- 89.** Anghel A, Enache A, Seclaman E, Gruin G, Ursoniu S, Marian C. Genetic polymorphism data on 15 autosomal STR markers in a Western Romanian population sample. *Legal Medicine* 2014; 16(4): 238-240.
- 90.** Brisighelli F, Capelli C, Boschi I, Garagnani P, Lareu MV, Pascali VL. Allele frequencies of fifteen STRs in a representative sample of the Italian population. *Forensic Sci Int Genet* 2009; 3: 29–30.

91. Borosky A, Toscanini U, Gómez A, Parolín ML, Basso N, Vullo C. Forensic population data for 20 STR loci in Argentina. *Forensic Science International: Genetics* 2014; 13: 20-21.
92. Ozeki M, Tamaki K. Allele frequencies of 37 short tandem repeat loci in a Japanese population. *Legal Medicine* 2013; 15: 342-346.
93. Hatzer-Grubwieser P, Berger B, Niederwieser D, Steinlechner M. Allele frequencies and concordance study of 16 STR loci—including the new European Standard Set (ESS) loci in an Austrian population sample. *Forensic Science International: Genetics* 2012; 6(1): 50-51.
94. Hossain T, Hasan MM, Mazumder AK, Momtaz P, Sharmin T, Sufian A, Akhteruzzaman S. Population genetic data on 15 autosomal STR loci in Bangladeshi population. *Forensic Science International: Genetics* 2014; 13: 4-5.
95. Souza M, de Oliveira MAT, Auler-Bittencout EA, Soares-Vieira JA, Munoz DR , Iwamura ESM. Population data of 16 autosomal STR loci of the powerplex ESX 17 system in a Brazilian population from the state of São Paulo. *Forensic Science International: Genetics* 2014; 11: 15-17.
96. Alhmoudi OA, Dear JM. Population genetics data for 21 autosomal STR loci for United Arab Emirates (UAE) population using next generation multiplex STR kit. *Forensic Science International: Genetics* 2015; 19: 190-191.
97. Fernandez-Formoso L, Phillips C, Rodriguez A, Calvo R, Barbaro A, Lareu MV, Carracedo Á. Allele frequencies of 20 STRs from Northwest Spain (Galicia). *Forensic Science International: Genetics* 2012; 6(5): 149-150.
98. Castillo A, Gil A, Pico A, Vargas C, Yurrebaso I, García O. Genetic variation for 20 STR loci in a Northeast Colombian population (Department of Santander). *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2013; 4(1): 298-299.
99. Park JH, Hong SB, Kim JY, Chong Y, Han S, Jeon CH, Ahn HJ. Genetic variation of 23 autosomal STR loci in Korean population. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 3(7): 76-77.

- 100.** Al-enizi M, Ge J, Ismael S, Al-enezi H, Al-Awadhi A, Al-Duaij W, Budowle B. Population genetic analyses of 15 STR loci from seven forensically-relevant populations residing in the State of Kuwait. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 7(4): 106-107.
- 101.** El Andari A, Othman H, Taroni F, Mansour I. Population genetic data for 23 STR markers from Lebanon. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 7(4): 108-113.
- 102.** Schlebusch CM, Soodyall H, Jakobsson M. Genetic variation of 15 autosomal STR loci in various populations from Southern Africa. *Forensic Science International: Genetics* 2012; 6(1): 20-21.



6. EKLER

FIRAT ÜNİVERSİTESİ Girişimsel Olmayan Araştırmalar Etik Kurulu Başkanlığı'ndan Alınan Etik Onay

T.C.
FIRAT ÜNİVERSİTESİ
Girişimsel Olmayan Araştırmalar Etik Kurulu Başkanlığı

ETİK KURUL KARARI

TOPLANTI TARİHİ	TOPLANTI SAYISI	KARAR NO	ÇALIŞMACININ ADI SOYADI
30.12.2014	22	12	Prof. Dr. Mehmet TOKDEMİR

KARAR

“Doğu Anadolu Bölgesi Populasyonunun 15 Otozomal STR Lokus Verilerinin Değerlendirilmesi” konulu çalışma etik kurulumuzda görüşülmüş olup; çalışmanın etik kurallara uygun olduğuna oybirliğiyle karar verilmiştir.

Prof. Dr. Mustafa KAPLAN (Başkan)			
Prof. Dr. Engin ŞAHNA (Üye)	İmza	Prof. Dr. Neriman ÇOLAKOĞLU (Üye)	İmza
Prof. Dr. Sefa KAZANÇ (Üye)	İmza	Prof. Dr. Süleyman Serdar KOCA (Üye)	İmza
Doç. Dr. Erdal TAŞKIN (Üye)	Bulunmadı	Doç. Dr. Demet ÇİÇEK (Üye)	İmza
Doç. Dr. Fatih FIRDOLAŞ (Üye)	İmza	Doç. Dr. Yalın Kılıç TÜREL (Üye)	İmza
Doç. Dr. Ertan EVİN (Üye)	İmza	Doç. Dr. Alper Osman ÖĞRENMİŞ (Üye)	İmza
Doç. Dr. Murat SUNKAR (Üye)	İmza	Doç. Dr. Yüksel SAVUCU (Üye)	Bulunmadı
Doç. Dr. Funda GÜLCÜ (Üye)	İmza	Yrd. Doç. Dr. Nurhan HALİSDEMİR (Üye)	İmza

7. ÖZGEÇMİŞ

01.01.1986 tarihinde Konya ili Yunak ilçesinde doğdum. İlkokul ve ortaokulu Akşehir’de okudum. Lise eğitimimi Afyonkarahisar Süleyman Demirel Fen Lisesi’nde tamamladım. 2004 yılında Dokuz Eylül Üniversitesi Tıp Fakültesini kazandım ve 2011 yılında mezun oldum. 2011 Ekim ayında Akşehir Devlet Hastanesi’nde pratisyen hekimliğe başladım ve 5 ay süreyle burada görev yaptım. 2012 Mart ayında Tıpta Uzmanlık Sınavı ile kazandığım Fırat Üniversitesi Adli Tıp Anabilim Dalı’nda asistanlığa başladım. Evliyim ve halen Elazığ’da yaşamaktayım.

