



TÜRKİYE CUMHURİYETİ  
ANKARA ÜNİVERSİTESİ  
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



**TÜRKİYE'DE YAPILAN POPÜLASYON GENETİĞİ  
ÇALIŞMALARININ ÇEŞİTLİLİĞİ İNCELENEREK,  
DİĞER ÜLKELERE AİT POPÜLASYON GENETİĞİ  
ÇALIŞMALARI AÇISINDAN FARKLILIKLARININ VE  
ÖNEMİNİN VURGULANMASI**

**Arlene Joanna KOHLER**

**DİSİPLİNLER ARASI ADLİ BİLİMLER ANABİLİM DALI  
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**DANIŞMAN**

**Prof. Dr. Aysun BARANSEL ISIR**

**2018 - ANKARA**

**TÜRKİYE CUMHURİYETİ  
ANKARA ÜNİVERSİTESİ  
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**TÜRKİYE'DE YAPILAN POPÜLASYON GENETİĞİ  
ÇALIŞMALARININ ÇEŞİTLİLİĞİ İNCELENEREK,  
DİĞER ÜLKELERE AİT POPÜLASYON GENETİĞİ  
ÇALIŞMALARI AÇISINDAN FARKLILIKLARININ VE  
ÖNEMİNİN VURGULANMASI**

**Arlene Joanna KOHLER**

**DİSİPLİNLER ARASI ADLİ BİLİMLER ANABİLİM DALI  
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**DANIŞMAN**

**Prof. Dr. Aysun BARANSEL ISIR**

**2018 - ANKARA**

## ETİK BEYAN

Ankara Üniversitesi  
Sağlık Bilimleri Enstitüsü Müdürlüğü'ne,

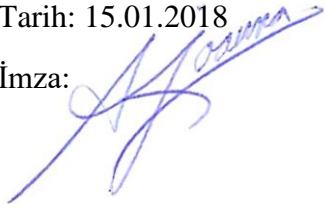
Yüksek Lisans tezi olarak hazırlayıp sunduğum “Türkiye'de Yapılan Popülasyon Genetiği Çalışmalarının Çeşitliliği İncelenerek, Diğer Ülkelere Ait Popülasyon Genetiği Çalışmaları Açısından Farklılıklarının ve Öneminin Vurgulanması” başlıklı tez; bilimsel ahlak ve değerlere uygun olarak tarafımdan yazılmıştır. Tezimin fikir/hipotezi tümüyle tez danışmanım ve bana aittir. Tezde yer alan deneysel çalışma/araştırma tarafımdan yapılmış olup, tüm cümleler, yorumlar bana aittir.

Yukarıda belirtilen hususların doğruluğunu beyan ederim.

Öğrencinin Adı Soyadı: Arlene Joanna Kohler

Tarih: 15.01.2018

İmza:



## KABUL VE ONAY

Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü  
Disiplinlerarası Adli Bilimler Anabilim Dalı  
Adli Biyoloji Tezli Yüksek Lisans Programında

Arlene Joanna KOHLER tarafından hazırlanan

“Türkiye’de Yapılan Popülasyon Genetiği Çalışmalarının Çeşitliliği İncelenerek, Diğer  
Ülkelere Ait Popülasyon Genetiği Çalışmaları Açısından Farklılıklarının ve Öneminin

Vurgulanması” adlı tez çalışması

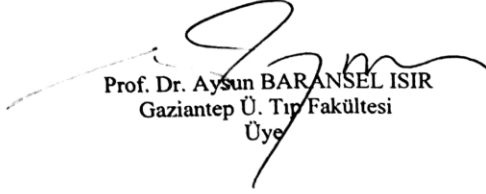
aşağıdaki jüri tarafından **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak

OY BİRLİĞİ ile kabul edilmiştir.

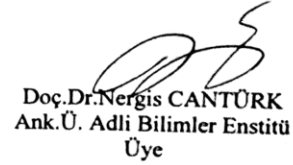
15.01.2018



Prof. Dr. H. Sinan SÜZEN  
Ankara Ü. Eczacılık Fakültesi  
Jüri Başkanı



Prof. Dr. Aysun BARANSEL ISIR  
Gaziantep Ü. Tıp Fakültesi  
Üye



Doç. Dr. Nergis CANTÜRK  
Ank. Ü. Adli Bilimler Enstitüsü  
Üye

Tez hakkında alınan jüri kararı, Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu tarafından onaylanmıştır.

Prof. Dr. Mehmet AKAN  
Sağlık Bilimleri Enstitüsü Müdürü V.

# İÇİNDEKİLER

<b>Etik Beyan</b>	ii
<b>Kabul ve Onay</b>	iii
<b>İçindekiler</b>	iv
<b>Önsöz</b>	xi
<b>Simgeler ve Kısaltmalar</b>	xii
<b>Şekiller</b>	13
<b>Çizelgeler</b>	14
<b>1. GİRİŞ</b>	16
1.1. Genetik Kavramının Ortaya Çıkışı ve Gelişimi	16
1.2. Genetik İle İlgili Kavramlar	18
1.2.1. DNA	18
1.2.2. Kromozom	19
1.2.3. Genetik Marker	19
1.2.4. Gen	20
1.3. Genom	20
1.3.1. Mitokondriyal DNA	21
1.3.2. Nükleer DNA	22
1.3.2.1. Genik Bölge	22
1.3.2.2. Ekstragenik Bölge	22
1.3.2.2.1. Tek Kopya Halinde DNA	22
1.3.2.2.2. Tekrarlı DNA	22
1.3.2.2.2.1. Serpiştirilmiş Tekrarlar	23
1.3.2.2.2.1.1. SINE	23
1.3.2.2.2.1.2. LINE	23
1.3.2.2.2.1.3. LTR	24
1.3.2.2.2.1.4. Transpozon	24
1.3.2.2.2.2. Ardışık Tekrarlar	24
1.3.2.2.2.2.1. Satelit DNA	25
1.3.2.2.2.2.2. Minisatellit DNA	25

1.3.2.2.2.3. Mikrosatellit DNA	26
1.4. STR'lar	26
1.4.1. STR'ların Oluşumu ve Yapısı	27
1.4.2. STR Çeşitleri ve İsimlendirilmeleri	29
1.4.2.1. Otozomal STRlar	29
1.4.2.2. X STR'lar	30
1.4.2.3. Y STR'lar	31
1.4.3. STR Analizi	32
1.4.3.1. DNA'nın İzolasyonu (Ekstraksiyonu)	32
1.4.3.2. DNA'nın Kantitasyonu	33
1.4.3.3. PCR	34
1.4.3.4. Elektroforez	34
1.4.3.5. Analiz	35
1.4.4. STR kitlerinin gelişimi ve kullanılan kitler	36
1.4.5. STR'ların Önemi	37
1.4.6. STRların Kullanıldıkları Alanlar	37
1.4.7. Adli Uygulamalarda STR Kullanımının Önemi	38
1.5. Popülasyon ve İnsan Popülasyonu Kavramları	40
1.6. Popülasyon Genetiği	41
1.6.1. Popülasyon Genetiğinin İçerdiği Konular	43
1.6.1.1. Evrimsel Güçler	44
1.6.1.2. Hardy-Weinberg Eşitliği	45
1.6.1.3. Popülasyon Genetiği Çalışmalarında Bulunan Değerler	46
1.7. Popülasyon Genetiği Çalışmaları ve Kullanılan Genetik Markerlar	47
1.7.1. Popülasyon Genetiği Çalışmalarında Kullanılan Genetik Markerların Sahip Olması Gereken Özellikler	47
1.7.2. Popülasyon Genetiği Çalışmalarında İncelenen STR Lokusları	50
1.7.2.1. AmpFI STR İdentifiler kitinde incelenen lokuslar	50
1.7.2.1.1. D8S1179 lokusu	51
1.7.2.1.2. D21S11 lokusu	52
1.7.2.1.3. D7S820 lokusu	52
1.7.2.1.4. CSF1PO lokusu	52

1.7.2.1.5. D3S1358 lokusu	53
1.7.2.1.6. TH01 lokusu	53
1.7.2.1.7. D13S317 lokusu	53
1.7.2.1.8. D16S539 lokusu	54
1.7.2.1.9. D2S1338 lokusu	54
1.7.2.1.10. D19S433 lokusu	54
1.7.2.1.11. vWA lokusu	55
1.7.2.1.12. TPOX lokusu	55
1.7.2.1.13. D18S51 lokusu	55
1.7.2.1.14. D5S818 lokusu	56
1.7.2.1.15. FGA lokusu	56
1.7.2.2. AmpFlSTR Identifiler Plus kitinde incelenen lokuslar	56
1.7.2.3. AmpFlSTR Profiler kitinde incelenen lokuslar	57
1.7.2.4. AmpFlSTR Profiler Plus kitinde incelenen lokuslar	57
1.7.2.5. AmpFlSTR Cofiler kitinde incelenen lokuslar	57
1.7.2.6. AmpFlSTR Sinofiler kitinde incelenen lokuslar	57
1.7.2.6.1. D12S391 lokusu	58
1.7.2.6.2. D6S1043 lokusu	58
1.7.2.7. AmpFlSTR Globalfiler kitinde incelenen lokuslar	59
1.7.2.7.1. D10S1248 lokusu	59
1.7.2.7.2. D22S1045 lokusu	60
1.7.2.7.3. D2S441 lokusu	60
1.7.2.7.4. D1S1656 lokusu	60
1.7.2.7.5. Yindel lokusu	61
1.7.2.7.6. SE33 lokusu	61
1.7.2.8. AmpFlSTR NGM kitinde incelenen lokuslar	61
1.7.2.9. AmpFlSTR SGM Plus kitinde incelenen lokuslar	61
1.7.2.10. AmpFlSTR Green I kitinde incelenen lokuslar	62
1.7.2.11. PowerPlex 16 kitinde incelenen lokuslar	62
1.7.2.11.1. Penta E lokusu	63
1.7.2.11.2. Penta D lokusu	63
1.7.2.12. PowerPlex Fusion kitinde incelenen lokuslar	63

1.7.2.13. PowerPlex ES kitinde incelenen lokuslar	64
1.7.2.14. PowerPlex 2.1. kitinde incelenen lokuslar	64
1.7.2.15. PowerPlex 1.1. kitinde incelenen lokuslar	64
1.7.2.16. PowerPlex 1.2. kitinde incelenen lokuslar	64
1.7.2.17. Investigator IDPlex Plus kitinde incelenen lokuslar	65
1.7.2.18. CTT kitinde incelenen lokuslar	65
1.7.2.19. FFV kitinde incelenen lokuslar	65
1.7.2.19.1. F13A1 lokusu	66
1.7.2.19.2. FESFPS lokusu	66
1.7.2.20. FFFL kitinde incelenen lokuslar	66
1.7.2.20.1. F13B lokusu	67
1.7.2.20.2. LPL lokusu	67
1.7.2.21. Microreader 23sp ID system kitinde incelenen lokuslar	67
1.7.2.22. Mentype Argus X-8 kitinde incelenen lokuslar	67
1.7.2.22.1. DXS8378 Lokusu	68
1.7.2.22.2. HPRTB Lokusu	69
1.7.2.22.3. DXS7423 Lokusu	69
1.7.2.22.4. DXS7132 Lokusu	69
1.7.2.22.5. DXS10134 Lokusu	69
1.7.2.22.6. DXS10074 Lokusu	70
1.7.2.22.7. DXS10101 Lokusu	70
1.7.2.22.8. DXS10135 Lokusu	70
1.7.2.23. Investigator Argus X-12 Kitinde İncelenen Lokuslar	70
1.7.2.23.1. DXS10079 Lokusu	71
1.7.2.23.2. DXS10103 Lokusu	71
1.7.2.23.3. DXS10146 Lokusu	72
1.7.2.23.4. DXS10148 Lokusu	72
1.7.2.24. AmpFlSTR Y Filer Kitinde İncelenen Lokuslar	72
1.7.2.24.1. DYS19 lokusu	73
1.7.2.24.2. DYS385a/b lokusu	74
1.7.2.24.3. DYS389I lokusu	74
1.7.2.24.4. DYS389II lokusu	74

1.7.2.24.5. DYS390 lokusu	75
1.7.2.24.6. DYS391 lokusu	75
1.7.2.24.7. DYS392 lokusu	75
1.7.2.24.8. DYS393 lokusu	75
1.7.2.24.9. DYS437 lokusu	76
1.7.2.24.10. DYS438 lokusu	76
1.7.2.24.11. DYS439 lokusu	76
1.7.2.24.12. DYS448 lokusu	76
1.7.2.24.13. DYS456 lokusu	77
1.7.2.24.14. DYS458 lokusu	77
1.7.2.24.15. DYS635 lokusu	77
1.7.2.24.16. Y GATA H4 lokusu	77
1.7.2.25. Y-Plex 12 kitinde incelenen lokuslar	78
1.7.2.26. Y-Plex 6 kitinde incelenen lokuslar	78
1.7.2.27. Y-Plex 5 kitinde incelenen lokuslar	78
1.7.2.28. PowerPlex Y kitinde incelenen lokuslar	78
1.7.2.29. PowerPlex Y 23 kitinde incelenen lokuslar	79
1.7.2.29.1. DYS481 lokusu	79
1.7.2.29.2. DYS533 lokusu	79
1.7.2.29.3. DYS549 lokusu	80
1.7.2.29.4. DYS570 lokusu	80
1.7.2.29.5. DYS576 lokusu	80
1.7.2.29.6. DYS643 lokusu	80
1.7.2.30. AGCU Y 24 kitinde incelenen lokuslar	81
1.7.3. Kitlerin Karşılaştırılmasına Dair Tablolar	81
1.7.3.1. Otozomal STR Kitleri ve Lokusları	81
1.7.3.2. X-STR Kitleri ve Lokusları	86
1.7.3.3. Y-STR Kitleri ve Lokusları	86
<b>2. GEREÇ VE YÖNTEM</b>	89
<b>3. BULGULAR</b>	91
3.1. Türkiye’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları	91

3.2. Afrika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	95
3.3. Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	98
3.4. Çin’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	108
3.5. Hindistan’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	115
3.6. Avrupa Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti ve İstatistiki Bulguları	121
3.7. Güney Amerika Kıtasında (Brezilya hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti ve İstatistiki Bulguları	128
3.8. Brezilya’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	135
3.9. Kuzey Amerika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	139
3.10. Tüm Otozomal STR Çalışmalarının İstatistiki Bulguları	143
3.11. Afrika Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	144
3.12. Asya Kıtasında (Çin hariç) Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	146
3.13. Çin’de Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	149
3.14. Avrupa Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	153
3.15. Güney Amerika Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	157
3.16. Tüm X STR Çalışmalarının İstatistiki Bulguları	160
3.17. Türkiye’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	161
3.18. Afrika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	164

3.19. Asya Kıtasında (Çin ve Japonya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	168
3.20. Çin’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	175
3.21. Japonya’da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	181
3.22. Avrupa Kıtasında (İspanya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	183
3.23. İspanya’da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	190
3.24. Güney Amerika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	193
3.25. Kuzey Amerika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları	198
3.26. Tüm Y-STR Çalışmalarının İstatistiki Bulguları	201
<b>4. TARTIŞMA</b>	203
4.1. İncelenen Otozomal STR Çalışmaları için;	203
4.2. İncelenen X-STR Çalışmaları için,	207
4.3. İncelenen Y-STR Çalışmaları İçin;	210
4.4. İncelenen Tüm Çalışmalar için;	214
<b>5. SONUÇ VE ÖNERİLER</b>	217
<b>ÖZET</b>	222
<b>SUMMARY</b>	223
<b>KAYNAKLAR</b>	224
<b>ÖZGEÇMİŞ</b>	269

## ÖNSÖZ

Adli Bilimler alanında ilerlememde yardım eden, yüksek lisans öğrenimim boyunca gelişmemi destekleyen danışmanım Gaziantep Üniversitesi Adli Tıp Anabilim Dalı'ndan Sayın Prof. Dr. Aysun BARANSEL ISIR'a,

Çalışmam boyunca yardımlarıyla destek olan Adli Bilimler Enstitüsü Müdürü Sayın Prof. Dr. H. Sinan SÜZEN'e ve Adli Bilimler Enstitüsü Müdür Yardımcısı Doç. Dr. Nergis CANTÜRK'e,

Tez çalışmamdaki istatistik analizlerinde yardımlarını esirgemeyen ve ayrıca beni tezim konusunda teşvik eden Ayberk Furkan ÖZTÜRK'e,

ve son olarak öğrenim hayatım boyunca beni hep destekleyen, yardımlarıyla bulunduğum noktadan daha ileri gitmemi sağlayan canım aileme ve arkadaşlarıma,

En içten duygularıyla teşekkür ederim...

## SİMGELER VE KISALTMALAR

<b>AFLP</b>	Amplified Fragment Length Polymorphism; ođaltılmıř Para Uzunluk Polimorfizmi
<b>CODIS</b>	Combined DNA Index System; Kombine DNA İndeks Sistemi
<b>DC</b>	Discrimination Capacity; Ayrım Kapasitesi
<b>DNA</b>	Deoxyribo Nucleic Acid; Deoksiriboz Nkleik Asit
<b>ESS</b>	European Standard Set
<b>FBI</b>	Federal Bureau of Investigation; ABD Federal Arařtırma Brosu
<b>FTA</b>	Flinders Technology Associates; Flinders Teknoloji Ortaklıđı
<b>GD</b>	Gene Diversity; Gen eřitliliđi
<b>H</b>	Heterozygosity; Heterozigotluk
<b>HD</b>	Haplotype Diversity; Haplotip eřitliliđi
<b>LINE</b>	Long Interspersed Elements; Uzun Serpiřtirilmif Tekrarlar
<b>LTR</b>	Long Terminal Repeats; Uzun Terminal Tekrarlar

## ŞEKİLLER

Şekil 1.1. Genomun Dağılımı

21



## ÇİZELGELER

<b>Çizelge 1.1.</b> D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA, D2S1338 ve D19S433 lokuslarının özellikleri	51
<b>Çizelge 1.2.</b> D12S391 ile D6S1043 lokuslarının özellikleri	58
<b>Çizelge 1.3.</b> D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA, D22S1045, D2S441, D1S1656, D12S391, Yindel, DYS391 ile SE33 lokuslarının özellikleri	59
<b>Çizelge 1.4.</b> Penta E ile Penta D lokuslarının özellikleri	62
<b>Çizelge 1.5.</b> F13A1 ile FESFPS lokuslarının özellikleri	65
<b>Çizelge 1.6.</b> F13B ile LPL lokuslarının özellikleri	66
<b>Çizelge 1.7.</b> DXS8378, HPRTB, DXS7423, DXS7132, DXS10134, DXS10074, DXS10101 ile DXS10135 lokuslarının özellikleri	68
<b>Çizelge 1.8.</b> DXS8378, HPRTB, DXS7423, DXS7132, DXS10134, DXS10074, DXS10101, DXS10135, DXS10079, DXS10103, DXS10146 ile DXS10148 lokuslarının özellikleri	71
<b>Çizelge 1.9.</b> DYS19, DYS385a/b, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635 ile Y GATA H4 lokuslarının özellikleri	73
<b>Çizelge 1.10.</b> DYS481, DYS533, DYS549, DYS570, DYS576 ile DYS643 lokuslarının özellikleri	79
<b>Çizelge 1.11.</b> Otozomal STR Kitleri ve Lokusları	81
<b>Çizelge 1.12.</b> X-STR Kitleri ve Lokusları	86
<b>Çizelge 1.13.</b> Y-STR Kitleri ve Lokusları	86
<b>Çizelge 3.1.</b> Türkiye’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri	92
<b>Çizelge 3.2.</b> Afrika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri	96
<b>Çizelge 3.3.</b> Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri	100

<b>Çizelge 3.4.</b> Çin’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri	109
<b>Çizelge 3.5.</b> Hindistan’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri	117
<b>Çizelge 3.6.</b> Avrupa Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri	123
<b>Çizelge 3.7.</b> Güney Amerika Kıtasında (Brezilya hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri	130
<b>Çizelge 3.8.</b> Brezilya’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri	136
<b>Çizelge 3.9.</b> Kuzey Amerika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri	140
<b>Çizelge 3.10.</b> Afrika Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri	145
<b>Çizelge 3.11.</b> Asya Kıtasında (Çin hariç) Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri	147
<b>Çizelge 3.12.</b> Çin’de Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri	150
<b>Çizelge 3.12.</b> Çin’de Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri	151
<b>Çizelge 3.13.</b> Avrupa Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri	154
<b>Çizelge 3.14.</b> Güney Amerika Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri	159
<b>Çizelge 3.15.</b> Türkiye’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri	162
<b>Çizelge 3.16.</b> Afrika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri	165
<b>Çizelge 3.17.</b> Asya Kıtasında (Çin ve Japonya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri	170
<b>Çizelge 3.18.</b> Çin’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri	176
<b>Çizelge 3.19.</b> Japonya’da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri	182
<b>Çizelge 3.20.</b> Avrupa Kıtasında (İspanya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri	185
<b>Çizelge 3.21.</b> İspanya’da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri	191
<b>Çizelge 3.22.</b> Güney Amerika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri	195
<b>Çizelge 3.23.</b> Kuzey Amerika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri	199

# 1. GİRİŞ

## 1.1. Genetik Kavramının Ortaya Çıkışı ve Gelişimi

Genetik bilimi, biyoloji içerisinde önemli bir yere sahiptir. Bitkiler, hayvanlar gibi canlı olan her varlığın tam anlamıyla kavranılabilmesi için genetiğe ihtiyaç vardır. Genetik aynı zamanda insanlar arasındaki ilişkilerde de temeldir (Griffiths ve ark., 2005).

Arkeolojik bulgular, eski çağlarda insanların bitkiler ve hayvanlar yetiştirmeye başladıklarında, çiftleştirmek için istedikleri bireyleri seçtiklerini göstermektedir (Griffiths ve ark., 2005; Klug ve ark., 2012, s:2). Elde edilen bu bulgular o zamanlarda farkında olunmadan genetiğin kullanıldığını göstermektedir. Fakat genetik, kurallı ve analitiksel bir şekilde ancak 1860'larda Rahip olan Gregor Mendel'in bezelyelerle yaptığı bir takım deneyler ile bugün genler olarak bilinen biyolojik elementlere işaret etmesiyle başladı (Griffiths ve ark., 2005; Klug ve ark., 2012, s:3).

Gregor Mendel'in bu temelleri atmasından iki yüz yıl önce 1600'larda yaşayan William Harvey epigenez teorisini, yani organizmanın embriyonik gelişiminde yumurtanın içeriğinden ergin bireye dönüşümünü ortaya atmıştır. Bu teori, 17. yüzyılda tartışılan üreme hücrelerinin homunculus adı verilen minyatür ergin bireyler içerdiği düşüncesi ile ters düşmüştür (Klug ve ark., 2012, s:3). Johansen 1909 yılında Mendel'in faktörler olarak adlandırdığı biyolojik elementlere 'gen' demiştir. 1928'de ise bakterilerle çalışan Griffith bu faktörlere 'transforme eden eleman' ismini vermiştir (Melez, 2013, s:76). 1930'larda, Matthias Schleiden ve Theodor Schwann tüm organizmaların temel yapı taşlarının hücre olduğunu öne süren hücre teorisini ortaya atmıştır. Louis Pasteur ise 20. yüzyılın sonlarına doğru cansız varlıklardan canlı varlıkların oluşmadığını kanıtlamış ve böylelikle canlı organizmaların hücrelerden oluşan başka canlı organizmalardan oluştuğu düşünölmeye başlanmıştır. 1941 yılına kadar genetik alanında birçok tanım ve çalışma yapılmış olsa da biyokimyasal olarak

genetik açıklanamamıştır. 1941 ve 1944'te sırasıyla Beadle ve Tatum ile Avery ve arkadaşlarının yaptığı çalışmalar kısmen de olsa genetiğin biyokimyasal mekanizmasını ve moleküler yanını aydınlatmıştır. Sadece DNA'nın genetik bilgiyi taşıdığı 1952 yılında Hershey ve Chase tarafından kanıtlanmıştır. Watson ve Crick ise bir yıl sonra DNA'nın yapısı ile ilgili önemli bilgiler öne sürmüşlerdir. Wilkins ve Franklin DNA yapısını X-ray ile doğrulamışlar ve bununla birlikte protein sentezi mekanizmasını da içeren birçok mekanizma tanımlanmaya başlanmıştır. 1970'lerde revers transkriptaz ve restriksiyon enzimleri ile dizi analiz yönteminin geliştirilmesi de genetik tarihindeki diğer dönüm noktaları gibi önemli olmuştur. 1977 yılında Drosophila ve maya üzerinde yapılan genetik çalışmalar genin tüm bölgelerinin kodlamadığına işaret etmiştir. Genin kodlayan kısımlarına ekzon, kodlamayan kısımlarına intron ismini 1978'de Gilbert vermiştir (Melez, 2013, s:76). Biyolojik olarak hayatın temelleri hakkında yapılan bu önemli teoriler Gregor Mendel ve Charles Darwin'in çalışmalarına temel olmuştur. Darwin evrimsel değişimlerin açıklaması olan doğal seleksiyon teorisi üzerinde durmuştur. Fakat Darwin'in genetiğin ve kalıtımın temelleri hakkında bilgiye sahip olmaması bu teorisinin eleştiriye açık olmasına neden olmuştur. Bu açıklığı da Mendel çalışmalarıyla yeterli bilgi sunabilmesi ile kapatmıştır. Sonuç olarak kalıtılan varyasyonların kromozomlarda bulunan genlerin içerdiği genetik bilgiye dayalı olduğu farkedilmiştir (Klug ve ark., 2012, s:4).

Bu tarihsel süreç biyolojinin bir dalı olan genetik biliminin odağının genler olduğunu göstermektedir (Griffiths ve ark., 2005; Klug ve ark., 2012, s:4). Genetikçiler moleküler, hücresel, organizmal, popülasyon veya evrim seviyesinde, hangi seviyede araştırma yapıyorsa o araştırmaların temelinde genler vardır. Genetik de en basit şekliyle genlerin araştırması olarak tanımlanabilir (Griffiths ve ark., 2005).

## 1.2. Genetik İle İlgili Kavramlar

Gen kavramını açıklayabilmek için öncelikle genetik ile ilgili bazı temel kavramlar hakkında bilgi sahibi olmak gerekmektedir.

### 1.2.1. DNA

Genetik ile ilgili temel kavramların başında canlıların yaşayabilmeleri ve üremeleri için gerekli bilgiyi içermekte olan DNA gelmektedir. Çok önemli temel biyolojik bir görevi olan DNA, 3 tane fosfat grubu, deosiriboz şekeri ve 4 bazdan birini içerir. Adenin, guanin, timin ve sitozin bazları DNA'nın şeker ve fosfat temeline bağlanarak DNA içindeki bilgi kodlanmaktadır. DNA genelde çift iplikli heliks şeklinde bir yapı göstermektedir. Bu iki iplik birbirine bazlardan bağlanmaktadır. Adenin her zaman timin ile sitozin de her zaman guanin ile eşleşmektedir (Goodwin ve ark., 2007, s:11).

Genetik materyal her bir bireyde farklıdır. Çekirdekli hücelere bakıldığında burda bulunan DNA'dan bireyler arası farklılıktan yararlanılarak incelenen genetik materyalin belirli bir bireye ait olduğu bulunabilmektedir. Genetik materyalin aynı olduğu tek yumurta ikizlerini de son zamanlarda epigenetik olarak incelenerek bir takım farkların ortaya çıktığı görülmüştür. Tek yumurta ikizleri aynı yumurta içinde gelişmelerinden dolayı başta aynı DNA'ya sahiptirler. Yumurta fertilize olduktan sonra iki ayrı hücreye ayrılmaktadır. İkiz üretebilmek için bu iki hücre birbirinden ayrı olarak iki birey oluşturmaktadır. Bilim adamları yıllardır tek yumurta ikizlerinin tıpa tıpa aynı DNA'ya sahip olmadıklarını bilmektedirler. İki ayrı hücreye bölünmeden önce aynı DNA'ya sahip olsalar bile daha sonra hücrelerin bölünmesi ile DNAları birbirinden bağımsız olarak az miktarda değişikliklere uğramaktadır. Tek yumurta ikizleri kullanılan analizlere göre aynı veya ayrı birey olarak görülebilmektedir (Lyle, 2016). Fakat tek yumurta ikizleri dışındaki bireylerde DNA her zaman bireye özgüdür.

### 1.2.2. Kromozom

İnsan genomu yani bir insandaki toplam DNA 3.200.000.000 bp (basepair, bazçifti) miktarında bilgi içermektedir. Bu DNA, histon proteinleri ile paketlenmiş ve düzenlenmiş halde 23 kromozomda bulunmaktadır. Her ebeveynden yavruya kromozomun bir versiyonu aktarıldığı için bir insanda her kromozomdan iki tane olmak üzere 46 kromozom vardır (Goodwin ve ark., 2007, s:11 s:13).

### 1.2.3. Genetik Marker

Genetik markerlar, laboratuvarında hücreleri, bireyleri, türleri veya popülasyonları ayırt etmek için kullanılan, genetik çeşitliliği ortaya çıkarmaya yarayan kolayca tespit edilebilen genetik materyallerdir (National Forest Genetics Laboratory, 2006). Çoğu doğal popülasyonlardaki organizmalarda birçok genin birden fazla allel şeklinde genetik varyasyonları bulunmaktadır. Bu genetik varyasyonlar DNA markerları veya DNA polimorfizmleri olarak adlandırılmaktadır (Hartl ve Ruvolo, 2001, s:39). Genetikte, genetik marker nasıl belirlendiği gözetilmeksizin DNA'daki herhangi bir farklılıktır ve jenerasyondan jenerasyona aktarılırken izlenebilir. Marker taşıyan her bir birey markerın iki yanında belirli bir uzunlukta kromozom da taşımaktadır ve böylelikle marker genomda spesifik bir yeri işaretlemektedir. Mutasyona uğramış bir gen, veya bir kısmı da genetik marker yerine geçebilir. Modern genetik analizde, iki birey arasında DNA dizilimindeki her hangi bir farklılık genetik marker olarak görev yapabilmektedir. Bu DNA markerları genelde kendi içlerinde zararsız olsalar da hastalığa yol açan genlerin yerinin tespit edilmesini, izole edilmesini ve araştırılmasını sağlamaktadır.

DNA'nın analiz edilmesiyle dolaylı olmadan tespit edilebilen genetik markerlar DNA markerları olarak adlandırılır. DNA markerları; uzun DNA moleküllerinde bireylerin arasındaki genetik farklılıkları ortaya koyan belirli bir noktayı işaretleme görevine sahip olduğundan genetikte önemli yere sahiptirler. Genetikçiler; DNA markerlarını kullanarak normal genlerin, mutant genlerin, kromozomlardaki

kırılmaların ve genetik analizde önemli olan başka özelliklerin tespit edilmesinde kullanılmaktadırlar (Hartl ve Ruvolo, 2001, s:40).

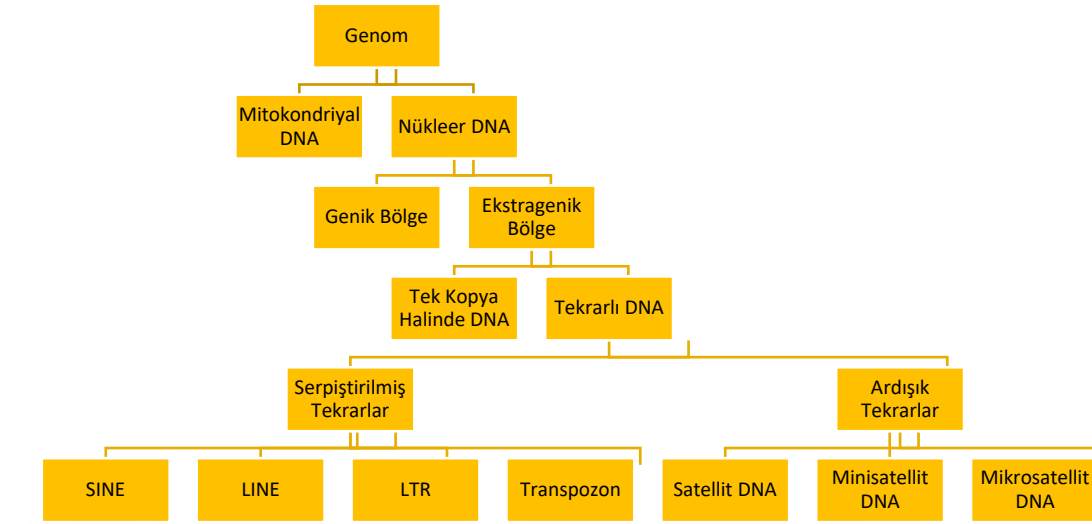
#### **1.2.4. Gen**

Kalıtımın fiziksel ve fonksiyonel olan en basit kısmıdır. Genler DNA'dan oluşmakta olup, büyüklük açısından farklılık göstermektedirler. İnsan Genom Projesi insanların yaklaşık olarak 20.000 ve 25.000 arasında gen içerdiğini belirlemiştir. İnsanlar %1'den az bir kısım dışında aynı genlere sahiptir (Lister Hill National Center for Biomedical Communications, 2017).

#### **1.3. Genom**

Bir bireyde bulunan genler veya genetik materyal toplamına genom denir. Genom, DNA'nın dizi (sekans) yapısı ve fonksiyonu açısından farklı gruplara ayrılmaktadır (Goodwin ve ark., 2007, s:13).

DNA'nın kodlanabilen ve protein sentezini düzenleyen bölgelerine gen denir. İnsan genomu sadece 20.000-25.000 gen içermektedir (Goodwin ve ark., 2007, s:14). Genomda mitokondriyal ve çekirdek DNA'sı olmak üzere iki tip DNA bulunmaktadır (Melez, 2013, s:79-80).



Şekil 1.1. Genomun Dağılımı

### 1.3.1. Mitokondriyal DNA

Mitokondri organeli hücre içinde enerji üretme rolüne sahip olan organeldir. Çoğu DNA çekirdekte bulunmasına rağmen, mitokondri de az miktarda DNA'yı bünyesinde taşımaktadır. Bu DNA'ya mitokondriyal DNA (mtDNA) denir. Mitokondriyal DNA toplamda 37 gen içermekte olup bu genlerin hepsi mitokondrinin fonksiyonlarını gerçekleştirmektedir (Lister Hill National Center for Biomedical Communications, 2017).

Mitokondriyal DNA küçük ve dairesel olması nedeniyle adli olaylarda elde edilen bozulmuş, degrade olmuş veya çok az elde edilebilmiş biyolojik örneklerin kime ait olduğunu tespit etmede önemli bir konuma sahiptir. Çoğu hücreler yüzlerce mtDNA kopyası içermektedir, bu da zarar görmüş biyolojik örneklerden yeterli miktarda DNA elde edilmesini sağlamaktadır.

Mitokondriyal DNA adli olayların yanı sıra, anne tarafından kalıtılması nedeniyle köken analizlerinde de kullanılmaktadır (National Institute of Justice, 2017).

### **1.3.2. Nükleer DNA**

Mitokondriyal DNA, genomun çok az bir kısmını oluşturduğu için burada Nükleer DNA yani çekirdek DNA'sı genomun hepsi olarak kabul edilmektedir.

#### **1.3.2.1. Genik Bölge**

Genomun genlerle ilgili olan bölümünün (Genik Bölge) (%25) sadece %1.5'i protein kodlamaya doğrudan ilgilidir ve bu bölgelere 'ekzon' denilmektedir. Genomun %23.5'lik kısmı protein kodlamayan 'intron' bölgelerinden oluşmaktadır (Goodwin ve ark., 2007, s:14; Melez, 2013, s:79-80).

#### **1.3.2.2. Ekstragenik Bölge**

Genomun yaklaşık %75'i ise genlerle ilgili olmayan ekstragenik bölgedir (Goodwin ve ark., 2007, s:14; Melez, 2013, s:79-80).

##### **1.3.2.2.1. Tek Kopya Halinde DNA**

Ekstragenik bölgenin %21'lik bölümü tek kopya halinde bulunan DNA'dan meydana gelmektedir (Melez, 2013, s:79-80). Bu kısmın genelde fonksiyonu bilinmemekle beraber bazı bölgeleri evrimsel baskı altında olup bilinmeyen fakat önemli bir role sahip olduğu düşünülmektedir (Goodwin ve ark., 2007, s:14).

##### **1.3.2.2.2. Tekrarlı DNA**

Geriye kalan %54'lük bölümü ise tekrarlı DNA'dan oluşmaktadır. Tekrarlı DNA'nın %45'lik kısmı SINE (short interspersed elements/serpiştirilmiş kısa tekrar dizileri), LINE (long interspersed elements/serpiştirilmiş uzun tekrar dizileri), LTR

(long terminal repeats/uzun bitiş tekrarları) ve transpozonları içeren serpiştirilmiş tekrarlar ismini almıştır; %9'luk bölümü ise ardışık tekrar dizilerini içermektedir (Aytekin, 2014; Goodwin ve ark., 2007 s:15; Melez, 2013, s:79-80).

### **1.3.2.2.1. Serpiştirilmiş Tekrarlar**

Tekrarlı DNA'nın bir kısmı, ardışık olmak yerine, genom içinde serpiştirilmiş halde bulunmaktadır. Bu tekrarlar uzun veya kısa olabilmektedir. Bazıları ise hareketli ve genom içinde farklı yerlere gidebilme açısından ayırt edilmektedir (Klug ve ark., 2012, s:308-309).

#### **1.3.2.2.1.1. SINE**

Serpiştirilmiş kısa tekrar dizileri (SINE/Short interspersed elements), 500 bp uzunluğundadır. İnsan genomunda yaklaşık 500.000 defa görülebilmektedir. SINE'ler insan genomunun yaklaşık %13'ünü oluşturmaktadır (Klug ve ark., 2012, s:309). İnsan DNA'sında iyi bir şekilde tanımlanmış SINE, Alu gen familyasıdır (Aytekin, 2014; Klug ve ark., 2012, s:309). Alu I endonükleaz restriksiyon enzimi tarafından tanınan tekrarlar olması nedeniyle Alu ismini almışlardır. Bu gen familyasına ait tekrarlar 200-300bp uzunluğundadır. İnsanlarda Alu gen familyası genomun %5'inden fazlasını oluşturmaktadır (Klug ve ark., 2012, s:309).

#### **1.3.2.2.1.2. LINE**

Serpiştirilmiş uzun tekrar dizileri (LINE/Long interspersed elements), serpiştirilmiş tekrarların bir başka kategorisini oluşturmaktadır. LINE'ler genelde 6 kb uzunluğundadır. İnsan genomunda yaklaşık 850.000 defa görülebilmektedir. LINE'ler insan genomunun yaklaşık %21'ini oluşturmaktadır. İnsanlarda en çok görülen çeşidi LI gen ailesidir. Bu gen ailesine ait tekrarlar genelde 6400 bp uzunluğunda olup, genomda 500.000'den çok kez görülmektedir (Klug ve ark., 2012, s:309).

### **1.3.2.2.2.1.3. LTR**

Uzun Terminal Tekrarlar (Long Terminal Repeats-LTR) DNA'da aynı sekansları içeren yüzlerce veya binlerce kez tekrarlanan retrotranspozonların veya proviral DNA'nın iki ucundan birinde bulunan retroviral RNA'nın revers transkripsiyonu ile oluşan tekrarlardır. Bu tekrarlar yaklaşık olarak 640 bp uzunluğundadırlar (Dale, 2017).

### **1.3.2.2.2.1.4. Transpozon**

Yer değiştirebilen elementler veya “zıplayan genler” olarak bilinen transpozonlar, kromozomlar içerisinde veya arasında genomda konum değişikliği yapabilmektedirler (Klug ve ark., 2012, s:381, 394). Bu elementler bakteriden insanlara kadar tüm organizmaların genomlarında bulunmaktadır (Klug ve ark., 2012, s:381). İnsan genomunun neredeyse %50'si yer değiştirebilen elementlerden oluşmaktadır (Klug ve ark., 2012, s:394).

### **1.3.2.2.2.2. Ardışık Tekrarlar**

Ardışık tekrarlar insan genomu içerisinde geniş bir dağılım göstermekte olan polimorfik yapılardır. Bu tekrarlar haritalama çalışmaları, hastalık teşhisleri ve kimliklendirme için önemlidirler (Ruitberg ve ark., 2001). Değişken sayıda ardışık tekrarlar (VNTR/Variable number tandem repeats) olarak da bilinen minisatellitler ile kısa ardışık tekrarlar (STR/Short tandem repeat) olarak da isimlendirilen mikrosatellitler ardışık tekrar çeşitleridir (Goodwin ve ark., 2007, s:16).

Ardışık tekrar bölgesi olarak tanımlanan toplam genomun %9'unun, %5'lik kısmını Satellit, %3'lük kısmını minisatellit ve %1'lik kısmını mikrosatellitler oluşturmaktadır. Bu DNA'ların baz çifti dağılımları; Satellit DNA için 100-6500 bp,

Minisatellit için 6-99 bp (bazı kaynaklarda 20-100 bp) ve Mikrosatellit için 2-5 bp'dir (Melez, 2013, s:80).

Bazı kaynaklarda minisatellitler ve mikrosatellitler Değişken Sayıda Ardışık Tekrarlar (Variable Number Tandem Repeat – VNTR) ismi verilmektedir ancak genelde sadece minisatellitler VNTR olarak görülmekte ve mikrosatellitler ayrı bir sınıfta incelenmektedir. Alec Jeffreys 1984'te uzunluk olarak aşırı değişkenlik gösteren bölge olan minisatellitleri bulmuştur. Kesimler sonucu uzunluk farkları nedeniyle uzunluk polimorfizmi kavramı ortaya çıkmıştır. Bu kavram baz dizilerinin tekrar sayısını ele almaktadır. VNTR ve STR'larda çeşitlilik, tekrar sayılarının farklı olmasından dolayı allellerin uzunluklarındaki değişiklik nedeniyle olduğundan bu tekrarlar aynı zamanda uzunluk polimorfizmi olarak isimlendirilmektedir (Goodwin ve ark., 2007, s:16; Melez, 2013, s:81).

1985 yılında Celera genomics çalışanı Carry Mullis tarafından tanımlanmış PCR Polimeraz Chain Reaction yani DNA kopyalanması ve çoğaltılması ile SNP (Single Nucleotide Polymorphism) Tek Nükleotid Polimorfizmine bakılıp dizi=sekans polimorfizmi kavramı oluşmuştur (Aytekin, 2014; Melez, 2013, s:81). Dizi polimorfizmlerinde baz dizilimi incelenmektedir.

#### **1.3.2.2.2.1. Satellit DNA**

Satellit DNA, toplam DNA'da değişken miktarlarda yer kaplamaktadır. Satellit DNA, kendini çok sayıda tekrar eden kısa dizilerden oluştuğu için yüksek derecede tekrarlı kategorisine girmiştir (Klug ve ark., 2012, s:306).

#### **1.3.2.2.2.2. Minisatellit DNA**

Uzun tekrar motiflerine sahip olan lokuslara minisatellit veya VNTR denilmektedir Tekrar sayısı bireyden bireye büyük farklar göstermektedir (Kashyap

ve ark.,2004). Minisatellitler merkez dizisi 6-100bp arasında olan ve bunların tekrar sayılarındaki deęişiklik nedeniyle 500bp'nden 30kb fazlasına kadar büyüklük farkı gösteren tekrar bölgeleridir. DNA profillemesinde kullanılan ilk polimorfizmlerdir. Kullanımları açısından kısıtlamaları ise analiz için çok miktarda DNA'ya ihtiyaç duyulmasıdır. Analiz sonucu ortaya çıkan profillerin yorumlaması da oldukça zordur. Günümüzde minisatellitlerin yerini mikrosatellitler almıştır (Goodwin ve ark., 2007, s:17).

Bir dizi ve uzunluk polimorfizmi olan VNTR'larda minisatellitler ve AFLP Amplified Fragment Length Polimorphism yani Amplifiye Uzunluk Polimorfizmleri bulunmaktadır. AFLP'ler 16bp'i içermektedir. AFLP'leri oluşturan birimler ise 14-42 kadar tekrar yapmaktadır (Melez, 2013, s:81).

#### **1.3.2.2.2.3. Mikrosatellit DNA**

Mikrosatellitlerde ise sadece STR'lar vardır. STR'lar en sık görülen tekrarlardır. STR'ların yine de daha çok tercih edilmesinin 3 temel nedeni bulunmaktadır (Melez, 2013, s:81).

1) Multipleks reaksiyonlar yani birçok lokusun birarada incelenebilmesi az DNA ile kolayca yapılabilmektedir (Melez, 2013, s:82 s:86)

2) Karışık örnekleri ayırabilmektedirler.

3) DNA veritabanlarının STRlar üzerine kurulmuş olmasıdır (Melez, 2013, s:82).

#### **1.4. STR'lar**

Alec Jeffrey's Leicester Üniversitesi'nde 7 yıl çalışma sonucunda 1984'te DNA parmak izi yöntemini keşfetmiştir. Jeffreys ve arkadaşları, DNA dizisindeki küçük deęişikliklerin bulunup bulunmayacağını ve bunların tespiti sonucunda insanların

arasında genetik farklılıkların belirlenip belirlenemeyeceğini merak ediyorlardı. Bu meraktan yola çıkarak DNA'da daha çok çeşitlilik gösteren bölgeleri araştırmaya başladılar. Araştırma sonucunda, basit bir şekilde açıklanacak olursa, belirli bir baz dizisinin tekrar ettiği DNA bölgeleri olan VNTRLarı (Variable Tandem Repeats/Değişken Sayıda Ardışık Tekrarlar) bulmuşlardır. Genetik şifre içinde bulunan adenin, guanin, sitozin ve timin bazlarının sıralanışı insanların dış görünüşünü veya hastalık taşıyıp taşımadıkları gibi özellikleri belirlemektedir. VNTR'lar insan genomunun birçok yerinde görülmektedir. Jeffreys ve arkadaşları kaslarda oksijen taşıyan bir pigment olan miyogloblin için olan bir gende ilk VNTR'ı bulmuşlardır.

Jeffreys Eylül 1984'te laboratuvar asistanı ve onun ebeveynlerinden aldığı kan örneklerinin karşılaştırması sonucunda tekrarların uzunlukları arasında farklar ve benzerlikler görmesi üzerine bu DNA tekrarlarının akrabalık testleri, göçmenlik davaları ve adli olaylarda önemli bir yere sahip olacağını tahmin etmiştir.

1990ların sonlarından itibaren, VNTR'lara benzeyen ve yine Jeffreys'in keşfettiği DNA dizileri olan STR'lar kullanılmıştır. Daha kısa bir merkez dizisi içeren STR'lar degrade olmuş DNA örneğinde VNTR'lara göre daha az zarar görmesi analizler için tercih edilme sebepleri arasındadır (Castor-Perry, 2009). VNTR'lar allel belirlemede daha iyi olsalar da ürünlerin STR'lara göre büyük boyutta olması uygulama için kullanışlı değildir. STR'ların küçük boyutları multiplex PCR ile 9-16 veya daha fazla STR'ın bir tek DNA örneğinden aynı anda çoğaltılabilmesini sağlar (Kashyap ve ark.,2004).

#### **1.4.1. STR'ların Oluşumu ve Yapısı**

Tekrarlayan DNA olan, mini-, mikro- ve satellit DNAlar genomun büyük bir bölümünü oluşturmaktadır. Belirli bir fonksiyonu olmayan bu tekrarlar; mutasyon, eşit olmayan crossing over ve replikasyon ile meydana gelmektedir (Sweden Environmental Health Perspectives, 1997). Onların evrimi 2 parametredeki değişiklikler sonucu olduğu söylenebilir: kopya sayısı ve nükleotid dizisi. Her iki

parametrede ayrı ayrı veya birlikte meydana gelen deęişiklikler türe özgü satellit profillerinin oluşumuna yol açabilir (Ugarkovic ve Plohl, 2002). Ayrıca Roy Britten ve David Kohne 1960'ların ortalarında DNA'nın belli başlı bölgelerinin başka bölgelere göre daha çabuk birleşme gösterdiği ve sonuç olarak bunun tekrarlayan DNA için karakteristik olduğunu saptamışlardır (Klug ve ark., 2012, s:306). Rekombinasyonun az olduğu bölgelerde satellit DNA'nın yoğunlukta, çok olduğu bölgelerde ise ardışık tekrarların yoğunlukta olduğu gözlemlenmiştir. Önemli bir fonksiyonu olmayan farklı ardışık tekrarların insan DNA'sında bulunması çeşitli DNA turnover mekanizmalarının onları şekillendirmede önemli bir rol aldığına ve doğal seleksiyonun da az miktarda bir etki yarattığına işaret etmektedir. Tüm popülasyon genetiği modelleri ardışık tekrarların daha önceden var olduğunu varsaymaktadır. Bu modeller rastgele dizilerden düzenli yapıların oluşma sürecini ele almadıklarından dolayı tekrar uzunluklarının ve tekrarların heterojenliğinin rekombinasyon oranının düşmesiyle artmasının nedeni bilinmemektedir. Özellikle doğal seleksiyonun rolü hesaba katılmamıştır. Seleksiyon, modelde, dizi uzunluğunu kısıtlayıcı bir etken olarak görülmüştür. Uzunluğu belirli bir miktarı aşan diziler doğal seleksiyonla popülasyondan elimine edilmiştir (Stephan ve Cho, 1994).

STR'lar insan DNA'sının önemli bir kısmını oluşturmaktadır (Sweden Environmental Health Perspectives, 1997). Orijinleri tam olarak bilinmemekle birlikte yapılan çalışmalar STR'ların tekrar sayılarındaki deęişiklięin replikasyon sırasında DNA baz eşleşmelerinde meydana gelen kayma ile ilgili olduğu tahmin edilmektedir (Kuei-Chiu, 2012). Kısa ardışık tekrarların oluşumu DNA replikasyonu yani kopyalanması sırasında meydana gelmektedir (Sweden Environmental Health Perspectives, 1997). Akordeon benzeri olan STR'lar 2-6 baz çifti uzunluğunda tekrarlar içermektedirler (Butler, 2007; Ruitberg ve ark., 2001; Zhao ve ark., 2015). STR'ların uzunlukları genelde 100 baz çiftinden azdır. Genellikle tek mikrosatellit lokusunda birkaç tekrar bulunmaktadır (Stephan ve Cho, 1994).

## 1.4.2. STR Çeşitleri ve İsimlendirilmeleri

STRlar tekrar eden dizinin uzunluğuna göre farklı isimler almaktadırlar (Butler, 2005; Kalfaoğlu ve Yükseloğlu, 2002). Yan yana iki tane nükleotidin tekrar etmesiyle oluşan kısa ardışık tekrarlara dinükleotid tekrarlar denir. Aynı şekilde üç tane olanlar trinükleotid, dört tane olanlar tetranükleotid, beş olanlar pentanükleotid ve son olarak altı olanlar hekzanükleotid tekrarlar olarak adlandırılmaktadır (Butler, 2005). Adli olaylarda tetranükleotidler kullanılmaktadır, çünkü bu tekrarlar PCR ile kolaylıkla ve hatasız bir şekilde çoğaltılabilmektedir (Kalfaoğlu ve Yükseloğlu, 2002). STRlar ayrıca basit, bileşik ve kompleks tekrarlar olarak da üç grupta incelenmektedir. Basit tekrarlar aynı uzunlukta ve sekansta bölümler içermektedir. Bileşik tekrarlar, iki veya daha fazla basit tekrarın birleşiminden oluşur. Kompleks tekrarlar ise kesişmekte olan birçok tekrar bölümlerini kapsamaktadır (Butler, 2005). STR'lar bazı kaynaklarda şekillerine göre de gruplara ayrılmaktadır. Bunlar, bir tekrar ünitesinden oluşan basit STR'lar (FES/FPS), uyumsuz allel gösteren STR'lar (TH01, F13A1), iki veya daha fazla tekrar ünitesi içeren STR'lar (GABRB15), karmaşık ve değişken allelleri olan STR'lardır (VWA), kompleks tekrarlar (D21S11) ve ileri değişken tekrarlardır (SE33).

İnsanlarda 22 çift otozomal kromozom ile X ve Y cinsiyet kromozomları yer almaktadır. STR'lar ise bu kromozomları içeren genoma dağılmış halde bulunmaktadır (Goodwin ve ark., 2007, s:12-13; Jedrzejczyk, 2009). Kalıtım ve bir takım önemli popülasyon genetiği özellikleri açısından farklılık gösteren STRlar otozomal, X ve Y STR'lar şeklinde üçe ayrılmaktadır.

### 1.4.2.1. Otozomal STRlar

Otozomal DNA'da her birey biri anneden biri babadan olmak üzere iki allele sahiptir. (Tillmar, 2010, s:20). Otozomal DNA testleri 22 çift otozomal kromozomu kullanarak yapılmaktadır. Bu nedenle otozomal STRlarla yapılan testler hem kadın hem erkek bireylerde yapılabilir (Family Tree DNA, 2016; Securigene, 2016). Teknik olarak yapılan gelişmeler sonucunda aynı anda yüzlerce otozomal markera

bakılabilmektedir (Tillmar, 2010, s:20). Otozomal kromozomlarda bulunan STR'lar adli bilimlerde Y ve X kromozomlardaki STRlardan çok önce kullanılmaya başlanmıştır (Szibor, 2007). Otozomal STRlar, genel olarak akademik popülasyon genetiği çalışmalarında, adli olayları ve akrabalık ilişkileri incelemede kullanılmaktadır (Family Tree DNA, 2016; Jedrzejczyk, 2009). Aile ağacının kaydı ve korunması, adli örneklerin kime ait olduğunun tespit edilmesi, bir bireyin kimliklendirilmesi de otozomal STRların popüler kullanım alanlarındandır (Securigene, 2016). Otozomal STRlar kimliklendirme ve babalık testlerinde kullanılan temel markerlardan olmasına rağmen bazı özel durumlarda ek olarak insanın genomunda rekombinasyona uğramayan bölgelerde bulunan markerların kullanılması gereklidir (Bobilla ve ark., 2008).

#### **1.4.2.2. X STR'lar**

PCR teknolojisi geliştirilme aşamasında birçok STR tespit edilmiştir. Bunlardan bazıları X kromozomu üzerinde bulunmaktadır (Szibor, 2007). Kadın bireyler X kromozomundan iki kopyaya sahip iken, erkek bireyler sadece tek kopya bulundurmaktadır. Bunun sonucunda X kromozom markerları kadın bireylerde otozomal markerlar gibi görünürken, erkek bireylerde haploid marker olarak işlev görmektedir. Kadın bireyler bir X kromozomunu anneden diğerini babadan almaktadır. Erkek bireyler ise annelerinde bulunan iki X kromozomundan birini kalıtmaktadır (Tillmar, 2010, s:20-21). Bu nedenle X STRlar, annenin belli olup babanın kim olduğu belli olmayan davalarda baba profilinin oluşturulması için kullanılmaktadır (Barbaro ve ark., 2006). X-STR markerları, otozomal ve Y-STR ile yapılan analizleri, özellikle kompleks akrabalık ilişkilerinin test edilmesinde, destekleyip tamamlayabilir (Szibor ve ark., 2003).

Önemli rol oynayan ilk iki X STR, HPRTB ile ARA'dır. X STRların varlığı önceden belirlense de (HPRTB, ARA ve DXS981) uygulamada kullanılması geç olmuştur. X STRların mutasyon oranları diğer kromozomlarda bulunan STRlardan çok farklı değildir (Szibor, 2007).

### 1.4.2.3. Y STR'lar

Son yıllarda Y kromozomu polimorfizmlerine karşı olan ilgi insan, evrim genetiği ve adli alanda uygulamalardan dolayı artmıştır. Y kromozomu insanlarda bulunan küçük kromozomlar arasındadır. 60 milyon baz çiftinden oluşmaktadır (Gusmao ve ark., 1999). Y kromozomu normal koşullar altında sadece erkek bireylerde tek kopya halinde bulunmaktadır. Babadan oğula kalıtıldığından dolayı baba tarafı aynı Y kromozomuna sahiptir. Rekombinasyon bölgesi dışında sadece meydana gelen mutasyonlar Y kromozomunda değişikliklere yol açmaktadır. Bu nedenle Y kromozom varyasyonları genelde popülasyonlara özgüdür (Tillmar, 2010, s:21). İnsan genomu içerisinde birçok STR tespit edilmesine rağmen Y kromozomuna özgü az sayıda STR bulunmaktadır. Şimdiye kadar tespit edilen Y STR'lar arasında di-, tri-, tetra- ve pentanükleotid çeşitleri bulunmaktadır.

Y kromozomu erkeklere özgüdür, bu nedenle çok miktarda dişi DNAsı arasında bulunan az miktardaki erkek DNAsı gibi sıkıntılı adli biyolojik örneklerin olduğu vakalarda, ki bunlar genelde cinsel saldırı vakalarıdır, kullanılmaktadır (Budowle ve ark., 2007; Roewer, 2009). Erkek bireylerin şüpheli durumunda olduğu bu tarz adli vakalarda olay yerinde bulunan lekelerin analizinde Y-STR'lar kullanılmaktadır. Buna ek olarak babalık soyu hakkında olan sorular da Y-STR'lar tarafından açığa kavuşturulabilir (Budowle ve ark., 2007). Y kromozomu babalık soyu boyunca aynen aktarıldığı için aynı soyda bulunan erkek bireylerin Y kromozomu profilleri nadiren gerçekleşen mutasyonlar dışında aynıdır (26). Babalık davalarında eğer iddia edilen baba vefat etmiş ise onun babalık soyuna bakılarak Y kromozomu haplotip profili tamamen oluşturulabilir. Fakat bu oluşturulan profil aynı babalık soyundaki her birey için geçerli olduğundan onları da ihtimal dahilinde değerlendirmek gerekir (Gusmao ve Carracedo, 2003). Y-STR markerları; kısıtlı miktarda erkek birey DNAsının bulunduğu tecavüz vakalarında, az sperm içeren veya hiç sperm içermeyen smeni sıvısının bulunduğu vakalarda ve erkek bireyin bir kadına yönelik yaptığı saldırıda kadın bireyin tırnaklarından alınan örneklerde kullanışlıdır (Heinig, 2007). Y-STR'ların önemli rol oynamalarının nedeni erkek soylarını ayırt edebilmesi ve onların arasındaki ilişki hakkında bilgi vermesidir (Lim ve ark., 2007).

Y kromozomları üzerinde bulunan DNA polimorfizmleri kimliklendirmenin yanı sıra evrim ve göç çalışmaları için önemli bir araçtır (Kashyap ve ark., 2004). STR'lar ya üstünde oldukları kromozomdan ya da ilişkili oldukları gene bağlı olarak isim almaktadırlar. Örneğin; TPOX, insan tiroid peroksidaz geninde bulunmaktadır. Genlerle ilişkili olmayan STR'lar ise kromozomal pozisyonlarına göre isimlendirilmektedir. Örneğin; D3S1358, 3. kromozomda tek kopya şeklinde (yani sadece burda bulunmaktadır) ve 1358. lokusta yer almaktadır (Kuei-Chiu, 2012).

### **1.4.3. STR Analizi**

Uzunluklarında farklılık gösteren STR'larda analiz için en uygun yaklaşım; ilgili olan bölgeyi çoğaltıp, ürünün büyüklüğünü saptamaktır (Kashyap ve ark., 2004).

Analizlere başlamadan önce yapılması gereken kaç tane örnek ve hangi spesifik popülasyonun test edileceğine karar vermektir. Popülasyon çalışmalarında genel olarak, hastane veya kan bankasından alınan kan veya tükürük gibi biyolojik örnekler kullanılmaktadır (Butler, 2005, s:492).

Günümüzde STR polimorfizm analizleri genel olarak PCR ile gerçekleştirilmektedir. Belirli DNA parçalarının PCR ile çoğaltılabilmesi için örnekteki hücrelerden DNA çıkartılıp miktar tespiti yapılmaktadır (Melez, 2013, s:91).

STR polimorfizm analizlerinde 5 temel basamak bulunmaktadır.

#### **1.4.3.1. DNA'nın İzolasyonu (Ekstraksiyonu)**

Bu basamakta DNA içinde bulunduğu hücreden çıkarılmaktadır (Melez, 2013, s:91). DNA çıkartılmasının 3 aşaması vardır. İlk olarak hücre zarlarının parçalanması ile hücreler lizize uğrar (Goodwin ve ark., 2007, s:27-36; Melez, 2013, s:91). İkinci aşamada hücrelerde bulunan proteinler denatüre olur. Son olarak da DNA denatüre

olmuş proteinler ve başka hücre içi yapılardan ayrılır (Goodwin ve ark., 2007, s:27-36). Profil çıkartılabilecek miktarda saf DNA elde etmek için yapılmakta olan DNA izolasyonunun çok sayıda yöntemleri bulunmaktadır (Melez, 2013, s:91). Hangi yöntemin kullanılacağı örneğin tipine, miktarına, zamana ve otomasyonunun yapılp yapılamadığına göre seçilir. En yaygın 5 izolasyon yöntemi:

∇ Fenol-Kloroform (Organik) İzolasyonu

∇ Slika Bazlı (Non-Organik / Salting-Out) İzolasyon (Melez, 2013, s:92)

∇ Chelex İzolasyonu

∇ FTA İzolasyonu (Melez, 2013, s:93)

∇ Diferansiyel İzolasyon (Melez, 2013, s:95)

#### **1.4.3.2. DNA'nın Kantitasyonu**

DNA çıkarıldıktan sonra DNA miktarı ve kalitesi ölçülür (Goodwin ve ark., 2007, s:27-36). Çıkarılmış DNA'nın kalitesi ve miktarının yetersiz veya fazla olduğu hakkında bilgi sahibi olmak PCR aşamasında önemli bir yere sahiptir. DNA miktarı fazla ise dilüsyon, az ise konsantrasyon yapılmaktadır. STR kitlerinde genel olarak PCR başlatmak için önerilen DNA miktarı 1ng'dır. PCR sonrasında her lokustan yaklaşık olarak 333 tane kopya elde edilmektedir.

DNA örneğinin alındığı doku örneği elde edilen DNA miktarı ile ilgilidir. Örneğin aynı miktarda; kan ve tükürük örneklerinde, kanda bulunan çekirdekli hücreler yani DNA miktarı tükürüktekine göre farklı miktarda olmaktadır. DNA miktarının değişkenliği aynı zamanda çevre koşullarına da bağlıdır (Melez, 2013, s:97).

Kantitasyon, kullanılan yöntem çeşitliliğine bağlı olarak iki ayrı dönemde incelenilmektedir. İlk dönemde insan DNA'sına özel çalışmayan ultraviyole spektroskopi, floresan spektroskopi ve jel bazlı analizler kullanılmıştır. Fakat bu yöntemlerde bulunan restriksiyon enzimlerinin sadece insan DNA'sına özel olmaması ve önceden DNA miktarının belirlenmesinin gerekliliği dezavantaj olmuştur. İkinci dönemde kullanılan yöntemler ilk dönemdeki dezavantajları ortadan kaldırmayı hedeflemiştir. Bu dönemdeki yöntemler olan Slot blot analizi (hibridizasyon), AluQuant sistemi, real-time PCR ve Alu veya Tek Lokusla Multipleks PCR insan DNA'sına özel çalışan yöntemlerdir (Melez, 2013, s:98).

### **1.4.3.3. PCR**

Analiz aşamasında kullanılan cihazların DNA'yı görebilecek düzeye kadar çoğaltılması bu aşamada gerçekleşir (Goodwin ve ark., 2007, s:27-36). PCR istenilen DNA bölgesini çoğaltan bir yöntemdir (Goodwin ve ark., 2007, s:12-13).

Polimorfizm analiz edebilmenin temel yöntemi olan PCR günümüzde multipleks olarak yani aynı anda birden çok DNA bölgesinin çoğaltılması ile yapılmaktadır. Farklı DNA bölgeleri multipleks bir sistemde düzgün bir şekilde çalışabilmesi için primerlerin bağlanma sıcaklıklarının aynı ve birbirlerinin bağlanma yerlerine yapışmayı engellemek amacıyla komplementer yapılardan uzak olmaları gerekmektedir (Melez, 2013, s:107). STR analizinde farklı büyüklüklere sahip farklı lokuslar birbirinden ayırt edilebilirken, aynı büyüklüklere sahip farklı lokuslar farklı renkte floresan boyalarla boyanmalıdır. Beş farklı floresan boya ile 20 farklı STR bölgesi çalışılabilmektedir.

### **1.4.3.4. Elektroforez**

Bu basamakta multipleks olarak amplifiye olan DNA bölgelerinin ilerleme hızında ve görülen büyüklüklerindeki farklılıklara göre örneğin genetik profili tespit

edilmektedir (Dönbak, 2002; Melez, 2013, s:113). Bazı DNA bölgelerinin büyüklüklerinin birbirine yakın olması nedeniyle farklı renkte floresan boyalar kullanılmaktadır. Elektroforez ile bu şekilde büyüklük farkı ve floresan boyalar sayesinde birçok DNA bölgesi ayırt edilebilmektedir (Melez, 2013, s:113).

Çoğaltılan DNA'daki STR'ların allelleri birbirinden elektrik akımı altında elektrik yüklerindeki farklar ve ilerlemelerine göre ayrılmaktadır (Dönbak, 2002; Melez, 2013, s:113). Böylece alleller görünür hale gelir (Dönbak, 2002).

Elektroforezde kullanılan materyale göre çeşitleri bulunmaktadır. Bunlar kağıt, selüloz asetat ve jel elektroforezleridir. Jel elektroforezi de; agaroz jel, pulse-fiel jel, poliakrilamid jel ve kapiller elektroforezi olmak üzere çeşitlere ayrılmaktadır.

#### **1.4.3.5. Analiz**

Elektroforezde yürütülen DNA molekülleri verdikleri floresan yansıma ile, büyüklük ve boy verileri 'Data Collection Software'de toplanır. Pik tanımlanması, renklerin ayrımı ve pik boyutlandırması ise 'GeneScan Software' tarafından standart ile karşılaştırılır. 'Genotyper Software' allelleri numaralandırır (Günümüzde GeneScan Software ile Genotyper Software programları birleştirilip 'GeneMapper' oluşturulmuştur). Son olarak tüm veriler 'Expert System' tarafından değerlendirilir ve sonuçlar bir uzman tarafından incelenir (Melez, 2013, s:120).

Değerlendirme yapılırken örneklerin profili çıkarılır ve örnekler birbirleriyle karşılaştırılarak eşleşip eşleşmediklerine bakılır ve allel frekansları hesaplanır (Butler, 2007). Allel frekansları, her allelin kaç kere gözlemlendiğini sayarak bulunur. Belirli bir popülasyona ait olan örneklerin genotipleri ve allel frekansları hem popülasyon içi hem de popülasyonlar arası karşılaştırma yapılmasını sağlamaktadır (Butler, 2005, s:492). Yeterli miktarda bireyden alınan örneklerin STR analizleri ile bir popülasyon için ana allellerin frekansı tahmin edilebilir (Butler, 2005, s:492). Minimum allel frekansı, istatistiksel anlamda allelin başarılı bir şekilde örneklendiğini garantilemek

için kullanılmaktadır (Butler, 2005, s:492). İstatistiksel hesaplamalarda kullanılabilsin diye her allel en az 5 defa gözlemlenmelidir, bu da minimum allel frekansının  $5/2N$  olduğunu ortaya koymaktadır. Bölümde yer alan N örnek alınan birey sayısını gösterirken,  $2N$  ise her bireyde biri anneden diğeri babadan gelen 2 kromozom olmasından dolayı kromozom sayısını temsil etmektedir (Butler, 2005, s:492). Minimum allel frekansı kriteri göz önünde bulundurulursa 5-15 arası allel içermekte olan STRlar kullanılıyorsa 100-150 arası akraba ilişkisi olmayan bireylerden DNA örneği toplanmalıdır (Butler, 2005, s:492). Bireylerden örnekler, gözlemlenecek olan lokuslar hakkında herhangi bir genotip bilgisi olmadan rastgele bir şekilde toplanmalıdır (Butler, 2005, s:492). STR analizlerinde birden fazla lokus aynı anda gözlemlendiğinde allellerin ayrı ayrı incelenmesine dikkat edilmelidir (Kuei-Chiu, 2012).

#### **1.4.4. STR kitlerinin gelişimi ve kullanılan kitler**

İnsan DNA'sında birçok STR bölgesi olmasına rağmen adli olaylarda kimliklendirme amacıyla kullanılan belirli STR'lar vardır. Kriminal laboratuvarlar, üniversiteler ve özel laboratuvarlar farklı kimliklendirme testleri kullanarak çeşitli STR profilleri oluşturmuşlardır. Kimliklendirme amaçlı kullanılan STR bölgeleri ve sayıları kitlere göre değişiklik göstermektedir. Son zamanlarda belirli STR bölgeleri Amerika'da kullanılan CODIS (Combined DNA Index System-Kombine DNA İndeks Sistemi) çekirdek lokuslarına eklenerek bir takım STR kitleri oluşturulmuştur (Rüstemoğlu, 2014). Kriminal laboratuvarlarda AmpFl STR IdentifilerPlus Kit ve AmpFl STR Yfiler Kit isimli kitler kullanılmaktadır (Kriminal Polis Laboratuvarları, 2012). AmpFlSTR IdentifilerPlus kiti 16 tane STR lokusu ve cinsiyeti belirleyen Amelogenin markerını içermektedir (Life Technologies, 2012). AmpFl STR Yfiler kiti ise 17 Y STR lokusunu içermektedir (Life Technologies, 2015).

Yapılan popülasyon genetiği çalışmalarında ise genel olarak AmpFlSTR Identifiler, AmpFlSTR Identifiler, PowerPlex 16, Mentype Argus X-8, Investigator Argus X-12, AmpFlSTR Yfiler ile PowerPlex Y gibi kitler kullanılmaktadır.

### 1.4.5. STR'ların Önemi

Popülasyon genetiği çalışmalarında, DNA markerlarının örnekler arasında güçlü ayırım gücüne sahip olabilmesi için yüksek derecede çeşitlilik içermesi gerekmektedir. İnsan genomu birçok DNA tekrardan oluşmaktadır ve farklı boyutlara sahiptirler. Bireyler arasında STRların çok farklılık göstermesi onların popülasyon genetiği çalışmalarında veya adli amaçlı kimliklendirmede kullanılmasında önemli bir faktördür. Ayrıca STRlar PCR tarafından kolayca çoğaltılabildiğinden ve STRların genelde benzer miktarda olmaları onları analizlerde kullanmada popüler marker yapan özelliklerdir. Adli olaylarda analiz edilecek örnekler degrade veya karışık olmasından dolayı STRların küçük boyutlara sahip olması ve PCR ile iyi bir şekilde amplifiye olması bu tekrarların popülasyon genetiği çalışmalarının yanı sıra kimliklendirmede de önemli olmasında rol oynamaktadır. STRlarla yapılan analiz sonuçlarına olan güven de küçük boyutlara sahip olmalarından dolayı başka kromozomal lokasyonların seçilmemesi ve STRların mutasyon oranlarının düşük olması nedeniyle yüksektir (University of Arizona, 2000).

STR analizleri ulusal DNA veritabanlarında kullanılmaktadır. Bundan dolayı birkaç lokusu birden inceleyebilmek için multiplex reaksiyonlar geliştirilmiştir (Gill, 2002).

### 1.4.6. STRların Kullanıldıkları Alanlar

STRlar insan genomunda yaygın olarak bulunması ve bireyler arasında yüksek derecede polimorfizm göstermesi nedeniyle kimliklendirme ve genetik haritalamayı içeren birçok alanda kullanılmaktadır. (Kalfaoğlu ve Yükseloğlu, 2002).

İnsanları biyolojik olarak birbirinden ayıran farklılıkların hepsi DNA'da bulunmaktadır. Kriminal laboratuvarlar bu farklılıkları kullanarak olayları aydınlatmaya çalışmaktadır. Kişilerin kimliklendirilebilmesi için DNA'da bulunan ve bireyler arası farklılık gösteren tekrar üniteleri kullanılmaktadır. İlk yıllarda VNTRLar

(Değişken sayıda ardışık tekrarlar), RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism/Sınırlandırılmış parçacık uzunluk polimorfizmi) tekniğiyle incelenmiştir. Kriminal laboratuvarlarda bu yöntem 15 yıl boyunca her alanda zamanla geliştirilerek kullanılmıştır. RFLP tekniğinin zamanla yetersiz gelmesi nedeniyle sonraki yıllarda geliştirilen PCR teknolojisi kullanılmaya başlanmıştır. DNA parçacıkları olarak da VNTRLar yerine DNA'nın kodlamayan bölgelerinde bulunan STRlar tercih edilmiştir (Kalfaoğlu ve Yükseloğlu, 2002). STR'ların kriminal laboratuvarlarda tercih edilmesinin sebepleri arasında, kısa tekrarlar olmalarından dolayı az miktarda DNA veya degrade olmuş DNA'da bulunabilmeleridir. Ayrıca karışık örnekler de STR analizleriyle çözümlenebilmektedir (Ruitberg ve ark., 2001).

#### **1.4.7. Adli Uygulamalarda STR Kullanımının Önemi**

Kimliklendirme yapmak amacıyla kullanılan DNA markerlarının yüksek derecede ayırt edicilik göstermeleri gerekmektedir. Adli olaylarda bulunan DNA örneklerinin degrade veya karışık olması nedeniyle PCR'dan sonuç alabilmek genelde zordur. Fakat STR'ların uzunluklarının kısa olması adli uygulamalarda kullanımları için onları iyi bir aday yapmaktadır. Ayrıca STR'ların kısa olma özellikleri onlara yakın olan başka kromozomal lokasyonlardan ayırmak adına kolaylık sağlamaktadır. Düşük mutasyon oranlarına sahip olan STR'lar elde edilen veriyi daha sabit ve tahmin edilebilir yapmaktadır. Tüm bu karakteristiklerden dolayı yüksek ayırt ediciliğe sahip olan STRlar adli uygulamalarda kullanılmaktadır (Forensic DNA Center, 2017).

FBI, adli olaylarda suçluların DNA teknolojisi ile kimliklendirilmesinin öncülerinden biridir. FBI, 1997'de, Amerika Birleşik Devleti'nde kimliklendirme için kullanılacak 13 STR'ı esas lokuslar olarak ilan etmiştir. Tüm CODIS STR'ları tetramerik tekrarlardır. CODIS adli bilimlerle bilgisayar teknolojisini harmanlayarak adli olayların çözülmesinde etkili olmaktadır. (Kashyap ve ark., 2004)

İçerdiği lokus bilgiler sayesinde adli olaylarda suçluların DNA profilleriyle elektronik ortamda karşılaştırma yapıp eşleşmesini sağlamaktadır. CODIS ayrıca kayıp ve kimliği belirsiz şahısların kimliklendirilmesinde yardımcı olmaktadır.

CODIS, FBI tarafından geliştirilen DNA profillerinden oluşmakta olan bir veritabanıdır. Bu DNA veritabanı aşağıda verilen DNA kategorilerini içermektedir:

- ∇ Mahkum edilmiş suçlular (Suç işlemiş bireylerin DNA kimliklendirme kayıtları)
- ∇ Adli (Olay yerlerinden toplanmış DNA örneklerinin analizleri)
- ∇ Kimliği belirsiz insan kalıntıları (kimliği belirsiz insan kalıntılarında alınan DNA örneklerinin analizleri)
- ∇ Kayıp kişilerin akrabaları (Kayıp kişilerin akrabaları tarafından gönüllü olarak verilen DNA örneklerinin analizleri)

2015 yılının başlarında, FBI Ocak 1 2017 tarihinden itibaren geçerli olacak 7 adet lokusun geçerliliğinin onaylandığını ilan etmişti. 2017 yılından itibaren 13 lokusa; D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433 ve D22S1045 eklenerek CODIS 20 lokus olmuştur. Aşağıda 20 CODIS Lokusların listesi verilmiştir (FBI, 2017).

- ∇ CSF1PO
- ∇ D3S1358
- ∇ D5S818
- ∇ D7S820
- ∇ D8S1179
- ∇ D13S317

- ∇ D16S539
- ∇ D18S51
- ∇ D21S11
- ∇ FGA
- ∇ TH01
- ∇ TPOX
- ∇ vWA
- ∇ D1S1656 (Ocak 1, 2017'den itibaren geçerli)
- ∇ D2S441 (Ocak 1, 2017'den itibaren geçerli)
- ∇ D2S1338 (Ocak 1, 2017'den itibaren geçerli)
- ∇ D10S1248 (Ocak 1, 2017'den itibaren geçerli)
- ∇ D12S391 (Ocak 1, 2017'den itibaren geçerli)
- ∇ D19S433 (Ocak 1, 2017'den itibaren geçerli)
- ∇ D22S1045 (Ocak 1, 2017'den itibaren geçerli)

### **1.5. Popülasyon ve İnsan Popülasyonu Kavramları**

Popülasyon; aynı zaman içerisinde aynı alanda yaşayan, doğal yollarla kendi aralarında eşleşebilen ve üreyebilen yavrular oluşturabilen yani aynı türe ait bireylerden oluşan topluluktur (Campbell ve ark., 2001, s:1174; Illinois, 2006; Johns, 2010; Kara ve Yükseloğlu, 2015; Klug ve ark., 2012, s:698). Popülasyon doğum, ölüm ve göç gibi faktörlere bağlı olarak büyüyüp gelişen veya küçülen, değişmekte olan

çevre koşullarına uyum sağlamaya çalışan dinamik bir birimdir (Klug ve ark., 2012, s:700).

İnsan popülasyonları da belirli bir ülke, il, köy veya herhangi bir coğrafi bölgede oturanların oluşturduğu topluluktur (Klug ve ark., 2012, s:298). Adli genetik açısından bir insan popülasyonu aynı kökene sahip olan bireyler topluluğu şeklinde tanımlanabilir ve bir ülke içerisinde bulunan bireylerden dil, din ve kültür açısından farklılık gösterebilecek birçok alt grup oluşturulabilir (Goodwin ve ark., 2007, s:75).

## **1.6. Popülasyon Genetiği**

Bir popülasyonun içinde bulunan genlerin değişimi ile ilgilenen bilim dalına popülasyon genetiği denir (Mater, 2010). Popülasyon genetiği biyolojik popülasyonların kompozisyonunu, doğal seleksiyonu da içinde bulunduran çeşitli etkenlerden dolayı genetik kompozisyonda meydana gelen değişiklikleri inceleyen biyolojinin bir dalıdır. Popülasyon genetikçileri gen frekanslarından matematiksel modeller geliştirerek bu modellerden gerçek popülasyonlardaki ihtimal dahilinde olabilecek genetik varyasyonlar hakkında sonuçlar elde edip bu sonuçları gözleme dayalı bilgilerle karşılaştırır. Popülasyon genetiği evrim ve doğal seleksiyon ile iç içedir. Doğal seleksiyon bir popülasyonun genetik kompozisyonunu etkileyen en önemli faktörlerden biridir. Popülasyon genetikçileri gen frekanslarının değişimini inceleyerek evrimsel süreç hakkında daha fazla bilgi sahibi olmayı hedeflerler. Popülasyon genetiği alanı 1920 ve 1930'ların başlarında R.A. Fisher, J.B.S. Haldane ve Sewall Wright'ın çalışmaları ile ortaya çıkmıştır. Onlar Mendel genetiği ile Darwin'in doğal seleksiyonu konularını birleştirmişlerdir. Mendel genetiği ve Darwinizmin uyumu şimdi hafife alınsa da 20. Yüzyılın ilk yıllarında tartışılan bir konuydu. Mendel kalıtımının kurallarına uyan bir popülasyonun seleksiyona uğraması ile ortaya çıkan sonuçları matematiksel olarak çözen Fisher, Haldane ve Wright Darwinizm ve Mendelizmin birbiriyle çok uyumlu olduğunu ortaya koymuştur. Uyumluluğun kanıtlanması neo-Darwin sentezinin oluşumunda önemli rol oynamıştır ve aynı zamanda popülasyon genetiğinin evrim teorisinde çok önemli bir yere sahip

olmasının nedenidir. Darwin'in 1859'da yayınlanan "Türlerin Kökeni" (Origin of Species) iki temel konuyu ele almaktadır. Bu konuların ilki günümüzdeki türlerin ortak atalardan geldikleri, ikincisi ise evrimsel değişimin en büyük nedeni doğal seleksiyon olmasıdır. İlk konu o zamanlar topluluk tarafından kabul edilirken doğal seleksiyonun evrimsel süreçte bu kadar önemli bir rol almasına pek inanılmadı. Darwin'in teorisinde eksik kalan kısım ise kalıtımın nasıl olduğuydu. "Türlerin Kökeninde yavru bireylerin ebeveynlerine benzer özellikler taşıdığını yazmıştır fakat bunun neden olduğunu bilmediğini itiraf etmiştir.

Bir popülasyonun doğal seleksiyon ile değişebilmesi veya evrimleşebilmesi için bu popülasyonu oluşturan bireyler birbirinden farklı özelliklere sahip olmalıdır. Fleeming Jenkin ise bir popülasyonun bireyleri arasında sürekli bir çeşitlilik olmasının mümkün olamayacağını, belirli bir süre sonra farklılıkların ortadan kalkacağını ve doğal seleksiyonun mümkün olamayacağını savunarak Darwin'in görüşüne karşı çıkmıştır. Jenkin yavru bireylerin ebeveynlerin bir karışımı olduğunu ve bir popülasyondaki bireylerin bu şekilde fenotipik olarak aynı olmasının doğal seleksiyondan daha hızlı sonuç göstereceğini savunmuştur.

Mendel kalıtımı olarak adlandırılan 'parçacık' veya 'partikül' olarak isimlendirilen kalıtımda; yavru bireyler ebeveynlerden belirli parçacıklar yani genler alırlar. Bu da popülasyonda olan çeşitliliğin üreme sonucunda eksilmediğini göstermektedir.

Mendel'in çalışmalarının kırk yıl kadar bilimsel topluluk tarafından dikkate alınmaması ve daha sonra alınsa bile Mendel kalıtımı ile Darwin'in evrim teorilerinin birbiriyle uyumlu olmadığını düşünülmesi konunun tam olarak anlaşılmasını geciktirmiştir.

Mendel bezelyelerle yaptığı çalışmalarda her bitkinin bir tane fenotipik özelliğini belirleyen bir çift "faktör"e sahip olduğunu tespit etmiştir. Mendel'in teorisinde kalıtım parçacıklarının yani genlerin farklı tiplerde olduğu (dominantlık ve resesiflik) ve ayrışma (dağılma) kuralı temeli oluşturmaktadır. Mendel'in "faktör"leri

modern popülasyon genetiğinin genleridir ve “faktör”lerin değişik formlarına allel denir (Okasha, 2006).

Evrin biyolojisinin de bir alt disiplini olarak görülen popülasyon genetiği, bir popülasyondaki farklı genetik lokusların allel ve genotip frekanslarına etki eden faktörleri araştıran bir alan olarak da tanımlanabilir (Goodwin ve ark., 2007, s:75; Kara ve Yükseloğlu, 2015). Hem aynı popülasyona ait bireyler arasındaki hem de farklı popülasyonlara ait bireyler arasındaki genetik çeşitliliği anlamayı hedefleyen popülasyon genetiği, popülasyona ait tüm bireylerin taşıdığı genetik bilginin tümünde yani gen havuzundaki birçok farklı geni aynı anda inceler (Klug ve ark., 2012, s:700; Johns, 2010). Popülasyon genetiği toplulukların genetik yapısını ve bu yapının zaman içerisinde nasıl değiştiğini inceleyerek bireyler arasındaki benzerlik ve farklılıkların nedenlerini belirleyip bunların ileriki kuşağa geçişi hakkında bilgilere ulaşılmasını sağlayabilir (Özdağ, 2007). Bir popülasyondaki veya farklı popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliği ortaya çıkarmanın farklı yöntemleri vardır. Fakat bu yöntemlerden en dolaysız (direkt) yolu popülasyondaki bireylerin taşıdığı nükleotid sekanslarını karşılaştırmaktır (Klug ve ark., 2012, s:698). İnsan diploid bir canlı olduğu için belirli bir sayı birey içermekte olan bir insan popülasyonu, gen havuzunda birey sayısının iki katı kadar gamet içerir. Popülasyondaki genetik çeşitliliğin sayısal ifadesi olan allel frekansı da belirli bir alleli taşıyan gametlerin gen havuzundaki tüm gametlere oranıdır (Kara ve Yükseloğlu, 2015). Antropolojik olarak tanımlanmış popülasyonlardaki genetik çeşitlilik hakkındaki bilgiler aynı zamanda adli olayların aydınlatılmasında rol oynamaktadır (Chakraborty ve Ranjan, 2009).

### **1.6.1. Popülasyon Genetiğinin İçerdiği Konular**

Bir popülasyondaki bireylerde tek bir genetik lokus incelendiğinde, bu lokustaki allel dağılımlarının farklı genotipli bireyler oluşturduğu görülür. Bu allel ve genotip frekanslarının hesaplanması ve bunların bir sonraki nesle aktarılırken nasıl değiştiği popülasyon genetiğinin konusu kapsamındadır (Klug ve ark., 2012, s:700). Popülasyon genetiği amaçları arasında popülasyonların ortak ataya sahip olup

olmadıkları ve genetik olarak popülasyonların veya popülasyonu oluşturan bireylerin çeşitlenmesinin nedenlerini araştırmayı bulundurmaktadır (Kara ve Yükseloğlu, 2015).

#### **1.6.1.1. Evrimsel Güçler**

Popülasyon genetiği disiplini popülasyon içi ve popülasyonlar arasındaki allel varyasyonlarını doğada bulunan genetik varyasyon modellerini şekillendiren evrimsel güçler olan doğal seçilim, genetik sürüklenme, mutasyon, göç ve rastgele olmayan çiftleşmeyi inceler (Özdağ, 2007). Bu evrimsel güçler popülasyon genetiğinin esas konuları arasındadır.

Popülasyonları değiştiren güçlerin arasında en kuvvetli olanlardan biri doğal seleksiyon; bir popülasyondaki bazı bireylerin sahip oldukları belirli fenotiplerden dolayı diğer bireylerden hayatta kalma konusunda daha başarılı olmaları durumunda meydana gelen elemeler ve bu güç allel frekansındaki değişimlere neden olan ana etkenlerdendir. Doğal seleksiyon, bireyler belirli bir genotip ile hayatta kalma ve üreme konusunda başka genotiplerden daha üstün olduğu durumlarda gerçekleşir. Doğal seleksiyonun sonucunda popülasyonlar ve türler değişim gösterir. Hayatta kalmaya katkı sağlayan fenotipler artar, katkı sağlamayanlar ise azalır ve sonunda kaybolur (Klug ve ark., 2012, s:706-714). Evrimsel güçlerden bir diğeri olan mutasyon, rastgele bir şekilde yeni allellerin oluşumunu sağlamaktadır (Klug ve ark., 2012, s:706-714). Göç, bireyler popülasyonlar arasında yer değiştirdiğinde, yani bir popülasyondan birey çıkışı veya bir popülasyona birey girişi olmasıdır (Klug ve ark., 2012, s:706-714; Özdağ, 2007). Allel frekanslarındaki değişimlerin; küçük, kökeninde az sayıda birey bulunan veya geçici olarak sayısında etkili bir azalma meydana gelen popülasyonlarda artması olayına genetik sürüklenme denir. Popülasyonda genotip frekanslarını değiştirebilen fakat allel frekansını değiştirmeyen beşinci güç ise bir genotipin başka genotiplerle eşleşmesinin eşit olasılığa sahip olmasını sağlayan rastgele olmayan çiftleşmedir (Klug ve ark., 2012, s:706-714).

### 1.6.1.2. Hardy-Weinberg Eşitliği

“İdeal” bir popülasyonda (büyük, rastgele eşleşme ve mutasyon, göç veya seçilim gibi evrimsel güçlerden muaf olan popülasyonda) gen havuzundaki allellerin göreceli oranları ve farklı genotiplerin frekansları arasındaki ilişki, 1900ların başında birbirinden bağımsız olarak Britanyalı matematikçi Godfrey H. Hardy ve Alman Fizikçi Wilhelm Weinberg tarafından geliştirilen basit bir matematiksel model ile açıklanmış ve böylelikle popülasyonların evrimi hakkında önemli veriler elde edilmiştir (Gillespie, 1998; Goodwin, 2007, s:b; Kara ve Yükseloğlu, 2015, s:d; Klug ve ark., 2012, s:700). Popülasyon genetiğinin deneysel ve teorik olmak üzere iki yönü vardır. Deneysel yönü gözleme dayalı olarak popülasyondaki bireylerin farklılıklarını ortaya çıkarmakla ilgilenirken, teorik yönü ise popülasyondaki genetik varyasyonların zaman içinde hangi nedenlerden dolayı değişip değişmediğini veya yok olduğunu araştırmaktadır (Kara ve Yükseloğlu, 2015). Popülasyon genetiğinin teorik kısmının ilk önemli buluşu olan Hardy-Weinberg kuralı, ideal bir popülasyondaki genotip ve allel frekansları arasındaki ilişkinin bir eşitlikte gösterimidir (Gillespie, 1998). Yalnızca iki allelin bulunduğu bir gen bölgesindeki bir allelin frekansı p, diğeri de q harfi ile gösterilmektedir. Popülasyon genetikçileri Hardy-Weinberg eşitliği olarak da bilinen  $p^2+2pq+q^2=1$  formülünü bir allel frekansının bilindiği fakat diğeri bilinmediği durumlarda kullanırlar (Campbell ve ark., 2001, s:472-473).

Popülasyon genetiğinde allel çeşitliliği ele alınan konular arasındadır. Aynı lokusta bulunan alleller orijin, içerik ve atasal olmak üzere 3 farklı yolla birbirinden farklı olabilir. Orijin olarak farklılık, alleller aynı lokustan ancak farklı kromozomlar üzerinde demektir. İçerik olarak farklı olan iki allel duruma bağlı olarak değişir. DNA dizilimi, amino asit dizilimi, fenotip gibi özellikler açısından bakıldığında farklı olup olmadığına bakılmaktadır. İki allelin atasal olarak farklı olması, ortak bir ataya sahip olmadıkları anlamına gelmektedir. Bir popülasyonun genetik yapısı tanımlanırken ilgili allel ve genotip frekansları kullanılmaktadır (Gillespie, 1998).

Popülasyon genetiği son otuz yılda meydana gelen önemli gelişmeler ile biyoloji üzerindeki etkisini arttırmıştır. Bunlardan en önemlileri: PCR, mikrosatellit

lokusları, laboratuvarlarda yapılan rutin DNA sekanslamalarıdır. Popülasyon genetiği üreme, göç, popülasyon büyüklüğü, doğal seleksiyon ve tarihsel olayların arasındaki ilişkiyi ve genetik çeşitliliği araştırmaktadır. Genetik çeşitliliği ölçerek ve popülasyon genetiği modellerini kullanarak organizmaların biyolojisi hakkında çıkarımlar elde edilebilmektedir. Bu nedenle uygun sinyallere ve değişim oranlarına sahip olan genetik markerlar ile neredeyse her popülasyon ve evrimsel süreç hakkında bilgi toplanabilmektedir (Sunnucks, 2000).

### 1.6.1.3. Popülasyon Genetiği Çalışmalarında Bulunan Değerler

Genellikle popülasyon genetiği çalışmalarında oluşturulan tablolarda kullanılan STR markerlarının kullanılabilirliğini belirten değerler bulunmaktadır. Bu değerler ayırt etme gücü (PD/Power of discrimination), dışlama gücü (PE/Power of Exclusion), gen çeşitliliği (GD/Gene diversity), haplotip çeşitliliği (HD/Haplotype diversity) ve markerların heterozigotluğu' (H/Heterozygosity) dur.

- ∇ Heterozigotluk (H): Heterozigot bireylerin popülasyondaki oranıdır. Heterozigot allel içeren örneklerin sayısının tüm örnek sayısına bölünmesiyle hesaplanmaktadır. Yüksek heterozigotluk allel çeşitliliğinin fazla olduğuna ve böylece daha az rastgele örnek eşleşmesi olmasına işaret etmektedir.
- ∇ Ayırım gücü (PD): Ayırt etme olasılığı olarak da bilinmektedir. İlk kez Fisher tarafından 1951 yılında tanımlanmıştır (Butler, 2005, s:489-490). PD, akrabalık ilişkisi olmayan iki bireyi ayırt etme olasılığı olarak tanımlanmaktadır (Tillmar, 2010, s:24). Genotip frekanslarının karesinin 1'den çıkarılması sonucunda elde edilen değerdir (Butler, 2005, s:489-490).
- ∇ Dışlama gücü (PE): Dışlama olasılığı olarak da bilinmektedir. İlk kez Fisher tarafından 1951 yılında tanımlanmıştır.  $PE=H^2(1-(1-H)H^2)$  şeklinde hesaplanmaktadır.

- ∇ Gen çeşitliliği (GD): Genelde beklenen heterozigotluk olarak da bilinen bu değer, popülasyondan rastgele seçilen iki allelin farklı olması olasılığını belirtir (Butler, 2005, s:489-490).

## **1.7. Popülasyon Genetiği Çalışmaları ve Kullanılan Genetik Markerlar**

Genetik markerlar; genetik haritalama, kimliklendirme, epidemiyoloji, gıda güvenliği, insan popülasyon tarihi, evcilleştirilmiş hayvan ve bitkilerin geliştirilmesi, evcilleşmenin tarihi, DNA polimorfizminin ekolojik indikatörleri, evrim genetiği, türler arasındaki evrimsel ilişkiler ve popülasyon genetiği çalışmaları konularında kullanılabilir (Hartl ve Ruvolo, 2001).

Genetik markerların belirleyici ve ayırt edici özellikleri; çeşitlilik, maliyet, zaman, gerekli olan uzmanlık ve teknoloji, tekrarlanabilirlik ve markerların en iyi şekilde hizmet edebildiği alanlar şeklinde sıralanabilir. Çeşitlilik özelliği ile kastedilen kullanılan genetik markerın tespit edebildiği çeşitlilik düzeyidir yani lokus sayısıdır. Maliyet ve zaman, markerın kullanıldığı analizlerde bilgi toplamadan sonuçlara kadar harcanan para ve zamandır. Aynı şekilde örnek toplamadan analizin sonucuna kadar her aşamayı yürütebilmek için belirli bir düzeyde uzmanlık ve teknolojiye ihtiyaç duyulmaktadır. Markerlar tekrar tekrar aynı veya farklı laboratuvarlarda kullanıldığında sonuçların aynı çıkıp çıkmaması da önemli bir özelliktir. Markerlar genel olarak çeşitlerine göre farklı farklı çalışmalarda kullanılabilirlik açısından çeşitlilik gösterir. Genetik marker seçiminde bu özellik de göz önünde bulundurulmalıdır (National Forest Genetics Laboratory, 2006).

### **1.7.1. Popülasyon Genetiği Çalışmalarında Kullanılan Genetik Markerların Sahip Olması Gereken Özellikler**

- 1) PCR'da kullanılabilir olması
- 2) Karşılaştırılabilirlik

3) DNA olması (Proteine göre daha çok tercih edilir)

4) Gen soyağacı ve frekans hakkında bilgi vermesi

5) Birçok ayrı lokus incelenmesi

6) Hızlı gelişme ve inceleme

7) Tek lokus ile multilokus marker karşılaştırması (multilokus markerlar teknik olarak daha uygundur fakat hassas değildir ve başka çalışmalarla karşılaştırma yapılacak bilgi sınırlıdır. Tek lokuslar ise, hassastır ve başka çalışmalarla karşılaştırma yapıp global olarak katkı sağlarlar (Sunnucks, 2000).

Popülasyon genetiği çalışmalarında öncelikle uygun genetik marker seçimi yapılmalıdır. Bu seçimde dikkat edilecek unsurlar aşağıda verilmektedir.

**Hassaslık:** Marker çalışma için gerekli olan hassaslığa sahip olmalıdır. Çok fazla veya çok az bilgiye sahip olması imkan dahilindedir. Şimdiye kadar yapılan çalışmalar hangi genetik markerların bilgilendirici olduğunu az çok ortaya çıkarmaktadır.

**Multilokus ya da tek lokus olma:** Genellikle markerların pratik olması ile duyarlı olması arasında karar verilmesi gerekmektedir. Multilokus markerlar teknik olarak uygundur fakat belirli sınırlandırmaları ve zayıflıkları vardır. Temel sınırlandırmalardan biri dominant kalıttır. Kodominant kalıtımda DNA parçacıkları ya vardır ya yoktur, kodominant kalıtımda ise lokusta bulunan iki allel de saptanıp analiz edilebilmektedir. Multilokus markerlar ile yapılan çalışmalarda aynı çalışma içinde yer alan kompleks diziler çift şekilde karşılaştırma yapılarak anlamlı bir şekilde analiz edilebilmektedir. Bundan dolayı bu çalışmalardan elde edilen bilgi ancak yüzeysel bir şekilde başka çalışmalarla karşılaştırılabilmektedir. Allel frekansları nadiren bulunduğu için güçlü analizler yapılamamaktadır. Tek lokus markerlar ise allel frekansları ve gen soyağacı ile analiz edildiği için daha esnek, bilgilendirici ve bağlantılıdır.

**Gen soyağacı ve frekansları sunması:** Gen soyağacını sunan markerların sunmayan markerlara göre çok büyük avantajları bulunmaktadır.

**Mitokondriyel DNA ya da nükleer DNA olması:** Hücreler iki ebeveynden kalıtılan nükleer DNA'nın yanı sıra mitokondri organelinde de tek ebeveynden kalıtılan DNA içermektedir. Kalıtımdaki bu farktan dolayı mitokondriyel ve nükleer DNA'nın popülasyon biyolojisi ve tarihinin soyağaçlarını farklı yönlerde göstermelerine neden olmaktadır.

**Hızlı gelişim ve görüntüleme:** Daha önce yapılmış çalışmalarda kullanılan markerların başka çalışmalara aktarılabilmesi ve hızlı görüntüleme olasılığı yeni araştırmalara yarar sağlamaktadır (Sunnucks, 2000).

Popülasyon genetiği çalışmalarında DNA bazlı genetik markerlar kullanılmaktadır (Bentayebi ve ark., 2014). DNA'nın, çekirdekte ve mitokondride bulunmasından dolayı incelemelerde nükleer DNA ve mitokondriyal DNA kullanılmaktadır. Nükleer DNA'nın ayırım gücü mitokondriyal DNA'ya göre daha yüksek olduğundan da, incelemelerde çekirdekte bulunan DNA daha çok çalışılmaktadır (Melez, 2013, s:76). Mitokondriyal DNA (mtDNA) insanlarda halkasal halde bulunan DNA molekülüdür. Histon proteinlerince paketlenmediğinden dolayı tamir etme mekanizması zayıftır bu nedenle de mutasyon oranı yüksektir. Mitokondriyal DNA'nın en temel özelliklerinden biri de sadece anneden yavrulara geçiyor olmasıdır (maternal olarak kalıtılmasıdır) (Qiu-Hong ve ark., 2004). Marker olarak mtDNA kullanıldığında dezavantajlar arasında ilk sırada yer alan, sadece tek bir lokusu temsil ediyor olmasıdır. mtDNA'nın etkili popülasyon boyutu nükleer otozomal dizilimlerinkinin %25'i kadar olması ise mtDNA markerlarının ikinci bir dezavantajıdır. Bu dezavantajların sonucu olarak genetik çeşitlilik mtDNA markerları tarafından düşük tahmin edilmektedir (De-Xing ve Godfrey, 2003). İnsan genomu birçok sayıda tekrar edilmiş DNA sekansları içermektedir ve bu bölgeler genelde kromozomların sentromeri çevreleyen kısımda bulunup satelit DNA olarak adlandırılır (Butler, 2005). Nükleer DNA markerları mikrosatellitler olarak da bilinen STR'leri (short tandem repeats-kısa ardışık tekrarlar) ve minisatellitler olarak bilinen VNTR'leri

(variable number tandem repeats-değişken sayıda ardışık tekrarlar) içermektedir (Butler, 2005; Goodwin ve ark., 2007, s:12-13). VNTRların ve STRların genel yapıları aynıdır fakat uzunluk olarak farklılık gösterirler (Goodwin ve ark., 2007, s:12-13). İnsanların DNAsının profilini çıkarmada ilk VNTR'lar kullanılmıştır (Goodwin ve ark., 2007, s:12-13). Fakat analizin yapılabilmesi için fazla miktarda DNaya ihtiyaç duyulmasından ve profillerin zor okunmasından dolayı yerlerini STRlara bırakmışlardır (Goodwin ve ark., 2007, s:12-13). Mikrosatelit olarak da adlandırılan STR (short tandem repeats) yani kısa ardışık tekrarların veya başka bir isimle SSR (Simple Sequence Repeats) yani basit dizi tekrarlarının varyasyonları tüm insan genomu içerisinde dağılmaktadır ve aktif olarak adli laboratuvarlarda kimliklendirmede ve bireyler arası ilişkilerde kullanılmaktadır (Butler, 2007; Malyarchuk ve ark., 2007). STRlar, insan popülasyon genetiği çalışmalarında geniş çapta kullanılan güçlü genetik markerlar olarak bilinmektedirler (Butler, 2007; Zhao ve ark., 2015). İnsan genomu binlerce STR markerına sahip olmasına rağmen, sadece bir bölümü adli DNA ve insan kimliklendirme testlerinde kullanılmak için seçilmiştir (Butler, 2007).

## **1.7.2. Popülasyon Genetiği Çalışmalarında İncelenen STR Lokusları**

### **1.7.2.1. AmpFISTR İdentifiler kitinde incelenen lokuslar**

AmpFISTR İdentifiler Kiti; CODIS'de (Combined DNA Index System) bulunan D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA isimli 13 tetranükleotid tekrarlara ek olarak D2S1338 ve D19S433 STRları ile cinsiyet belirleyici marker olan amelogenini içermektedir (Life Technologies Corporation, 2012).

**Çizelge 1.1.** D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA, D2S1338 ve D19S433 lokuslarının özellikleri

	<b>Kromozomal Lokalizasyonlar</b>	<b>Tekrar Motifi</b>	<b>STR Çeşidi</b>	<b>Uzunlukları (bp)</b>	<b>Allel Aralığı</b>
<b>D8S1179</b>	8q24.13	TCTA/ TCTG	Bileşik	128-168	6-20
<b>D21S11</b>	21q21.1	TCTA/ TCTG	Kompleks	189-243	12-43.2
<b>D7S820</b>	7q21.11	GATA	Basit	258-294	5-16
<b>CSF1PO</b>	5q33.1	AGAT	Basit	295-327	5-17
<b>D3S1358</b>	3p21.31	TCTA/ TCTG	Bileşik	114-142	6-26
<b>TH01</b>	11p15.5	TCAT	Basit	179-203	3-14
<b>D13S317</b>	13q31.1	TATC	Basit	206-234	5-17
<b>D16S539</b>	16q24.1	GATA	Basit	264-304	4-17
<b>D2S1338</b>	2q35	TGCC/ TTCC	Bileşik		10-31
<b>D19S433</b>	19q12	AAGG/ TAGG	Bileşik		5.2-20
<b>vWA</b>	12p13.31	TCTA/ TCTG	Bileşik	157-197	10-25
<b>TPOX</b>	2p25.3	AATG	Basit	262-290	4-16
<b>D18S51</b>	18q21.33	AGAA	Basit	273-341	5.3-40
<b>D5S818</b>	5q23.2	AGAT	Basit	135-171	4-29
<b>FGA</b>	4q31.3	CTTT/ TTCC	Bileşik	219-267	12.2-51.2

#### **1.7.2.1.1. D8S1179 lokusu**

Sekizinci kromozomun uzun kolunun q24.13 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta TCTA/TCTG şeklindeki dört bazlık tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; Chakraborty ve Deka, 2009). Bileşik STR olan bu tekrarın allel aralığı 6-20 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D8S1179 lokusunun sık rastlandığı alleller 8,9,10,11,12,13,14,15,16,17,18 ve 19'dur (Life Technologies Corporation, 2012). Bu

alleller 128-168 bp (baz çifti) arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.1.2. D21S11 lokusu**

Yirmibirinci kromozomun uzun kolunun q21.1 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta TCTA/TCTG tekrar dizisi görölmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Kompleks STR olan bu tekrarın allel aralığı 12-43.2 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D21S11 lokusunun sık rastlandığı alleller 24, 24.2, 25, 26, 27, 28, 28.2, 29, 29.2, 30, 30.2, 31, 31.2, 32, 32.2, 33, 33.2, 34, 34.2, 35, 35.2, 36, 37 ve 38'dir (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 189-243 bp arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.1.3. D7S820 lokusu**

Yedinci kromozomun uzun kolunun q21.11 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta GATA tekrar dizisi görölmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017; Sacchetti ve ark., 1999). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 5-16 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D7S820 lokusunun sık rastladığı alleller 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 ve 15'tir (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 258-294 bp arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.1.4. CSF1PO lokusu**

Beşinci kromozomun uzun kolunun q33.1 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta AGAT tekrar dizisi görölmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017; Sacchetti ve ark., 1999). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 5-

17 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). CSF1PO lokusunun sık rastlandığı alleller 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 ve 15'tir (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 295-327 bp arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.1.5. D3S1358 lokusu**

Üçüncü kromozomun kısa kolunun p21.31 kısmında bulunur. Bu lokusta TCTA/TCTG tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bileşik STR olan bu tekrarın allel aralığı 6-26 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D3S1358 lokusunun sık rastlandığı alleller 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 ve 19'dur (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 114-142 bp arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.1.6. TH01 lokusu**

On birinci kromozomun kısa kolunun p15.5 kısmında bulunur. Bu lokusta TCAT tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 3-14 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). TH01 lokusunun sık rastlandığı alleller 4, 5, 6, 7, 8, 9, 9.3, 10, 11 ve 13.3'tür (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 179-203 bp arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.1.7. D13S317 lokusu**

On üçüncü kromozomun uzun kolunun q31.1 kısmında bulunur. Bu lokusta TATC tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 5-17 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D13S317 lokusunun sık rastlandığı alleller 8, 9, 10, 11, 12, 13,

14 ve 15'tir (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 206-234 bp arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.1.8. D16S539 lokusu**

On altıncı kromozomun uzun kolunun q24.1 kısmında bulunur. Bu lokusta GATA tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 4-17 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D16S539 lokusunun sık rastlandığı alleller 5, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 ve 15'tir (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 264-304 bp arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Promega Corporation, 2016).

#### **1.7.2.1.9. D2S1338 lokusu**

İkinci kromozomun uzun kolunun q35 kısmında bulunur. Bu lokusta TGCC/TTCC tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bileşik STR olan bu tekrarın allel aralığı 10-31 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D2S1338 lokusunun sık rastlandığı alleller 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27 ve 28'dir (Life Technologies Corporation, 2012).

#### **1.7.2.1.10. D19S433 lokusu**

On dokuzuncu kromozomun uzun kolunun q12 kısmında bulunur. Bu lokusta AAGG/TAGG tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bileşik STR olan bu tekrarın allel aralığı 5.2-20 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D19S433 lokusunun sık rastlandığı alleller 9, 10, 11, 12, 12.2, 13, 13.2, 14, 14.2, 15, 15.2, 16, 16.2, 17 ve 17.2'dir (Life Technologies Corporation, 2012).

#### **1.7.2.1.11. vWA lokusu**

On ikinci kromozomun kısa kolunun p13.31 kısmında bulunur. Bu lokusta TCTA/TCTG tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bileşik STR olan bu tekrarın allel aralığı 10-25 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). vWA lokusunun sık rastlandığı alleller 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23 ve 24'tür (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 157-197 bp arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.1.12. TPOX lokusu**

İkinci kromozomun kısa kolunun p25.3 kısmında bulunur. Bu lokusta AATG tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 4-16 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). TPOX lokusunun sık rastlandığı alleller 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12 ve 13'tür (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 262-290 bp arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Promega Corporation, 2016).

#### **1.7.2.1.13. D18S51 lokusu**

On sekizinci kromozomun uzun kolunun q21.33 kısmında bulunur. Bu lokusta AGAA tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017; Sacchetti ve ark., 1999). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 5.3-40 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D18S51 lokusunun sık rastlandığı alleller 7, 9, 10, 10.2, 11, 12, 13, 13.2, 14, 14.2, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 ve 27'dir (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 273-341 bp arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.1.14. D5S818 lokusu**

Beşinci kromozomun uzun kolunun q23.2 kısmında bulunur. Bu lokusta AGAT tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017; Sacchetti ve ark., 1999). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 4-29 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D5S818 lokusunun sık rastlandığı alleller 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15 ve 16'dır (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 135-171 bp arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.1.15. FGA lokusu**

Dördüncü kromozomun uzun kolunun q31.3 kısmında bulunur. Bu lokusta CTTT/TTCC tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bileşik STR olan bu tekrarın allel aralığı 12.2-51.2 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). FGA lokusunun sık rastlandığı alleller 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 ve 51.2'dir (Life Technologies Corporation, 2012). Bu alleller 219-267 bp arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Sacchetti ve ark., 1999).

#### **1.7.2.2. AmpFlSTR Identifiler Plus kitinde incelenen lokuslar**

AmpFlSTR Identifiler Plus kiti; AmpFlSTR Identifiler kitinde de bulunan D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA, D2S1338 ve D19S433 isimli 15 tane tetranükleotid tekrar lokusunu ve cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir (Butler ve Hill, 2012; Chakraborty ve Deka; 2009; National Institute of Standards and Technology, 2017; Sacchetti ve ark; 1999).

### **1.7.2.3. AmpFlSTR Profiler kitinde incelenen lokuslar**

AmpFlSTR Profiler kiti; AmpFlSTR Identifiler kitinde de bulunan D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, vWA, TPOX, D5S818 ve FGA isimli 9 tane tetranükleotid tekrar lokusu ile cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

### **1.7.2.4. AmpFlSTR Profiler Plus kitinde incelenen lokuslar**

AmpFlSTR Profiler Plus kiti; AmpFlSTR Identifiler kitinde de bulunan D3S1358, VWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317 ve D7S820 isimli 9 tane tetranükleotid tekrar lokusu ile cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

### **1.7.2.5. AmpFlSTR Cofiler kitinde incelenen lokuslar**

AmpFlSTR Cofiler kiti; AmpFlSTR Identifiler kitinde de bulunan D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D16S539, TPOX isimli 6 tane tetranükleotid tekrar lokusu ile cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

### **1.7.2.6. AmpFlSTR Sinofiler kitinde incelenen lokuslar**

AmpFlSTR Sinofiler kiti; AmpFlSTR Identifiler kitinde de bulunan D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, D18S51, D5S818, FGA isimli 13 tane tetranükleotid tekrar lokusu cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenine ek olarak D12S391 ile D6S1043 lokuslarını içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

**Çizelge 1.2.** D12S391 ile D6S1043 lokuslarının özellikleri

	<b>Kromozomal lokalizasyonlar</b>	<b>Tekrar motifi</b>	<b>STR Çeşidi</b>	<b>Uzunlukları (bp)</b>	<b>Allel Aralığı</b>
<b>D12S391</b>	12p13.2	AGAT/AGAC	Bileşik		13-27.2
<b>D6S1043</b>	6q16.1	AGAT	Basit		9-25

#### **1.7.2.6.1. D12S391 lokusu**

On ikinci kromozomun kısa kolunun p13.2 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; Life Technologies Corporation, 2012). Bu lokusta AGAT/AGAC tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012). Bileşik STR olan bu tekrarın allel aralığı 13-27.2 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D12S391 lokusunun sık rastlandığı alleller 14, 15, 16, 17, 18, 19, 19.3, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 ve 27'dir (Life Technologies Corporation, 2012).

#### **1.7.2.6.2. D6S1043 lokusu**

Altıncı kromozomun uzun kolunun q16.1 kısmında bulunur (Life Technologies Corporation, 2012). Bu lokusta AGAT tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 9-25 arasındadır (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). D6S1043 lokusunun sık rastlandığı alleller 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 21.3, 22, 23, 24 ve 25'tir (Life Technologies Corporation, 2012).

### 1.7.2.7. AmpFISTR Globalfiler kitinde incelenen lokuslar

AmpFISTR Globalfiler kiti; AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA isimli 15 tane tetranükleotid tekrar lokusu cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenine ek olarak D22S1045, D2S441, D1S1656, D12S391, Yindel, DYS391 ile SE33 lokuslarını içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

**Çizelge 1.3.** D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA, D22S1045, D2S441, D1S1656, D12S391, Yindel, DYS391 ile SE33 lokuslarının özellikleri

	<b>Kromozomal Lokalizasyonlar</b>	<b>Tekrar Motifi</b>	<b>STR Çeşidi</b>	<b>Uzunlukları (bp)</b>	<b>Allel Aralığı</b>
<b>D10S1248</b>	10q26.3	GGAA	Basit		7-19
<b>D22S1045</b>	22q12.3	ATT	Basit		7-20
<b>D2S441</b>	2p14	TCTA/TCAA	Bileşik		8-17
<b>D1S1656</b>	1q42	TAGA	Bileşik		8-20.3
<b>Yindel</b>	Yq11.221				
<b>DYS391</b>	Yq11.21	TCTA			
<b>SE33</b>	6q14	AAAG	Kompleks		3-49

#### 1.7.2.7.1. D10S1248 lokusu

Onuncu kromozomun uzun kolunun q26.3 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017; Thermo Fisher Scientific, 2016). Bu lokusta GGAA tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 7-19 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D10S1248 lokusunun sık rastlandığı alleller 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 ve 19'dur (Thermo Fisher Scientific, 2016).

#### **1.7.2.7.2. D22S1045 lokusu**

Yirmi ikinci kromozomun uzun kolunun q12.3 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017; Thermo Fisher Scientific, 2016). Bu lokusta ATT tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 7-20 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D22S1045 lokusunun sık rastlandığı alleller 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 ile 19'dur (Thermo Fisher Scientific, 2016).

#### **1.7.2.7.3. D2S441 lokusu**

İkinci kromozomun kısa kolunun p14 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017; Thermo Fisher Scientific, 2016). Bu lokusta TCTA/TCAA tekrar dizisi görülmektedir. Bileşik STR olan bu tekrarın allel aralığı 8-17 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D2S441 lokusunun sık rastlandığı alleller 8, 9, 10, 11, 11.3, 12, 13, 14, 15, 16 ile 17'dir (Thermo Fisher Scientific, 2016).

#### **1.7.2.7.4. D1S1656 lokusu**

Birinci kromozomun uzun kolunun q42 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta TAGA tekrar dizisi görülmektedir. Bileşik STR olan bu tekrarın allel aralığı 8-20.3 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). D1S1656 lokusunun sık rastlandığı alleller 9, 10, 11, 12, 13, 14, 14.3, 15, 15.3, 16, 16.3, 17, 17.3, 18.3, 19.3 ile 20.3'tür (Thermo Fisher Scientific, 2016).

#### **1.7.2.7.5. Yindel lokusu**

Y kromozomunun uzun kolunun q11.221 kısmında bulunur. Yindel lokusunun sık rastlandığı alleller 1 ile 2'dir (Thermo Fisher Scientific, 2016).

#### **1.7.2.7.6. SE33 lokusu**

Altıncı kromozomun uzun kolunun q14 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017; Thermo Fisher Scientific, 2016). Bu lokusta AAAG tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Kompleks STR olan bu tekrarın allel aralığı 3-49 arasındadır (Butler ve Hill, 2012). SE33 lokusunun sık rastlandığı alleller 4.2, 6.3, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 20.2, 21, 21.2, 22.2, 23.2, 24.2, 25.2, 26.2, 27.2, 28.2, 29.2, 30.2, 31.2, 33.2, 34.2, 35, 35.2, 36 ile 37'dir (Thermo Fisher Scientific, 2016).

#### **1.7.2.8. AmpFISTR NGM kitinde incelenen lokuslar**

AmpFISTR NGM kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan D8S1179, D21S11, D3S1358, TH01, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, D18S51, FGA isimli 10 tane tetranükleotid tekrar lokusu ile cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenine ek olarak D10S1248, D22S1045, D2S441, D1S1656 ve D12S391 lokuslarını içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

#### **1.7.2.9. AmpFISTR SGM Plus kitinde incelenen lokuslar**

AmpFISTR NGM kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan D8S1179, D21S11, D3S1358, TH01, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, D18S51, FGA isimli

10 tane tetranükleotid tekrar lokusu ile cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

#### 1.7.2.10. AmpFISTR Green I kitinde incelenen lokuslar

AmpFISTR Green I kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan CSF1PO, TH01, TPOX isimli 3 tane tetranükleotid tekrar lokusu ile cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

#### 1.7.2.11. PowerPlex 16 kitinde incelenen lokuslar

PowerPlex 16 kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan D3S1358, TH01, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, CSF1PO, vWA, D8S1179, TPOX, FGA isimli 10 tane tetranükleotid tekrar lokusu ile cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenine ek olarak Penta E ve Penta D lokuslarını içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

**Çizelge 1.4.** Penta E ile Penta D lokuslarının özellikleri

	<b>Kromozomal lokalizasyonlar</b>	<b>Tekrar motifi</b>	<b>STR Çeşidi</b>	<b>Uzunlukları (bp)</b>	<b>Allel Aralığı</b>
<b>Penta E</b>	15q26.2	AAAGA	Basit	379-474	5-32
<b>Penta D</b>	21q22.3	AAAGA	Basit	376-449	1.1-19

#### **1.7.2.11.1. Penta E lokusu**

On beşinci kromozomun uzun kolunun q26.2 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta AAAGA tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; Chakraborty ve DeKa, 2009; National Institute of Standards and Technology, 2017; Promega Corporation, 2016). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 5-32 arasındadır (Butler Hill, 2012). Bu alleller 379-474 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Promega Corporation, 2016).

#### **1.7.2.11.2. Penta D lokusu**

Yirmi birinci kromozomun uzun kolunun q22.3 kısmında bulunur (Butler ve Hill, 2012; National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta AAAGA tekrar dizisi görülmektedir (Butler ve Hill, 2012; Chakraborty ve DeKa, 2009; National Institute of Standards and Technology, 2017; Promega Corporation, 2016). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 1.1-19 arasındadır (Butler Hill, 2012). Bu alleller 376-449 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Promega Corporation, 2016).

#### **1.7.2.12. PowerPlex Fusion kitinde incelenen lokuslar**

PowerPlex Fusion kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA isimli 15 tane tetranükleotid tekrar lokusu ile cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenine ek olarak D10S1248, D22S1045, D2S441, D1S1656, D12S391, DYS391, Penta E ve Penta D lokuslarını içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

#### **1.7.2.13. PowerPlex ES kitinde incelenen lokuslar**

PowerPlex ES kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan D8S1179, D21S11, D3S1358, TH01, vWA, D18S51, FGA isimli 7 tane tetranükleotid tekrar lokusu ile cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenine ek olarak SE33 lokusunu içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

#### **1.7.2.14. PowerPlex 2.1. kitinde incelenen lokuslar**

PowerPlex 2.1 kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan D8S1179, D21S11, D3S1358, TH01, vWA, TPOX, D18S51, FGA isimli 8 tane tetranükleotid tekrar lokusuna ek olarak Penta E lokusunu içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

#### **1.7.2.15. PowerPlex 1.1. kitinde incelenen lokuslar**

PowerPlex 1.1 kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, vWA, TH01, TPOX, CSF1PO isimli 8 tane tetranükleotid lokusunu içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

#### **1.7.2.16. PowerPlex 1.2. kitinde incelenen lokuslar**

PowerPlex 1.2 kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, vWA, TH01, TPOX, CSF1PO isimli 8 tane tetranükleotid lokusunu içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

### 1.7.2.17. Investigator IDPlex Plus kitinde incelenen lokuslar

Investigator IDPlex Plus kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA isimli 15 tane tetranükleotid lokusu ile cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

### 1.7.2.18. CTT kitinde incelenen lokuslar

CTT kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan CSF1PO, TH01, TPOX isimli 3 tetranükleotid lokusu içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

### 1.7.2.19. FFV kitinde incelenen lokuslar

FFV kiti, AmpFISTR Identifiler kitinde de bulunan vWA isimli tetranükleotid lokusuna ek olarak F13A1, FESFPS lokuslarını içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

**Çizelge 1.5.** F13A1 ile FESFPS lokuslarının özellikleri

	<b>Kromozomal lokalisasyonlar</b>	<b>Tekrar motifi</b>	<b>STR çeşidi</b>	<b>Uzunlukları (bp)</b>	<b>Allel Aralığı</b>
<b>F13A1</b>	6q24-p25	AAAG		283-331	
<b>FESFPS</b>	15q25	AAAT		222-250	

### 1.7.2.19.1. F13A1 lokusu

Altıncı kromozomun uzun kolunun q24, kısa kolunun da p25 kısmında bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta AAAG tekrar dizisi görülmektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017; Promega Corporation, 2015). F13A1 lokusunun içerdiği alleller 283-331 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Promega Corporation, 2015).

### 1.7.2.19.2. FESFPS lokusu

On beşinci kromozomun uzun kolunun q25 kısmında bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta AAAT tekrar dizisi görülmektedir (Promega Corporation, 2015). FESFPS lokusunun içerdiği alleller 222-250 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Promega Corporation, 2015).

### 1.7.2.20. FFFL kitinde incelenen lokuslar

FFFL kiti, FFV kitinde de bulunan F13A1, FESFPS isimli lokuslarına ek olarak F13B ile LPL lokuslarını içermektedir (National Institute of Standards and Technology, 2017).

**Çizelge 1.6.** F13B ile LPL lokuslarının özellikleri

	<b>Kromozomal Lokalizasyonlar</b>	<b>Tekrar Motifi</b>	<b>STR Çeşidi</b>	<b>Uzunlukları (bp)</b>	<b>Allel Aralığı</b>
<b>F13B</b>	1q31-q32.1	AAAT		169-189	
<b>LPL</b>	8p22	AAAT		105-133	

#### **1.7.2.20.1. F13B lokusu**

Birinci kromozomun uzun kolunun q31-32.1 kısmında bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta AAAT tekrar dizisi görülmektedir (Promega Corporation, 2015). F13B lokusunun içerdiği alleller 169-189 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Promega Corporation, 2015).

#### **1.7.2.20.2. LPL lokusu**

Sekizinci kromozomun kısa kolunun p22 kısmında bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta AAAT tekrar dizisi görülmektedir (Promega Corporation, 2015). LPL lokusunun içerdiği alleller 105-133 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Promega Corporation, 2015).

#### **1.7.2.21. Microreader 23sp ID system kitinde incelenen lokuslar**

Microreader 23sp ID system kiti 21 tane CODIS'te bulunmayan, bir tane CODIS'te bulunan tekrar lokuslarını ve cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir. D6S477, D18S535, D19S253, D15S659, D11S2368, D20S470, D1S1656, D22-GATA198B05, D7S3048, D8S1132, D4S2366, D21S1270, D13S325, D9S925, D3S3045, D14S608, D10S1435, D12S391, D2S1338, D17S1290, D5S2500 ve D16S539 incelenen lokuslardır (Li ve ark., 2017).

#### **1.7.2.22. Mentype Argus X-8 kitinde incelenen lokuslar**

Mentype Argus X-8 kiti 8 tane tekrar lokusunu ve cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir. DXS8378, HPRTB, DXS7423, DXS7132, DXS10134, DXS10074, DXS10101 ve DXS10135 incelenen X-STR lokuslarıdır.

**Çizelge 1.7.** DXS8378, HPRTB, DXS7423, DXS7132, DXS10134, DXS10074, DXS10101 ile DXS10135 lokuslarının özellikleri

	<b>Kromozomal lokalizasyonlar</b>	<b>Tekrar motifi</b>	<b>STR çeşidi</b>	<b>Uzunlukları (bp)</b>	<b>Allel Aralığı</b>
<b>DXS8378</b>	Xp22.31	(CTAT)12		154-178	
<b>HPRTB</b>	Xq26.2	(AGAT)12		190-222	
<b>DXS7423</b>	Xq28	(TCCA)3 TCTGTCCT (TCCA)12		233-253	
<b>DXS7132</b>	Xq11.2	(TCTA)13		261-305	
<b>DXS10134</b>	Xq28	(GAAA)3 GAGA (GAAA)4 AA (GAAA) GAGA (GAAA)4 GAGA (GACAGA)3 (GAAA) GTAA (GAAA)3 AAA (GAAA)4 AAA (GAAA)15		330-384	
<b>DXS10074</b>	Xq12	(AAGA)14		98-168	
<b>DXS10101</b>	Xq26.2	(AAAG)3 GAAAGAAG (GAAA)3 A (GAAA)4 AAGA (AAAG)5 AAAAAGAA (AAAG)13 AA		185-223	
<b>DXS10135</b>	Xp22.31	(AAGA)3 GAAAG (GAAA)20		242-316	

#### **1.7.2.22.1. DXS8378 Lokusu**

X kromozomun kısa kolunun p22.31 kısmında bulunur. Bu lokusta (CTAT)12 tekrar dizisi görülmektedir. DXS8378 lokusunun içerdiği alleller 154-178 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Mentype Argus X-8 PCR Amplification Kit).

#### **1.7.2.22.2. HPRTB Lokusu**

X kromozomun uzun kolunun q26.2 kısmında bulunur. Bu lokusta (AGAT)<sub>12</sub> tekrar dizisi görülmektedir. HPRTB lokusunun içerdiği alleller 190-222 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Mentype Argus X-8 PCR Amplification Kit).

#### **1.7.2.22.3. DXS7423 Lokusu**

X kromozomun uzun kolunun q28 kısmında bulunur. Bu lokusta (TCCA)<sub>3</sub> TCTGTCCT (TCCA)<sub>12</sub> tekrar dizisi görülmektedir. DXS7423 lokusunun içerdiği alleller 233-253 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Mentype Argus X-8 PCR Amplification Kit).

#### **1.7.2.22.4. DXS7132 Lokusu**

X kromozomun uzun kolunun q11.2 kısmında bulunur. Bu lokusta (TCTA)<sub>13</sub> tekrar dizisi görülmektedir. DXS7132 lokusunun içerdiği alleller 261-305 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Mentype Argus X-8 PCR Amplification Kit).

#### **1.7.2.22.5. DXS10134 Lokusu**

X kromozomun uzun kolunun q28 kısmında bulunur. Bu lokusta (GAAA)<sub>3</sub> GAGA (GAAA)<sub>4</sub> AA (GAAA) GAGA (GAAA)<sub>4</sub> GAGA (GACAGA)<sub>3</sub> (GAAA) GTAA (GAAA)<sub>3</sub> AAA (GAAA)<sub>4</sub> AAA (GAAA)<sub>15</sub> tekrar dizisi görülmektedir. DXS10134 lokusunun içerdiği alleller 330-384 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Mentype Argus X-8 PCR Amplification Kit).

#### **1.7.2.22.6. DXS10074 Lokusu**

X kromozomun uzun kolunun q12 kısmında bulunur. Bu lokusta (AAGA)<sup>14</sup> tekrar dizisi görülmektedir. DXS10074 lokusunun içerdği alleller 98-168 bp (baz çifti) arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Mentype Argus X-8 PCR Amplification Kit).

#### **1.7.2.22.7. DXS10101 Lokusu**

X kromozomun uzun kolunun q26.2 kısmında bulunur. Bu lokusta (AAAG)<sup>3</sup> GAAAGAAG (GAAA)<sup>3</sup> A (GAAA)<sup>4</sup> AAGA (AAAG)<sup>5</sup> AAAAAAGAA (AAAG)<sup>13</sup> AA tekrar dizisi görülmektedir. DXS10101 lokusunun içerdği alleller 185-223 bp (baz çifti) arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Mentype Argus X-8 PCR Amplification Kit).

#### **1.7.2.22.8. DXS10135 Lokusu**

X kromozomun kısa kolunun p22.31 kısmında bulunur. Bu lokusta (AAGA)<sup>3</sup> GAAAG (GAAA)<sup>20</sup> tekrar dizisi görülmektedir. DXS10135 lokusunun içerdği alleller 242-316 bp (baz çifti) arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Mentype Argus X-8 PCR Amplification Kit).

#### **1.7.2.23. Investigator Argus X-12 Kitinde İncelenen Lokuslar**

Investigator Argus X-12 kiti 12 tane tekrar lokusunu ve cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir. DXS8378, HPRTB, DXS7423, DXS7132, DXS10134, DXS10074, DXS10101, DXS10135, DXS10079, DXS10103, DXS10146 ve DXS10148 incelenen X-STR lokuslarıdır.

**Çizelge 1.8.** DXS8378, HPRTB, DXS7423, DXS7132, DXS10134, DXS10074, DXS10101, DXS10135, DXS10079, DXS10103, DXS10146 ile DXS10148 lokuslarının özellikleri

	<b>Kromozomal Lokalizasyonlar</b>	<b>Tekrar motifi</b>	<b>STR Çeşidi</b>	<b>Uzunlukları (bp)</b>	<b>Allel Aralığı</b>
<b>DXS10079</b>	Xq12	(AAAG)3 TGAAAGAG (AGAA)17 AGAG (AGAA)3	-	-	14-25
<b>DXS10103</b>	Xq26.2	(TAGA)2 CTGA (CAGA) (TAGA)11 (CAGA)2 (TAGA)	-	-	28-46.1
<b>DXS10146</b>	Xq28	(TTCC)3 T (TTCC)3 TTTC CTCCTTCC (TTCC) (TCCC) TTCTTCTTC (TTCC)2 TTTCTT (CTTT)2 CTTC (CTTT)10 T (CTTT)2	-	-	-
<b>DXS10148</b>	Xp22.31	(GGAA)4 (AAGA)12 (AAAG)4 N8 (AAGG)2	-	-	13.3-38.1

#### **1.7.2.23.1. DXS10079 Lokusu**

X kromozomun kısa kolunun p12 kısmında bulunur. Bu lokusta (AAAG)3 TGAAAGAG (AGAA)17 AGAG (AGAA)3 tekrar dizisi görülmektedir. DXS10079 lokusunun allel aralığı 14-25 arasındadır (Investigator Argus X-12 Handbook, 2013).

#### **1.7.2.23.2. DXS10103 Lokusu**

X kromozomun uzun kolunun q26.2 kısmında bulunur. Bu lokusta (TAGA)2 CTGA (CAGA) (TAGA)11 (CAGA)2 (TAGA) tekrar dizisi görülmektedir. DXS10103 lokusunun allel aralığı 28-46.1 arasındadır (Investigator Argus X-12 Handbook, 2013).

### **1.7.2.23.3. DXS10146 Lokusu**

X kromozomun uzun kolunun q28 kısmında bulunur. Bu lokusta (TTCC)3 T (TTCC)3 TTTC CTCCCTTCC (TTCC) (TCCC) TTCTTCTTTC (TTCC)2 TTTCTT (CTTT)2 CTTC (CTTT)10 T (CTTT)2 tekrar dizisi görülmektedir (Investigator Argus X-12 Handbook, 2013).

### **1.7.2.23.4. DXS10148 Lokusu**

X kromozomun kısa kolunun p22.31 kısmında bulunur. Bu lokusta (GGAA)4 (AAGA)12 (AAAG)4 N8 (AAGG)2 tekrar dizisi görülmektedir. DXS10148 lokusunun allel aralığı 13.3-38.1 arasındadır (Investigator Argus X-12 Handbook, 2013).

### **1.7.2.24. AmpFISTR Y Filer Kitinde İncelenen Lokuslar**

AmpFISTR Y Filer kiti 16 tane tekrar lokusunu içermektedir. DYS19, DYS385a/b, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635 ve Y GATA H4 incelenen Y-STR lokuslarıdır.

**Çizelge 1.9.** DYS19, DYS385a/b, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635 ile Y GATA H4 lokuslarının özellikleri

	<b>Kromozomal lokalizasyonlar</b>	<b>Tekrar motifi</b>	<b>STR çeşidi</b>	<b>Uzunlukları (bp)</b>	<b>Allel Aralığı</b>
<b>DYS19</b>	Yp	TAGA	-	232-268	10-19
<b>DYS385a/b</b>	Yq	GAAA	-	353-425	7-25
<b>DYS389I</b>	Yq	(TCTG) (TCTA)	-	239-259, 347-387	10-15, 24-34
<b>DYS389II</b>	Yq	(TCTG) (TCTA)	-	239-259, 347-387	10-15, 24-34
<b>DYS390</b>	Yq	(TCTA) (TCTG)	-	191-227	18-27
<b>DYS391</b>	Yq	TCTA	-	271-295	7-13
<b>DYS392</b>	Yq	TAT	-	236-269	7-18
<b>DYS393</b>	Yp	AGAT	-	103-135	8-16
<b>DYS437</b>	Y	-	-	180-196	13-17
<b>DYS438</b>	Y	TTTTTC	-	211-236	8-13
<b>DYS439</b>	Y	AGAT	-	232-260	8-15
<b>DYS448</b>	Y	-	-	282-324	17-24
<b>DYS456</b>	Y	-	-	141-161	13-18
<b>DYS458</b>	Y	-	-	115-139	14-20
<b>DYS635</b>	Y	-	-	152-192	17-27
<b>Y GATA H4</b>	Y	-	-	352-372	8-13

#### 1.7.2.24.1. DYS19 lokusu

Y kromozomunun kısa kolunda (Yp) bulunur. Bu lokusta TAGA tekrar dizisi görülmektedir (Kashyap ve ark., 2004). Basit STR olan bu tekrarın allel aralığı 10-19 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 232-268 bp (baz çifti) arasında

değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.2. DYS385a/b lokusu**

Y kromozomunun uzun kolunda (Yq) bulunur. Bu lokusta GAAA tekrar dizisi görülmektedir (Kashyap ve ark., 2004). Bu tekrarın allel aralığı 7-25 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 353-425 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.3. DYS389I lokusu**

Y kromozomunun uzun kolunda (Yq) bulunur. Bu lokusta (TCTG) (TCTA) tekrar dizisi görülmektedir (Kashyap ve ark., 2004). Bu tekrarın allel aralığı 10-15 ile 24-34arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 239-259 ile 347-387bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.4. DYS389II lokusu**

Y kromozomunun uzun kolunda (Yq) bulunur. Bu lokusta (TCTG) (TCTA) tekrar dizisi görülmektedir (Kashyap ve ark., 2004). Bu tekrarın allel aralığı 10-15 ile 24-34arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 239-259 ile 347-387 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.5. DYS390 lokusu**

Y kromozomunun uzun kolunda (Yq) bulunur. Bu lokusta (TCTA) (TCTG) tekrar dizisi görülmektedir (Kashyap ve ark., 2004). Bu tekrarın allel aralığı 18-27 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 191-227 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.6. DYS391 lokusu**

Y kromozomunun uzun kolunda (Yq) bulunur. Bu lokusta TCTA tekrar dizisi görülmektedir (Kashyap ve ark., 2004). Bu tekrarın allel aralığı 7-13 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 271-295 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.7. DYS392 lokusu**

Y kromozomunun uzun kolunda (Yq) bulunur. Bu lokusta TAT tekrar dizisi görülmektedir (Kashyap ve ark., 2004). Bu tekrarın allel aralığı 7-18 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 236-269 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.8. DYS393 lokusu**

Y kromozomunun kısa kolunda (Yp) bulunur. Bu lokusta AGAT tekrar dizisi görülmektedir (Kashyap ve ark., 2004). Bu tekrarın allel aralığı 8-16 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 103-135 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.9. DYS437 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu tekrarın allel aralığı 13-17 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 180-196 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.10. DYS438 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta TTTTC tekrar dizisi görülmektedir (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007). Bu tekrarın allel aralığı 8-13 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 211-236 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.11. DYS439 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu lokusta AGAT tekrar dizisi görülmektedir (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007). Bu tekrarın allel aralığı 8-15 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 232-260 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.12. DYS448 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu tekrarın allel aralığı 17-24 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 282-324 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.13. DYS456 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu tekrarın allel aralığı 13-18 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 141-161 bp (baz çifti) arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.14. DYS458 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu tekrarın allel aralığı 14-20 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 115-139 bp (baz çifti) arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.15. DYS635 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu tekrarın allel aralığı 17-27 arasındadır. Bu alleller 152-192 bp (baz çifti) arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.24.16. Y GATA H4 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (National Institute of Standards and Technology, 2017). Bu tekrarın allel aralığı 8-13 arasındadır (Applied Biosystems, 2006). Bu alleller 352-372 bp (baz çifti) arasında deęişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2003; Butler, 2006; Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.25. Y-Plex 12 kitinde incelenen lokuslar**

Investigator Argus X-12 kiti 11 tane tekrar lokusunu ve cinsiyet belirleyen marker olan Amelogenini içermektedir. DYS19, DYS385a/b, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS438 ve DYS439 incelenen X-STR lokuslarıdır (Shewale ve ark., 2004).

#### **1.7.2.26. Y-Plex 6 kitinde incelenen lokuslar**

Y-Plex 6 kiti 6 tane tekrar lokusunu içermektedir. DYS19, DYS385a/b, DYS389II, DYS390, DYS391 ve DYS393 incelenen Y-STR lokuslarıdır (ReliaGene Technologies, 2003).

#### **1.7.2.27. Y-Plex 5 kitinde incelenen lokuslar**

Y-Plex 5 kiti 5 tane tekrar lokusunu içermektedir. DYS389I, DYS389II, DYS392, DYS438 ve DYS439 incelenen Y-STR lokuslarıdır (ReliaGene Technologies, 2003).

#### **1.7.2.28. PowerPlex Y kitinde incelenen lokuslar**

PowerPlex Y kiti 11 tane tekrar lokusunu içermektedir. DYS19, DYS385a/b, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438 ve DYS439 incelenen Y-STR lokuslarıdır (National Institute of Standards and Technology, 2017).

### 1.7.2.29. PowerPlex Y 23 kitinde incelenen lokuslar

PowerPlex Y 23 kiti 23 tane tekrar lokusunu içermektedir. DYS19, DYS385a/b, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635, Y GATA H4, DYS481, DYS533, DYS549, DYS570, DYS576 ve DYS643 incelenen Y-STR lokuslarıdır (National Institute of Standards and Technology, 2017).

Çizelge 1.10. DYS481, DYS533, DYS549, DYS570, DYS576 ile DYS643 lokuslarının özellikleri

	<b>Kromozomal lokalizasyonlar</b>	<b>Tekrar motifi</b>	<b>STR çeşidi</b>	<b>Uzunlukları (bp)</b>	<b>Allel Aralığı</b>
<b>DYS481</b>	Y	CTT	-	-	-
<b>DYS533</b>	Y	ATCT	-	202-222	9-14
<b>DYS549</b>	Y	GATA	-	-	-
<b>DYS570</b>	Y	TTTC	-	236-280	12-23
<b>DYS576</b>	Y	AAAG	-	175-207	13-21
<b>DYS643</b>	Y	CTTTT	-	125-165	7-15

#### 1.7.2.29.1. DYS481 lokusu

Y kromozomunda bulunur (Promega Corporation, 2017). Bu lokusta CTT tekrar dizisi görülmektedir (Butler, 2006: Decker ve ark., 2007).

#### 1.7.2.29.2. DYS533 lokusu

Y kromozomunda bulunur (Promega Corporation, 2017). Bu lokusta ATCT tekrar dizisi görülmektedir (). Bu tekrarın allel aralığı 9-14 arasındadır (Butler, 2006: Decker ve ark., 2007). Bu alleller 202-222 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2006: Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.29.3. DYS549 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (Promega Corporation, 2017). Bu lokusta GATA tekrar dizisi görülmektedir (Butler, 2006: Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.29.4. DYS570 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (Promega Corporation, 2017). Bu lokusta TTTC tekrar dizisi görülmektedir. Bu tekrarın allel aralığı 12-23 arasındadır. Bu alleller 236-280 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2006: Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.29.5. DYS576 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (Promega Corporation, 2017). Bu lokusta AAAG tekrar dizisi görülmektedir. Bu tekrarın allel aralığı 13-21 arasındadır. Bu alleller 175-207 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2006: Decker ve ark., 2007).

#### **1.7.2.29.6. DYS643 lokusu**

Y kromozomunda bulunur (Promega Corporation, 2017). Bu lokusta CTTTT tekrar dizisi görülmektedir. Bu tekrarın allel aralığı 7-15 arasındadır. Bu alleller 125-165 bp (baz çifti) arasında değişkenlik gösteren uzunluklara sahiptirler (Butler, 2006: Decker ve ark., 2007).

### 1.7.2.30. AGCU Y 24 kitinde incelenen lokuslar

AGCU Y 24 kiti 24 tane tekrar lokusunu içermektedir. DYS19, DYS385a/b, DYS388, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS444, DYS447, DYS448, DYS449, DYS456, DYS458, DYS522, DYS527a/b, DYS635 (YGATA C4) ve YGATA H4 incelenen Y-STR lokuslarıdır (Zhu BF ve ark., 2014).

### 1.7.3. Kitlerin Karşılaştırılmasına Dair Tablolar

#### 1.7.3.1. Otozomal STR Kitleri ve Lokusları

Çizelge 1.11. Otozomal STR Kitleri ve Lokusları

	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier Plus	AmpFISTR Profiler	AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR Cofiler	AmpFISTR Sinofiler	AmpFISTR Globalfiler	AmpFISTR NGM	AmpFISTR SGM Plus	AmpFISTR Green I	PowerPlex 16	PowerPlex Fusion	PowerPlex ES	PowerPlex 21	PowerPlex 1.1	PowerPlex 1.2	PowerPlex 2.1	Investigator IDPlex Plus	CTT	FFV	FFFL	Microreader 23sp ID system
D3S1358	+	+	+	+	+	+	+	+	+		+	+	+	+				+				
CSF1PO	+	+	+		+	+	+			+	+	+		+				+	+			
D7S820	+	+	+	+	+	+	+				+	+		+				+				
D21S11	+	+		+		+	+	+	+		+	+	+	+				+				
D8S1179	+	+		+		+	+	+	+		+	+	+	+				+				

**Çizelge 1.11. Devam.** Otozomal STR Kitleri ve Lokusları

D22S1045	D10S1248	FGA	D5S818	D18S51	TPOX	VWA	D19S433	D2S1338	D16S539	D13S317	TH01	
		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	AmpFISTR Identifiler
		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	AmpFISTR Identifiler Plus
		+	+		+	+				+	+	AmpFISTR Profiler
		+	+	+		+						AmpFISTR Profiler Plus
					+				+		+	AmpFISTR Cofiler
		+	+	+		+	+	+	+	+		AmpFISTR Sinofiler
+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	AmpFISTR Globalfiler
+		+		+		+	+	+	+		+	AmpFISTR NGM
		+		+		+	+	+	+		+	AmpFISTR SGM Plus
					+						+	AmpFISTR Green I
		+	+	+	+	+			+	+	+	PowerPlex 16
+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	PowerPlex Fusion
		+		+		+					+	PowerPlex ES
		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	PowerPlex 21
												PowerPlex 1.1
												PowerPlex 1.2
												PowerPlex 2.1
		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	Investigator IDPlex Plus
					+						+	CTT
						+						FFV
												FFF
								+	+			Microreader 23sp ID system

**Çizelge 1.11. Devam.** Otozomal STR Kitleri ve Lokusları

LPL	F13B	FESFPS	F13A1	Penta D	Penta E	DYS391	Yindel	D12S391	D1S1656	D2S441	D6S1043	SE33	
													AmpFISTR Identifier
													AmpFISTR Identifier Plus
													AmpFISTR Profiler
													AmpFISTR Profiler Plus
													AmpFISTR Cofiler
								+			+		AmpFISTR Sinofiler
						+	+	+	+	+		+	AmpFISTR Globalfiler
								+	+	+			AmpFISTR NGM
													AmpFISTR SGM Plus
													AmpFISTR Green I
				+	+								PowerPlex 16
				+	+	+		+	+	+			PowerPlex Fusion
												+	PowerPlex ES
				+	+			+	+		+		PowerPlex 21
													PowerPlex 1.1
													PowerPlex 1.2
													PowerPlex 2.1
													Investigator IDPlex Plus
													CTT
													FFV
													FFFL
+								+					Microreader 23sp ID system



**Çizelge 1.11. Devam.** Otozomal STR Kitleri ve Lokusları

D5S2500	D17S1290	D14S608	D3S3045	D9S925	D13S325	D21S1270	D10S1435	AmpFISTR Identifier
								AmpFISTR Identifier Plus
								AmpFISTR Profiler
								AmpFISTR Profiler Plus
								AmpFISTR Cofiler
								AmpFISTR Sinofiler
								AmpFISTR Globalfiler
								AmpFISTR NGM
								AmpFISTR SGM Plus
								AmpFISTR Green I
								PowerPlex 16
								PowerPlex Fusion
								PowerPlex ES
								PowerPlex 21
								PowerPlex 1.1
								PowerPlex 1.2
								PowerPlex 2.1
								Investigator IDPlex Plus
								CTT
								FFV
								FFFL
								Microreader 23sp ID system
+	+	+	+	+	+	+	+	

### 1.7.3.2. X-STR Kitleri ve Lokusları

Çizelge 1.12. X-STR Kitleri ve Lokusları

	Mentype Argus X-8	Investigator Argus X-12
DXS8378	+	+
HPRTB	+	+
DXS7423	+	+
DXS7132	+	+
DXS10134	+	+
DXS10074	+	+
DXS10101	+	+
DXS10135	+	+
DXS10079		+
DXS10103		+
DXS10146		+
DXS10148		+

### 1.7.3.3. Y-STR Kitleri ve Lokusları

Çizelge 1.13. Y-STR Kitleri ve Lokusları

	AmpFISTR Y Filer	Y-Plex 12	Y-Plex 6	Y-Plex 5	PowerPlex Y	PowerPlex Y 23	AGCU Y 24
DYS19	+	+	+		+	+	+
DYS385a/b	+	+	+		+	+	+
DYS389I	+	+		+	+	+	+
DYS389II	+	+	+	+	+	+	+
DYS390	+	+	+		+	+	+
DYS391	+	+	+		+	+	+
DYS392	+	+		+	+	+	+
DYS393	+	+	+		+	+	+

**Çizelge 1.13. Devam. Y-STR Kitleri ve Lokusları**

	<b>AmpFISTR Y Filer</b>	<b>Y-Plex 12</b>	<b>Y-Plex 6</b>	<b>Y-Plex 5</b>	<b>PowerPlex Y</b>	<b>PowerPlex Y 23</b>	<b>AGCU Y 24</b>
<b>DYS437</b>	+				+	+	+
<b>DYS438</b>	+	+		+	+	+	+
<b>DYS439</b>	+	+		+	+	+	+
<b>DYS448</b>	+					+	+
<b>DYS456</b>	+					+	+
<b>DYS458</b>	+					+	+
<b>DYS635</b>	+					+	+
<b>Y GATA H4</b>	+					+	+
<b>DYS481</b>						+	
<b>DYS533</b>						+	
<b>DYS549</b>						+	
<b>DYS570</b>						+	
<b>DYS576</b>						+	
<b>DYS643</b>						+	
<b>DYS388</b>							+
<b>DYS444</b>							+
<b>DYS447</b>							+
<b>DYS449</b>							+
<b>DYS522</b>							+
<b>DYS527a/b</b>							+

Bu çalışmada Türkiye’de STRlarla yapılan popülasyon genetiđi çalışmaları ile Türkiye dışındaki ülkelerde yapılan çalışmalar incelenerek bu çalışmaların sayısı, kullanılan örneklerin nereden toplandıđı, birey sayısı, STR sayısı ve kitler ile köken analizi, lokusların ayırt ediciliđine bakılarak yöntem açısından farklılıklarının incelenmesiyle popülasyon genetiđi çalışmalarının geliştirilmesi ve adli önem konusunda farkındalık yaratmak amaçlanmıştır.



## 2. GEREÇ VE YÖNTEM

Pubmed ve Google akademik aracılığıyla popülasyon genetiği konusunda STRlar kullanılarak yapılan çalışmalar aranmıştır. SpringerLink, ScienceDirect, Taylor&Francis Online, Croatian Medical Journal, ResearchGate, websitelerinden makaleler indirilmiştir. Bu sitelerde bulunmayan çalışmalara ulaşılammıştır.

Toplamda 481 makale incelenmiştir. Bunlardan 215'si otozomal, 66'sı X ve 200'ü Y-STRlar ile yapılan çalışmalardır. Otozomal STRlarla yapılan 216 makalenin 17'si Türkiye'de diğerleri Türkiye dışındaki ülkelerde, X-STRlarla yapılan 66 makalenin hepsi Türkiye dışındaki ülkelerde ve Y-STRlarla yapılan 200 makalenin 10'u Türkiye'de geriye kalanlar ise Türkiye dışındaki ülkelerde gerçekleştirilmiştir.

Türkiye dışında incelenen çalışmalar Afrika, Asya, Avrupa, Güney Amerika ve Kuzey Amerika kıtalarında dağılım göstermektedir. Afrika kıtasında; Fas, Ruanda, Tunus, Mısır, Uganda, Libya, Sudan, Gine Bissau, Angola, Cape Town, Somali, Mozambik, Ghana ve Namibia'ya ait makaleler incelenmiştir. Asya kıtasında; Irak, Nepal, Kore, Bengal, Tayland, Japonya, Bangladeş, Filistin, Pakistan, Çin, Malezya, Tayvan, İran, Vietnam, Ürdün, Kuveyt, Lübnan, Birleşik Arap Emirlikleri, Hindistan, Afganistan, Bhutan, Bhuryatya Cumhuriyeti, Kazakistan, Suriye ve Yakutistan'a ait makaleler toplanmıştır. Avrupa kıtasında; Almanya, Avusturya, Belarus, Rusya, Ukrayna, Bosna Hersek, Bulgaristan, Çek Cumhuriyeti, Danimarka, Grönland, Estonya, Finlandiya, Hırvatistan, İsviçre, İtalya, İspanya, Kalmukya, Latviya, Letonya, Makedonya, Polonya, Portekiz, Romanya, Sırbistan, Slovenya, Yunanistan, Macaristan, İsveç, Kosova, Norveç, Malta, Slovakya'ya ait makaleler incelenmiştir. Güney Amerika kıtasında; Kolombiya, Venezuela, Arjantin, Brezilya, Ekvador, Bolivya ve Peru'ya ait; Kuzey Amerika kıtasında da Amerika, Honduras, Meksika ve Kosta Rika'ya ait çalışmaların verileri değerlendirilmiştir.

Toplanan makalelerdeki ham verilere dokunulmamıştır. Çalışmalardaki Yıl, Bölge, Birey Sayısı, STR Sayısı, Kit, Köken Analizi, PDmin, PDmax, PEmin, PEmax, Pmin, Pmax, H, GDmin GDmax, HD ve DC değerlerine bakılıp değerlendirmeler yapılmıştır.

Her bir makaleden yukarıda sayılan verileri içeren özetler çıkarılmıştır. Bu özetlerden de bulgular kısmında verilen tablolar oluşturulmuştur. Tablolardaki Yıl sütunu; makalenin kaç yılında yazıldığı ve kabul edilip yayınlandığı, Bölge sütunu; çalışmada kullanılan biyolojik örneklerinin hangi bölge, ülke veya popülasyondan bireylere ait olduğunu belirtmektedir. Birey sayısı; çalışmada kullanılan biyolojik örneklerin kaç bireyden alındığını, STR sayısı da biyolojik örneklerde kaç tane lokusa bakıldığını ortaya koymakta olup Kit sütununda çalışmada kullanılan kitler yer almaktadır. Köken analizinin yapılıp yapılmadığı, yapıldıysa ne şekilde yapıldığını belirtmek adına tablolarda köken analizi sütunu bulunmaktadır. PDmin, PDmax ile GDmin, GDmax değerleri lokusların ayırt ediciliğini belirten değerlerdir. PEmin ile PEmax lokusların minimum ve maximum dışlama güçlerini yani yine dolaylı yoldan ayırt ediciliğini gösteren parametrelerdir. Pmin ile Pmax fenotip frekanslarını belirten değerlerdir. HD haplotip çeşitliliğini ortaya koyan, DC de ayırım kapasitesini belirten sütundur.

İstatistiki bulgular için SPSS 22.0 programı kullanılmıştır.

### 3. BULGULAR

#### 3.1. Türkiye’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

1996 tarihinden 2016 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda Türkiye’de yapılan otozomal STR çalışmalarından 17 tane makale değerlendirilmiştir. 17 makale; Akdeniz, Anadolu, Doğu Anadolu, Ege ve Marmara bölgelerinden toplanan bireylerle yapılmıştır. Bunların dışında adli vakalardan alınan örneklerle, Laz ve Kürt bireylerle, spesifik şehirlerden alınan örneklerle (Bolu, Düzce, İstanbul, İzmir, Kıbrıs, Malatya) yapılan çalışmalar da mevcuttur. 17 makaleden 19 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 100 ile 802 arasında olup, ortalaması 251,05’tir.

Çalışmalarda 5 ile 16 arasında farklı otozomal STR kullanılmıştır. Çalışmaların 6’sında (%31,6) AmpFlSTR Identifiler kiti, 5’inde (%26,3) AmpFlSTR SGM Plus kiti kullanılmıştır. 2 (%10,5) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 15’inde (%78,9) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 1’inde (%5,3) 2 jenerasyona ve 2’sinde (%10,5) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 1’inde (%5,3) de doğum ile bilgi verilmiştir.

3 (%15,8) çalışmada D3S1358 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D18S51 lokusu ise 6 (%31,6) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 2 (%10,5) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 7 (%36,8) çalışmada TPOX lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D18S51 ile FGA lokusları ise 4 (%21,1) farklı çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokuslardır. 4 (%21,1) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 3 (%15,8) çalışmada D16S539 lokusu P değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D13S317 lokusu ise 3 (%15,8) çalışmada P değeri en

yüksek olan lokustur. 9 (%47,4) çalışmada P değeri en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,6493718 ile 0,8371594 değerleri arasındadır. 2 (%10,5) çalışmada minimum heterozigotite, 1 (%5,3) çalışmada da maximum heterozigotite verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Türkiye'deki otozomal STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.1'de verilmiştir (Akbasak ve ark., 2001; Akbasak ve ark., 2002; Asıcıoğlu ve ark., 2002; Baransel ve ark., 2015; Cakır ve ark., 2001; Cakır ve ark., 2002; Cakır ve ark., 2002; Cakır ve ark., 2003; Cakır ve ark., 2004; Erkol ve ark., 2007; Filoglu ve ark., 2002; Gurkan ve ark., 2015; Iwasa ve ark., 1997; Ozkorkmaz ve ark., 2009; Tokdemir ve ark., 2016; Tuğ ve ark., 2010; Ulküer ve ark., 2004).

**Çizelge 3.1.** Türkiye'de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
1	1996/1997	Laz	228	5	-	Yok	FES (0,85)	vWA (0,93)					0,67-0,79
1	1996/1997	Kürt	167		-	Yok	F13B (0,83)	TH01 (0,91)					0,61-0,78
2	2001	Malatya	198	13	AmpFISTR Profiler Plus	Yok	TPOX (0,796)	D18S51 (0,963)	TPOX (0,364)	D18S51 (0,730)	D16S539 (0,042)	D13S317 (0,896)	0,152- 0,434
3	2001	Anadolu Bölgesi	165-213	7	GenePrint STR Silver	Doğum ile ilgili bilgi	TPOX (0,829)	vWA (0,935)	TPOX (0,291)	D13S317 (0,676)	D16S539 (0,050)	D13S317 (0,643)	0,600-0,840

**Çizelge 3.1.Devam. Türkiye’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri**

10	9	8	7	6	5	4	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H	
2004	2002/2003	2002	2002	2002	2002	2001/2002														
Akdeniz Bölgesi	Doğu Anadolu Bölgesi (Van-Ağrı)	Ege Bölgesi	İstanbul	Farklı Bölgeler	Marmara Bölgesi (İst.)	Farklı Bölgeler	2001/2002	Farklı Bölgeler	223-598	9	CTT, FFV, Silver STR III	Yok	TPOX (0,661)	vWA (0,796)	TPOX (0,370)	TH01 (0,592)				
107	116	166	311	310	173	310		310		10	AmpFISTR SGM Plus	Yok	D16S539/D3S1358 (0,919)	D2S1338 (0,968)	D3S1358 (0,473)	D21S11 (0,706)	D16S539 (0,086)	vWA (0,898)		
10	13	10	10	9	10	9		9		10	AmpFISTR Profiler Plus	Yok	D5S818 (0,895)	D18S51 (0,966)	D13S317 (0,469)	FGA (0,743)				
AmpFISTR SGM Plus	PowerPlex 16	AmpFISTR SGM Plus	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR SGM Plus	AmpFISTR Profiler Plus		AmpFISTR Profiler Plus		10	AmpFISTR Identifier	Yok	D3S1358 (0,907)	D2S1338/D18S51 (0,967)	TH01 (0,484)	FGA (0,803)	D18S51 (0,066)	FGA (0,755)		
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok		Yok		10	Yok	Yok	D3S1358 (0,907)	D2S1338/D18S51 (0,967)	TH01 (0,484)	FGA (0,803)	D18S51 (0,066)	FGA (0,755)		
D16S539 (0,902)	TPOX (0,835)	D3S1358 (0,907)		D5S818 (0,895)	D16S539/D3S1358 (0,919)	TPOX (0,661)		D5S818 (0,895)		10	AmpFISTR Identifier	Yok	D3S1358 (0,907)	D2S1338/D18S51 (0,967)	TH01 (0,484)	FGA (0,803)	D18S51 (0,066)	FGA (0,755)		
D18S51 (0,966)	Penta E (0,976)	D2S1338/D18S51 (0,967)		D18S51 (0,966)	D2S1338 (0,968)	vWA (0,796)		D18S51 (0,966)		10	Yok	Yok	D18S51 (0,966)	D2S1338 (0,968)	D3S1358 (0,473)	D21S11 (0,706)	D16S539 (0,086)	vWA (0,898)		
TH01 (0,522)	TPOX (0,246)	TH01 (0,484)		D13S317 (0,469)	D3S1358 (0,473)	TPOX (0,370)		D13S317 (0,469)		10	Yok	Yok	D13S317 (0,469)	D3S1358 (0,473)	TPOX (0,370)	TH01 (0,592)				
FGA (0,752)	FGA (0,736)	FGA (0,803)		FGA (0,743)	D21S11 (0,706)	TH01 (0,592)		FGA (0,743)		10	Yok	Yok	FGA (0,743)	D21S11 (0,706)	TH01 (0,592)					
	D5S818 (0,001)	D18S51 (0,066)			D16S539 (0,086)					10	Yok	Yok		D16S539 (0,086)						
	TH01 (0,503)	FGA (0,755)			vWA (0,898)					10	Yok	Yok		vWA (0,898)						
0,757-0,879	0,569-0,871	0,735-0,904		0,726-0,874	0,728-0,855	0,661-0,796				10	Yok	Yok								

**Çizelge 3.1.Devam. Türkiye’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri**

17	16	15	14	13	12	11	10	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALIZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
2015/2016	2014/2015	2014	2009/2010	2009	2006/2007	2004	2004	2004	Akdeniz Bölgesi (Bati)	108	10	AmpFISTR SGM Plus	Yok	D3S1358 (0,902)	D2S1338 (0,967)	D16S539 (0,510)	D21S11 (0,792)	-	-	0,750-0,898
Doğu Türkiye	İzmir	Kıbrıs	Bolu	7 farklı coğrafik bölge	Düzce	Adli Vakalar														
802	104	501	175	100	193	200	108													
15	13	-	16	10	15	9	10													
AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR SGM Plus	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR SGM Plus													
Yok	3 Jenerasyon	2 Jenerasyon	Yok	Yok	3 jenerasyon	Yok	Yok													
TPOX (0,840)	TPOX (0,851)		TPOX (0,772)	D3S1358 (0,9066)	CSF1PO (0,817)	D5S818 (0,891)	D3S1358 (0,902)													
D2S1338 (0,973)	D18S51 (0,966)	(0,969)	D18S51 (0,953)	TH01 (0,9656)	D2S1338 (0,962)	D18S51 (0,979)	D2S1338 (0,967)													
TPOX (0,388)	TPOX (0,635)	-	TPOX (0,258)	D3S1358 (0,5847)	D3S1358 (0,355)	D5S818 (0,512)	D16S539 (0,510)													
D2S1338 (0,701)	D18S51 (0,790)	-	D18S51 (0,790)	D2S1338 (0,7687)	D7S820 (0,762)	D18S51 (0,782)	D21S11 (0,792)													
D2S1338 (0,00867)	-	-	TPOX (0,0147)	D2S1338 (0,3033)	D7S820 (0,140)	FGA (0,027)	-													
D5S818 (0,91798)	-	-	vWA (0,0998)	D3S1358 (0,9512)	D21S11 (0,978)	D13S317 (0,583)	-													
0,67332-0,85287	0,686-0,868	%-89,4	0,567-0,900	0,77-0,89	0,65-0,883	0,735-0,860	0,750-0,898													

### 3.2. Afrika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2002 tarihinden 2014 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan otozomal STR çalışmalarından 16 tane makale değerlendirilmiştir. 16 makale; Angola, Fas, Gine Bissau, Libya, Mahreb, Mısır, Ruanda, Sudan, Tunus ve Uganda popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 16 makalede 18 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 52 ile 2975 arasında olup, ortalaması 454,06'dır.

Çalışmalarda 5 ile 17 arasında farklı otozomal STR kullanılmıştır. Çalışmaların 13'ünde (%72,2) AmpF1STR İdentifiler kiti kullanılmıştır. Çalışmaların 5'inde (%27,8) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 7'sinde (%38,9) 2 jenerasyona ve 4'ünde (%22,2) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 2'sinde (%11,1) de orjini belli olan bireyler kullanılmıştır.

5 (%27,8) farklı çalışmada D13S317 ve TPOX lokusları ayırım gücü en düşük olan lokuslar olarak belirtilmiştir. D18S51 lokusu ise 11 (%61,1) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 6 (%33,3) çalışmada TPOX lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. FGA lokusu ise 4 (%22,2) çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokustur. 3 (%16,7) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 4 (%22,2) çalışmada CSF1PO lokusu P değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. TH01 lokusu ise 4 (%22,2) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 1 (%5,6) çalışmada P değeri en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,6686244 ile 0,8788272 değerleri arasındadır.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Afrika Kıta'sındaki otozomal STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.2'de verilmiştir (Babiker ve ark., 2011; Beleza ve ark., 2004; Bentayebi ve ark., 2014; Cortellini ve ark., 2011; El ve ark., 2010; Galibar ve ark., 2012; Gomes ve ark., 2009; Gonçalves ve ark., 2002; Khodjet-el-khil ve ark., 2012; Mahfoudh-lahiani ve ark., 2006; Melo ve ark., 2010; Omran ve

ark., 2009; Ossmani ve ark., 2009; Oudray ve ark., 2007; Regueiro ve ark., 2004; Torfanelli ve ark., 2003).

**Çizelge 3.2.** Afrika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>
	2002	2002/2003	2003/2004	2004	2005/2006	2005/2007
<b>YIL</b>	Gine Bissau	Ruanda (Hutu etnik pop.)	Ruanda (Tutsi pop.)	Cabinda (Angola)	Tunus	Fas (Asni)
<b>BÖLGE</b>	100	52	2975	110	201	105
<b>BİREY SAYISI</b>	15	16	15	17	15	15
<b>STR</b>	PowerPlex 16	AmpFISTR Profiler ile AmpFISTR Cofiler	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier ile PowerPlex 16	AmpFISTR SGM Plus	AmpFISTR Identifier
<b>KIT</b>	Orjini Belli	Yok	Yok	Yok	Orjini Belli	3 Jenerasyon
<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	D13S317 (0,835)	D5S818 (0,8616)	D13S317 (0,8738412)	D13S317 (0,8583)	D3S1358 (0,8964)	D16S539 (0,864)
<b>PD (MİN)</b>	Penta E (0,983)	D18S51 (0,9682)	D2S1338 (0,980154)	Penta E (0,9798)	D18S51 (0,9725)	TPOX (0,964)
<b>PD (MAX)</b>	-	D5S818 (0,4534)	-	-	D8S1179 (0,4702)	D5S818 (0,096)
<b>PE (MİN)</b>	-	D18S51 (0,7331)	-	-	D2S1338/D18S51	TPOX (0,766)
<b>PE (MAX)</b>	CSF1PO (0,057)	CSF1PO (0,001)	D18S51 (0,0149)	D31358 (0,0609)	D8S1179 (0,0003)	D5S818 (0,096)
<b>P (MİN)</b>	vWA (0,960)	TH01 (0,912)	D21S11 (0,9483)	D19S433 (0,9861)	vWA (0,550)	TH01 (0,927)
<b>P (MAX)</b>	0,690-0,870	0,712-0,871	0,60344-0,87719	0,6182-0,8909	0,7263-0,8507	0,638-0,886
<b>H</b>						

**Çizelge 3.2.Devam. Afrika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri**

13	12	11	10	9	8	7	6	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KIT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
2011/2012	2011	2010	2009/2010	2008/2009	2008/2009	2008/2009	2005/2007													
Libya	Maghreb Bölgesi (Fas, Misir, Tunus)	Angola	Fas	Uganda	Mısır	Fas	Fas (Bouhria)													
99	95	480	201	218	265	204	104													
15	5	15	15	15	15	15	15													
AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR NGM	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler													
Jenerasyon	Yok	Jenerasyon	Jenerasyon	Yok	Jenerasyon	Jenerasyon	Jenerasyon													
CSF1PO (0,861)	D22S1045 (0,8981)	D13S317 (0,6742)	CSF1PO (0,865)	D13S317 (0,867)	TPOX (0,84)	CSF1PO (0,869)	TPOX (0,832)													
D18S51 (0,968)	D1S1656 (0,9702)	D2S1338 (0,8916)	D18S51 (0,967)	FGA (0,969)	D18S51 (0,974)	D18S51 (0,968)	D18S51 (0,967)													
TPOX (0,364)	D22S1045 (0,5273)	D13S317 (0,4234)	D5S818 (0,393)	D13S317 (0,383)	TPOX (0,37)	TPOX (0,400)	TPOX (0,334)													
FGA (0,773)	D1S1656 (0,7858)	D2S1338 (0,7810)	D16S539/ vWA	D2S1338 (0,728)	FGA (0,807)	D2S1338 (0,740)	FGA/D8S11 79 (0,764)													
CSF1PO (0,002)	D12S391 (0,0002)	D13S317 (0,0117)	TH01 (0,0000)	CSF1PO (0,004)	D18S51/ D5S818	TH01/ D2S1338/	D5S818 (0,000)													
TH01 (0,995)	D10S1248 (0,7365)	D18S51 (0,8461)	D2S1338 (0,853)	TH01 (0,942)	D2S11 (0,947)	D13S317 (0,376)	D8S1179 (0,875)													
0,657-0,889	0,6000-0,8737	0,6563- 0,8854	0,676- 0,853	0,670-0,867	0,660-0,906	0,681-0,873	0,635-0,885													

**Çizelge 3.2.Devam. Afrika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri**

		YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
16	2014	2012	Fas	320	15	AmpFISTR Identifiler	Jenerasyon	CSFIPO (0,855)	D18S51 (0,970)	TPOX (0,400)	TH01 (0,675)	-	-	0,730-0,838
15	2012	2012	Fas (Berberi)	75	15	AmpFISTR Identifiler	Jenerasyon	TPOX (0,855)	D18S51 (0,954)	D5S818 (0,379)	FGA (0,809)	D18S51 (0,046)	TPOX (0,450)	0,666-0,907
15	2012	2012	Fas (Arapça konuşanlar)	71	15	AmpFISTR Identifiler	Jenerasyon	TPOX (0,826)	D18S51 (0,957)	D5S818 (0,413)	FGA (0,798)	D18S51 (0,043)	TPOX (0,174)	0,732-0,901
14	2011/2012	2011/2012	Sudan (18 pop.)	498	15	AmpFISTR Identifiler	Jenerasyon	TPOX (0,874)	D18S51 (0,979)	TPOX (0,406)	D18S51 (0,785)	D8S1179 (0,005)	CSFIPO (0,955)	0,684-0,895

### 3.3. Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

1999 tarihinden 2015 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan otozomal STR çalışmalarından 40 tane makale değerlendirilmiştir. 40 makale; Bangladeş, Bengal, Bhutan, Birleşik Arap Emirlikleri, Filistin, Irak, İran, Japonya, Kore, Kuveyt, Lübnan, Malezya, Nepal, Pakistan, Tayland, Tayvan, Ürdün ve Vietnam popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 40 makalede 52 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 52 ile 1805 arasında olup, ortalaması 328,54'tür.

Çalışmalarda 3 ile 23 arasında farklı otozomal STR kullanılmıştır. Çalışmaların 15'inde (%28,8) AmpFISTR Identifiler kiti, 8'inde (%15,4) PowerPlex 16 kiti

kullanılmıştır. 5 (%9,6) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 47'sinde (%90,4) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 1'inde (%1,9) 2 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 1'inde (%1,9) orjini belli olan bireyler, 1'inde (%1,9) temsil eden bireyler, 1'inde (%1,9) yerli bireyler kullanılmışken 1'inde (%1,9) doğum ile ilgili bilgi verilmiştir.

27 (%51,9) çalışmada TPOX lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. Penta E lokusu ise 12 (%23,1) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 1 (%1,9) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 17 (%32,7) çalışmada TPOX lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D18S51 lokusu ise 9 (%17,3) çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokustur. 10 (%19,2) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 5 (%9,6) çalışmada TPOX ile D21S11 lokusları P değeri en düşük olan lokuslar olarak belirtilmiştir. D21S11 lokusu ise 6 (%11,5) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 8 (%15,4) çalışmada P değeri en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,5412608 ile 0,7766588 değerleri arasındadır. 1 (%1,9) çalışmada minimum ve maximum heterozigotite verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Asya Kıtası'ndaki (Çin ve Hindistan hariç) otozomal STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.3'te verilmiştir (Abu halima ve ark., 2009; Al-awadi ve ark., 2014; Alenizi ve ark., 2008, Alhmoudi ve ark., 2015; Alshamali ve ark., 2005; Asamura ve ark., 2007; Asamura ve ark., 2008; Barni ve ark., 2007; Bhoopat ve ark., 2006; Chouery ve ark., 2010; Ferdous ve ark., 2006; Ferdous ve ark., 2009; Ferdous ve ark., 2010; Fujii ve ark., 2014; Hadi ve ark., 2014; Halder ve Akhteruzzaman, 2006; Han ve ark., 2000; Hashiyada ve ark., 2003; Hedjazi ve ark., 2013; Hong ve ark., 2013; Hwa ve ark., 2011; Kee ve ark., 2011; Kraaijenbrink ve ark., 2007; Kraaijenbrink ve ark., 2007; Lahmi ve Vallian, 2009; Lee ve ark., 2010; Ota ve ark., 2012; Park ve ark., 2012; Park ve ark., 2013; Rakha ve ark., 2009; Rerkamnuaychoke ve ark., 2006; Shepard ve Herrera, 2006; Shimada ve ark., 2002; Shimada ve ark., 2002; Singh ve ark., 2006; Souto ve ark., 2005; Wang ve ark., 2003; Yasin ve ark., 2005; Yoo ve ark., 2011; Yoshida ve ark., 2003).

**Çizelge 3.3.** Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

6	5	4	3	2	1	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
2003	2003	2003	2002	2001/2002	1999/2000													
Tayvan	Kore	Japonya	Vietnam	Irak	Kore													
597	231	526	178	950	379													
15	15	17	16	11	9													
AmpFISTR SGM Plus ile AmpFISTR Profiler	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier ile PowerPlex 16	PowerPlex 16	AmpFISTR Profiler	AmpFISTR Profiler Plus													
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok													
D1S1627 (0,774)	TPOX (0,818)	TPOX (0,825)	TPOX (0,787)	TPOX (0,829)	D3S1358 (0,876)													
D2S1338 (0,968)	D2S1338 (0,965)	Penta E (0,914)	ACTBP2 (0,987)	ACTBP2 (0,993)	FGA (0,996)													
-	TPOX (0,298)	-	TPOX (0,306)	TPOX (0,336)	-													
-	D18S51 (0,744)	-	ACTBP2 (0,932)	ACTBP2 (0,879)	-													
D8S1179 (0,0166)	TPOX (0,032)	TPOX (0,523)	vWA (0,061)	D7S820 (0,065)	D5S818 (0,445)													
D3S1358 (0,8808)	D16S539 (0,963)	Penta E (0,627)	D16S539 (0,953)	D13S317 (0,723)	D21S11 (0,954)													
0,544-0,873	0,606- 0,874	0,646- 0,914	0,612- 0,966	0,636- 0,941	0,728- 0,871													

**Çizelge 3.3.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

7	7	7	7	7	7	7
2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005
Dubai (Yemen)	Dubai (Südi Arabistan)	Dubai (İran)	Dubai (Dubai)	Dubai (Dubai)	Dubai (Dubai)	Dubai (Dubai)
101	94	93	224	224	224	224
13	13	13	13	13	13	13
AmpFISTR Identifiler ile AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR Identifiler ile AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR Identifiler ile AmpFISTR Profiler	AmpFISTR Identifiler ile AmpFISTR Profiler	AmpFISTR Identifiler ile AmpFISTR Profiler	AmpFISTR Identifiler ile AmpFISTR Profiler	AmpFISTR Identifiler ile AmpFISTR Profiler
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
TPOX (0,847)	D21S11 (0,816)	TPOX (0,795)	TPOX (0,846)	TPOX (0,846)	TPOX (0,846)	TPOX (0,846)
D18S51 (0,959)	D18S51 (0,959)	D18S51 (0,960)	D18S51 (0,971)	D18S51 (0,971)	D18S51 (0,971)	D18S51 (0,971)
CSFIPO/TPOX (0,434)	D21S11 (0,401)	TPOX (0,398)	TPOX (0,449)	TPOX (0,449)	TPOX (0,449)	TPOX (0,449)
D18S51 (0,730)	D18S51 (0,721)	D18S51 (0,748)	D18S51 (0,757)	D18S51 (0,757)	D18S51 (0,757)	D18S51 (0,757)
vWA (0,004)	D5S818 (0,078)	D18S51 (0,113)	TH01 (0,013)	TH01 (0,013)	TH01 (0,013)	TH01 (0,013)
D13S317 (0,876)	vWA (0,677)	D21S11 (0,923)	D3S1358 (0,968)	D3S1358 (0,968)	D3S1358 (0,968)	D3S1358 (0,968)
0,178- 0,416	0,138- 0,330	0,075- 0,301	0,134- 0,317	0,134- 0,317	0,134- 0,317	0,134- 0,317

**Çizelge 3.3.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

8	7	7	7	7	7	7	7	7	7	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	Dubai (Oman)	79	13	AmpFISTR Identifiler ile AmpFISTR Profiler Plus	Yok	CSF1PO (0,839)	D18S51 (0,957)	CSF1PO (0,464)	D18S51 (0,737)	vWA (0,012)	D5S818 (0,636)	0,101- 0,329
Doğu Timor	Dubai (Kuzey Araplar)	Dubai (Bangladeş)	Dubai (Pakistan)	Dubai (Hindistan)	Dubai (Kuzey Araplar)	Dubai (Pakistan)	Dubai (Hindistan)	Dubai (Kuzey Araplar)	Dubai (Hindistan)	Dubai (Kuzey Araplar)	Dubai (Hindistan)	148	9	-	Yok	D5S818 (0,864)	D21S11 (0,963)	D5S818 (0,466)	FGA (0,723)	D3S1358 (0,022)	D21S11 (0,918)	0,142- 0,250
185	100	156	220	148	100	220	148	100	148	100	148	79	9	-	Yok	D5S818 (0,887)	FGA (0,965)	D5S818 (0,502)	FGA (0,729)	D3S1358 (0,938)	0,186- 0,277	
15	9	13	9	9	9	9	9	9	9	9	9	13	9	-	Yok	D5S818 (0,887)	FGA (0,965)	D5S818 (0,502)	FGA (0,729)	D3S1358 (0,938)	0,186- 0,277	
AmpFISTR Identifiler	-	AmpFISTR Identifiler ile AmpFISTR Profiler Plus	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Yok	D5S818 (0,887)	FGA (0,965)	D5S818 (0,502)	FGA (0,729)	D3S1358 (0,938)	0,186- 0,277	
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	D5S818 (0,887)	FGA (0,965)	D5S818 (0,502)	FGA (0,729)	D3S1358 (0,938)	0,186- 0,277	
TPOX (0,848)	D5S818 (0,875)	TPOX (0,852)	D5S818 (0,887)	D5S818 (0,864)	D5S818 (0,887)	D5S818 (0,887)	D5S818 (0,864)	D5S818 (0,887)	D5S818 (0,864)	D5S818 (0,887)	D5S818 (0,864)	D5S818 (0,864)	D5S818 (0,864)	D5S818 (0,864)	Yok	D5S818 (0,887)	FGA (0,965)	D5S818 (0,502)	FGA (0,729)	D3S1358 (0,938)	0,186- 0,277	
D18S51 (0,966)	D18S51 (0,961)	D21S11 (0,959)	FGA (0,965)	D21S11 (0,963)	FGA (0,965)	FGA (0,965)	D21S11 (0,963)	FGA (0,965)	D21S11 (0,963)	FGA (0,965)	D21S11 (0,963)	D21S11 (0,963)	D21S11 (0,963)	D21S11 (0,963)	Yok	D21S11 (0,963)	D21S11 (0,963)	D21S11 (0,963)	D21S11 (0,963)	D21S11 (0,963)	D21S11 (0,963)	
D5S818 (0,443)	D5S818 (0,524)	TPOX (0,469)	D5S818 (0,502)	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,502)	D5S818 (0,502)	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,502)	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,502)	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,466)	Yok	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,466)	D5S818 (0,466)	
FGA/ D8S1179 (0,769)	D18S51 (0,740)	FGA (0,711)	FGA (0,729)	FGA (0,723)	FGA (0,729)	FGA (0,729)	FGA (0,723)	FGA (0,729)	FGA (0,723)	FGA (0,729)	FGA (0,723)	FGA (0,723)	FGA (0,723)	FGA (0,723)	Yok	FGA (0,723)	FGA (0,723)	FGA (0,723)	FGA (0,723)	FGA (0,723)	FGA (0,723)	
TPOX (0,014)	D5S818 (0,004)	D7S820 (0,046)	D21S11 (0,008)	D3S1358 (0,022)	D21S11 (0,008)	D21S11 (0,008)	D3S1358 (0,022)	D21S11 (0,008)	D3S1358 (0,022)	D21S11 (0,008)	D3S1358 (0,022)	D3S1358 (0,022)	D3S1358 (0,022)	D3S1358 (0,022)	Yok	D3S1358 (0,022)	D3S1358 (0,022)	D3S1358 (0,022)	D3S1358 (0,022)	D3S1358 (0,022)	D3S1358 (0,022)	
D16S539 (0,901)	D13S317 (0,948)	D5S818 (0,982)	D3S1358 (0,938)	D21S11 (0,918)	D3S1358 (0,938)	D3S1358 (0,938)	D21S11 (0,918)	D3S1358 (0,938)	D21S11 (0,918)	D3S1358 (0,938)	D21S11 (0,918)	D21S11 (0,918)	D21S11 (0,918)	D21S11 (0,918)	Yok	D21S11 (0,918)	D21S11 (0,918)	D21S11 (0,918)	D21S11 (0,918)	D21S11 (0,918)	D21S11 (0,918)	
0,710- 0,887	0,120- 0,270	0,141- 0,314	0,186- 0,277	0,142- 0,250	0,186- 0,277	0,186- 0,277	0,142- 0,250	0,186- 0,277	0,142- 0,250	0,186- 0,277	0,142- 0,250	0,142- 0,250	0,142- 0,250	0,142- 0,250	Yok	0,142- 0,250	0,142- 0,250	0,142- 0,250	0,142- 0,250	0,142- 0,250	0,142- 0,250	

**Çizelge 3.3.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

13	12	11	10	10	10	10	10	9	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H	
2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	TPOX (0,700)	D13S317 (0,848)	Penta E (0,978)	D3S1358 (0,359)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
Tayland	Tayland	İran	Bengal (Maheli)	Bengal (Karmali)	Bengal (Kora)	Bengal (Lodha)	Bengal (Lodha)	Ürdün	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
210	545	150	98	102	118	198	198	95	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
15	9	15	15	15	15	15	15	15	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
AmpFISTR Identifiler	Monoplex	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	PowerPlex 16	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
Yok	Yok	2 Jenerasyon	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
TPOX (0,788)	LPL (0,700)	TPOX (0,8223)	-	CSFIPO (0,34)	CSFIPO (0,638)	TH01 (0,522)	TH01 (0,522)	D13S317 (0,848)	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
FGA (0,967)	D8S1179 (0,957)	D2S1338 (0,9680)	-	FGA (0,722)	FGA (0,864)	D21S11 (0,864)	D21S11 (0,864)	Penta E (0,978)	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
TPOX (0,285)	LPL (0,189)	CSFIPO (0,4180)	-	CSFIPO (0,454)	CSFIPO (0,34)	TH01 (0,241)	TH01 (0,241)	D3S1358 (0,359)	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
D2S1338 (0,757)	D8S1179 (0,737)	D8S1179 (0,66987147)	-	D2S1338 (0,695)	FGA (0,722)	D21S11 (0,864)	D21S11 (0,864)	FGA (0,893)	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
D21S11 (0,0445)		D21S11 (0,1528)	-	-	-	-	-	FGA (0,893)	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
D7S820 (0,9858)		CSFIPO (0,9863)	-	-	-	-	-	FGA (0,893)	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947
%0,5952-0,8810	0,501-0,871	0,7000-0,8600	0,674-0,918	0,588-0,902	0,610-0,932	0,556-0,909	0,556-0,909	0,653-0,947	2005	Tayland	545	9	Monoplex	Yok	LPL (0,700)	TH01 (0,522)	D21S11 (0,864)	TH01 (0,241)	FGA (0,893)	Penta D (0,023)	D21S11 (0,997)	0,653-0,947

**Çizelge 3.3.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

19	18	17	16	15	14	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
2006/2007	2006/2007	2006	2006	2005/2007	2005/2007	2005/2007	Irak	103	15	AmpFISTR Identifiler	Orjini Belli	TPOX (0,811)	D18S51 (0,963)	-	-	vWA (0,058)	TH01 (0,936)	0,621- 0,881
Japonya	Bhutan	Bangladeş	Bangladeş	Nepal														
411	936	52	211	953														
8	21	3	10	21														
-	AmpFISTR Identifiler, PowerPlex 16 ile FFFL	GenePrint Silver STR III System	AmpFISTR SGM Plus	AmpFISTR Identifiler, PowerPlex 16 ile FFFL														
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok														
D21S1437 (0,851)	F13B (0,6905)	D16S539 (0,923)	D3S1358 (0,885)	F13B (0,7541)														
D1S1177 (0,955)	Penta E (0,9836)	D13S317 (0,931)	FGA (0,962)	D19S433 (0,9847)														
D21S1437 (0,335)	LPL (0,1635)	D7S820 (0,543)	D3S1358 (0,549)	LPL (0,2161)														
D1S1177 (0,688)	Penta E (0,7468)	D16S539 (0,687)	FGA (0,758)	D19S433 (0,7471)														
D3S1545 (0,063)	FGA/TPOX (0,0000)	D13S317 (0,433)	D18S51 (0,022)	TPOX (0,0010)														
D1S1177 (0,941)	F13A01 (0,7743)	D7S820 (0,868)	TH01 (0,919)	D16S539 (0,6676)														
0,635- 0,847	0,4712- 0,8761	0,769- 0,846	0,773- 0,882	0,5310-0,8762														

**Çizelge 3.3.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	<b>27</b>	<b>27</b>	<b>26</b>	<b>25</b>	<b>24</b>	<b>23</b>	<b>22</b>	<b>21</b>	<b>20</b>	<b>YIL</b>	<b>BÖLGE</b>	<b>BİREY SAYISI</b>	<b>STR</b>	<b>KİT</b>	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	<b>PD (MİN)</b>	<b>PD (MAX)</b>	<b>PE (MİN)</b>	<b>PE (MAX)</b>	<b>P (MİN)</b>	<b>P (MAX)</b>	<b>H</b>	
	2010	2010	2009/2010	2009	2008/2009	2008/2009	2008/2009	2008	2008	2008	Japonya	252	10	AmpFISTR	Yok	D21S226 (0,623)	D12S1090 (0,976)	D21S226 (0,122)	D14S608 (0,749)	D19S253 (0,0660)	D22S689 (0,8754)	0,413- 0,877	
	Bangladeş (Tripura)	Bangladeş (Chakma)	Kore	İran (İsfahan pop.)	Pakistan	Filistin	Bangladeş	Kuveyt						AmpFISTR SGM Plus	Yok	TPOX (0,776)	D2S1338 (0,964)	TPOX (0,248)	D2S1338/ D19S433	D8S1179 (0,03)	CSF1PO (0,948)		
	58	109	200	127	328	125	148	502						PowerPlex 16	Yok	Penta E (0,868)	Penta E (0,980)	Penta E (0,372)	Penta E (0,862)	Penta E (0,015)	TPOX (0,955)		
	10	10	3	6	15	15	15	15						Multiplex	Doğum ile ilgili bilgi	TPOX (0,853)	Penta E (0,976)	TPOX (0,364)	D18S51 (0,820)	D8S1179 (0,005)	D8S1179 (0,865)		
	AmpFISTR SGM Plus	AmpFISTR SGM Plus		-	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	AmpFISTR R							Yok	CSF1PO (0,841)	Penta E (0,981)	TPOX (0,339)	Penta E (0,783)	D21S11 (0,00829)	CSF1PO (0,865)		
	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok								TPOX (0,902)	Penta E (0,965)	TPOX (0,501)	D21S1179/ D18S51 (0,888)	HRPTB/ D16S539	F13B (0,91)		
	TH01 (0,722)	TH01 (0,776)	D21S1435 (0,902)	D16S539 (0,913)	TPOX (0,841)	CSF1PO (0,853)	TPOX (0,868)	TPOX (0,791)								D21S1435 (0,9665)	F13B (0,926)						
	FGA (0,960)	FGA (0,968)	D21S1412 (0,9665)	F13B (0,926)	Penta E (0,981)	Penta E (0,976)	Penta E (0,980)	D2S1338 (0,964)								D21S1412 (0,9665)							
	TH01 (0,237)	TH01 (0,265)	D21S1435 (0,501)	-	TPOX (0,339)	TPOX (0,364)	TPOX (0,372)	TPOX (0,248)								D21S1435 (0,501)							
	D8S1179/ D18S51	D18S51 (0,888)	D21S1412 (0,695)	-	Penta E (0,783)	D18S51 (0,820)	Penta E (0,862)	D2S1338/ D19S433								D21S1412 (0,695)							
	D21S11 (0,042)	FGA (0,001)	D21S1435 (0,611)	HRPTB/ D16S539	D21S11 (0,00829)	Penta E (0,005)	Penta E (0,015)	D8S1179 (0,03)								D21S11 (0,611)							
	D3S1358 (0,933)	D16S539 (0,991)	D21S1411 (0,997)	F13B (0,91)	D18S51 (0,59811)	D8S1179 (0,865)	TPOX (0,955)	CSF1PO (0,948)								D21S1411 (0,997)							
	0,551-0,896	0,578-0,944	0,745-0,850	0,72-0,78	0,635- 0,897	0,656- 0,912	0,6622- 0,9342	0,563- 0,875															

**Çizelge 3.3.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

35	34	33	32	31	30	29	28	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H	
2012/2013	2012/2013	2012	2012	2010/2011	2010/2011	2010/2011	2010	2010	Lübnan	192	17	PowerPlex 16	Yok	TPOX (0,829)	Penta E (0,980)	TPOX (0,293)	Penta E (0,808)	D3S1358 (0,014)	D19S433 (0,838)	0,602-0,906	
Kore	İran	Nepal	Kore	Tayvan	Malezya	Kore	Lübnan	2010/2011	Malezya	154	15	PowerPlex 16	Yok	TPOX (0,721)	Penta E (0,968)	TPOX (0,211)	Penta E (0,787)	D3S1358 (0,052)	D19S433 (0,838)	0,602-0,906	
526	100	233	199	572	154	1805	192	2010/2011	Malezya	154	15	PowerPlex 16	Yok	TPOX (0,721)	Penta E (0,968)	TPOX (0,211)	Penta E (0,787)	D3S1358 (0,052)	D19S433 (0,838)	0,602-0,906	
23	15	15	15	14	15	15	17	2010/2011	Tayvan	572	14	Multiplex	Yok	D18S536 (0,6858)	Penta E (0,9168)	D18S536 (0,4466)	Penta E (0,8389)	D22S683 (0,0043)	D3S1744 (0,9522)	0,6871-0,8986	
AmpFISTR Identifier, PowerPlex 16 ile PowerPlex ES Monoplex System SE33	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier	PowerPlex 16	Multiplex	PowerPlex 16	AmpFISTR Identifier	PowerPlex 16	PowerPlex 16 ile PowerPlex ES Monoplex System SE33	Tayvan	572	14	Multiplex	Yok	D18S536 (0,6858)	Penta E (0,9168)	D18S536 (0,4466)	Penta E (0,8389)	D22S683 (0,0043)	D3S1744 (0,9522)	0,6871-0,8986	
Yok	Yerli	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Tayvan	572	14	Multiplex	Yok	D18S536 (0,6858)	Penta E (0,9168)	D18S536 (0,4466)	Penta E (0,8389)	D22S683 (0,0043)	D3S1744 (0,9522)	0,6871-0,8986	
TPOX (0,8115)	TPOX (0,836)	TPOX (0,8489)	TPOX (0,836)	D18S536 (0,6858)	TPOX (0,721)	TPOX (0,8043)	TPOX (0,829)	TPOX (0,8115)	Tayvan	572	14	Multiplex	Yok	D18S536 (0,6858)	Penta E (0,9168)	D18S536 (0,4466)	Penta E (0,8389)	D22S683 (0,0043)	D3S1744 (0,9522)	0,6871-0,8986	
SE33 (0,9910)	FGA (0,965)	FGA (0,9717)	Penta E (0,985)	Penta E (0,9168)	Penta E (0,968)	D2S1338 (0,9699)	Penta E (0,980)	SE33 (0,9910)	Tayvan	572	14	Multiplex	Yok	Penta E (0,9168)	D2S1338 (0,9699)	-	-	D3S1358 (0,0206)	D19S433 (0,838)	0,6277-0,8659	
TPOX (0,3503)	TPOX (0,355)	TH01 (0,4546)	TH01 (0,268)	D18S536 (0,4466)	TPOX (0,211)	-	TPOX (0,293)	TPOX (0,3503)	Tayvan	572	14	Multiplex	Yok	D18S536 (0,4466)	-	-	-	-	D3S1358 (0,0206)	D19S433 (0,838)	0,6277-0,8659
SE33 (0,9189)	D2S1338 (0,751)	FGA (0,7631)	Penta E (0,764)	Penta E (0,8389)	Penta E (0,787)	-	Penta E (0,808)	SE33 (0,9189)	Tayvan	572	14	Multiplex	Yok	Penta E (0,8389)	-	-	-	-	D3S1358 (0,0206)	D19S433 (0,838)	0,6277-0,8659
-	D13S317 (0,0458)	D16S539 (0,0015)	D1S317 (0,0000)	D22S683 (0,0043)	Penta E (0,052)	D3S1358 (0,0206)	D3S1358 (0,014)	-	Tayvan	572	14	Multiplex	Yok	D22S683 (0,0043)	D3S1358 (0,0206)	D3S1358 (0,014)	D3S1358 (0,014)	D3S1358 (0,014)	D3S1358 (0,014)	D3S1358 (0,014)	0,6277-0,8659
-	D21S11 (0,9154)	FGA (0,8172)	CSF1PO (0,944)	D3S1744 (0,9522)	D18S51 (0,780)	D18S51 (0,8097)	D19S433 (0,838)	-	Tayvan	572	14	Multiplex	Yok	D3S1744 (0,9522)	D18S51 (0,8097)	D18S51 (0,8097)	D18S51 (0,8097)	D18S51 (0,8097)	D18S51 (0,8097)	D18S51 (0,8097)	0,6277-0,8659
-	0,6500-0,8783	0,7167-0,8841	%58,0-88,4	0,6871-0,8986	0,526-0,896	0,6277-0,8659	0,602-0,906	-	Tayvan	572	14	Multiplex	Yok	0,6871-0,8986	0,526-0,896	0,6277-0,8659	0,602-0,906	0,6277-0,8659	0,6277-0,8659	0,6277-0,8659	0,6277-0,8659

**Çizelge 3.3.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

40	39	38	37	36	
YIL	YIL	YIL	YIL	YIL	YIL
BİRLEŞİK ARAP EMİRLİKLERİ	JAPONYA	IRAK	IRAK	KORE	BÖLGE
519	1501	139	400	452	BİREY SAYISI
21	22	15	20	23	STR
AMPFISTR GLOBALFİLER	POWERPLEX FUSION	AMPFISTR IDENTİFİLER	POWERPLEX 21	AMPFISTR IDENTİFİLER, POWERPLEX ESX 17 İLE POWERPLEX 16	KİT
YOK	YOK	YOK	TEMSİL EDEN	YOK	KÖKEN ANALİZİ
TPOX (0,85)	TPOX (0,8167)	TPOX (0,85)	TPOX (0,756)	TPOX (0,802)	PD (MİN)
SE33 (0,993)	Penta E (0,9852)	D2S1338/ D18S51/	D21S11 (0,969)	Penta E (0,986)	PD (MAX)
-	-	TPOX (0,39)	-	TPOX (0,304)	PE (MİN)
-	-	D21S11 (0,964)	-	SE33 (0,882)	PE (MAX)
-	D18S51 (0,0241)	-	TPOX (0,267)	D2S1338 (0,049)	P (MİN)
-	D7S820 (0,9902)	-	D21S11 (0,48)	D13S317 (0,975)	P (MAX)
0,65-0,92	0,6389-0,9014	0,1223-0,2878	0,628-0,841	0,611-0,923	H

### 3.4. Çin’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2002 tarihinden 2016 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan otozomal STR çalışmalarından 46 tane makale değerlendirilmiştir. 46 makale; Bai, Changdu, Dong, Dongxiang, Fujian, Guangdong, Guanzhong, Han, Hui, Kazak, Liaoning, Manchu, Miao, Mongol, Naqu, Ningxia, Rus, Salar, Shanghai, Shantou, She, Sichuan, Tibet, Tu, Tujia, Uygur, Xibe Xibo Yi ve Zhejiang popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 46 makalede 49 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 80 ile 7636 arasında olup, ortalaması 733,98’dir.

Çalışmalarda 4 ile 38 arasında farklı otozomal STR kullanılmıştır. Çalışmaların 18’inde (%36,7) AmpFlSTR Identifiler kiti, 11’inde (%22,4) AGCU 21+1 kiti kullanılmıştır. 4 (%8,2) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 29’unda (%59,2) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 1’inde (%2,0) 2 jenerasyona ve 17’sinde (%34,7) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 1’inde (%2,0) doğum ile bilgi verilmişken, 1’inde (%2,0) orjini belli olan bireyler kullanılmıştır.

26 (%53,1) çalışmada TPOX lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D19S433 lokusu ise 13 (%26,5) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 18 (%36,7) çalışmada TPOX lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D18S51, D19S433 ve D2S1338 lokusları 6 (%12,2) farklı çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokuslardır. 8 (%16,3) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve 7 (%14,3) çalışmada en düşük lokuslar verilmemiştir. 2 (%4,1) farklı çalışmada D10S1435, D13S317, D16S539, D1S1627, D22S1045, D2S1338, D5S2500, D6S1043, D7S820 ile TPOX lokusları P değeri en düşük olan lokuslar olarak belirtilmiştir. TPOX lokusu ise 4 (%8,2) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 13 (%26,5) çalışmada P değeri en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir.

Heterozigotluk ortalama 0,5721043 ile 0,8049681 deęerleri arasındadır. 2 (%4,1) alıřmada minimum ve maximum heterozigotite verilmemiřtir.

alıřmaya dahil edilen poplasyon genetięi alanında in'deki otozomal STR makalelerinin zetleri izelge 3.4'te verilmiřtir (Bo-feng ve ark., 2008; Cai ve ark., 2003; Chen ve ark., 2009; Chen ve ark., 2015; Deng ve ark., 2007; Deng ve ark., 2007; Deng ve ark., 2007; Deng ve ark., 2011; Dong ve ark., 2010; Gao ve ark., 2014; He ve Guo, 2013; Huang Lu ve ark., 2011; Li ve ark., 2009; Li ve ark., 2015a; Li ve ark., 2015b; Liu ve ark., 2011; Liu ve ark., 2013; Longli ve ark., 2007; Meng ve ark., 2015; Shen ve ark., 2013; Souto ve ark., 2005; Teng ve ark., 2012; Tong ve ark., 2013; Wang ve ark., 2003; Wang ve ark., 2003; Wang ve ark., 2005; Wang ve ark., 2013; Wang ve ark., 2013; Wu ve ark., 2012; Wu Wang ve ark., 2008; Yuan ve ark., 2012; Yuan ve ark., 2012; Yuan ve ark., 2014; Yuan ve ark., 2014; Yuan ve ark., 2016; Zhang ve ark., 2007; Zhang ve ark., 2013; Zhang ve ark., 2015; Zhang ve ark., 2015; Zhang, 2015; Zhang, 2015; Zhu ve ark., 2008; Zhu ve ark., 2009; Zhu ve ark., 2010; Zhu ve ark., 2011; Zhu ve ark., 2013).

**izelge 3.4.** in'de Yapılan Otozomal STR alıřmalarının zetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
<b>1</b>	2002/2003	in	300	12	AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Green I PCR	Yok	TPOX (0,813)	FGA (0,965)	-	-	FGA (0,563)	D3S1358 (0,968)	0,642- 0,857
<b>2</b>	2002/2003	Shantou Bölgesi	132	10	AmpFISTR SGM Plus	Doęum ile ilgili bilgi	TH01 (0,834)	D18S51 (0,961)	TH01 (0,403)	D18S51 (0,723)	D19S433 (0,034)	D21S11 (0,913)	0,091- 0,371

**Çizelge 3.4. Devam.** Çin’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

8	7	7	6	6	5	4	3	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MIN)	PD (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
2006/2008	2006/2007	2006/2007	2006/2007	2006/2007	2006/2007	2006/2007	2003/2005	2003	Han pop.	2211	13	AmpFISTR Profiler Plus	Yok	TPOX (0,8023)	D18S51 (0,9648)	TPOX (0,3702)	D18S51 (0,7211)	-	-	0,8023- 0,9648
Tu etnik pop.	Salar	Dongxiang	Naqu	Changdu	Sichuan Bölgesi	Han pop.	Han pop.													
151	98	80	118	100	200	203	203													
15	15	15	15	15	15	15	15													
AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Identifier													
3 Jenerasyon	3 Jenerasyon	3 Jenerasyon	Yok	Yok	3 Jenerasyon	2 Jenerasyon	2 Jenerasyon													
TPOX (0,7736)	TPOX (0,8044)	TPOX (0,7856)	TPOX (0,7612)	TH01 (0,7919)	TPOX (0,736)	TPOX (0,8089)	TPOX (0,8023)													
D18S51/ D2S1338	D18S51 (0,9687)	FGA (0,9556)	D18S51 (0,9710)	vWA (0,9993)	Penta E (0,983)	D18S51 (0,9662)	D18S51 (0,9648)													
TPOX (0,4067)	TPOX (0,4930)	TPOX (0,4380)	TPOX (0,3693)	TPOX (0,4471)	TPOX (0,246)	-	TPOX (0,3702)													
D18S51 (0,8454)	D18S51 (0,8824)	FGA (0,8366)	FGA (0,9619)	D13S317 (0,9780)	Penta E (0,826)	-	D18S51 (0,7211)													
D7S820 (0,1283)	D3S1358 (0,1372)	TH01 (0,1194)	D18S51 (0,9954)	TPOX (0,9955)	D5S818 (0,140)	-	-													
D18S51 (0,8853)	FGA (0,8634)	D5S818 (0,8945)	FGA/ D2S1338/	FGA/vWA (0,9999)	TPOX (0,985)	-	-													
0,6340- 0,9189	0,6939- 0,9184	0,6500- 0,9474	0,6197- 0,8897	0,6113- 0,8624	0,560- 0,915	0,6363- 0,8697	0,8023- 0,9648													

**Çizelge 3.4. Devam.** Çin’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

15	14	13	12	11	10	9	YIL
2008/2009	2008/2009	2008/2009	2007/2008	2007/2008	2007/2008	2007	2007
Zhejiang Bölgesi	Han pop.	Shanghai	Yi etnik pop.	Han pop.	Liaoning Bölgesi	Han etnik pop.	BÖLGE
598	5000	1000	120	446	358	7636	BİREY SAYISI
15	15	17	15	15	15	15	STR
AmpFISTR Identifiler	PowerPlex 16	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	KİT
Yok	Yok	3 Jenerasyon	3 Jenerasyon	3 Jenerasyon	Orjini Belli	Yok	KÖKEN ANALİZİ
TPOX (0,797)	TPOX (0,778)	TPOX (0,8014)	TPOX (0,7861)	TPOX (0,7991)	TPOX (0,8216)	TH01/TPOX	PD (MİN)
D2S1338 (0,966)	Penta E (0,985)	Penta E (0,9656)	FGA (0,9664)	D18S51 (0,9623)	D8S1179 (0,9580)	D2S1338 (0,8639)	PD (MAX)
TPOX (0,306)	TPOX (0,282)	TPOX (0,3699)	TPOX/D3S1358	TPOX (0,3169)	TPOX (0,3375)	TH01/TPOX	PE (MİN)
D2S1338 (0,765)	Penta E (0,803)	Penta E (0,7325)	D2S1338 (0,7280)	D18S51 (0,7346)	D8S1179/FGA	D2S1338 (0,7378)	PE (MAX)
-	vWA (0,0617)	-	D8S1179 (0,1986)	D7S820 (0,0881)	-	D2S1338 (0,1471)	P (MİN)
-	D16S539 (0,7546)	-	D5S818 (0,8760)	CSF1PO (0,9937)	-	TPOX (0,8353)	P (MAX)
-	0,592-0,904	0,6287-0,8688	0,6417-0,8667	0,1300-0,3789	0,6369-0,8520	0,1385-0,3833	H

**Çizelge 3.4. Devam.** Çin’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti

24	23	22	21	20	19	18	17	16	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ
2011/2012	2011	2010/2012	2010/2011	2010/2011	2010	2010	2010	2009/2010						
Han pop.	Xibo pop.	Salar etnik	Tibet etnik pop.	Hui etnik pop.	Uygur etnik pop.	Rus pop.	Han etnik pop.	Han pop.						
220	150	120	104	2975	500	148	231	506						
21	6	21	21	15	15	15	15	9						
AGCU 21+1	-	AGCU 21+1	AGCU 21+1	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Sinofiler	Multiplex						
Yok	3 Jenerasyon	Var (3 jen.)	3 Jenerasyon	3 Jenerasyon	Yok	3 Jenerasyon	Yok	Yok						
D1S1627 (0,762)	TPOX (0,823)	D1S1627 (0,793)	D1S1627 (0,727)	TPOX (0,6168)	TPOX (0,829)	TPOX (0,7605)	D3S1358 (0,8769)	D13S325 (0,9290)						
D19S433 (0,948)	D13S317 (0,929)	D19S433 (0,937)	D19S433 (0,926)	D2S1338 (0,8640)	D2S1338 (0,970)	D18S51 (0,9649)	D6S1043 (0,9698)	D6S1043 (0,9727)						
-	TPOX (0,316)	D1S1627 (0,253)	D1S1627 (0,310)	TH01 (0,4646)	TPOX (0,346)	TH01/ TPOX (0,2765)	D3S1358 (0,4507)	-						
-	D16S539 (0,617)	D19S433 (0,711)	D11S4463 (0,6698)	D5S818 (0,9842)	D2S1338 (0,721)	D18S51 (0,7927)	D2S1338 (0,7875)	-						
D22S1045 (0,0000)	D13S317 (0,142)	D3S4529 (0,083)	D5S2500 (0,022)	CSF1PO (0,0811)	D16S539 (0,256)	D2S1338 (0,0653)	D6S1043 (0,0223)	D11S2368 (0,0310)						
D5S2500 (0,9969)	TPOX (0,786)	D20S482 (0,989)	D2S1776 (0,919)	FGA (0,4487)	FGA (0,899)	TPOX (0,9165)	D5S818 (0,8544)	D8S1132 (0,5590)						
0,591-0,786	0,645-0,865	0,567-0,858	0,615-0,817	0,6119-0,8814	-	0,5901-0,8757	0,7143-0,8961	0,1245-0,1957						

**Çizelge 3.4. Devam.** Çin’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti

	<b>32</b>	<b>31</b>	<b>30</b>	<b>29</b>	<b>28</b>	<b>27</b>	<b>26</b>	<b>25</b>	<b>25</b>	<b>YIL</b>
	2012/2013	2012/2013	2012/2013	2012/2013	2012/2013	2012/2013	2012	2012	2012	
	Ningxia Han pop.	Shanghai Han pop.	Manchu pop.	Han pop.	Bai etnik pop.	Rus etnik pop.	Tujia etnik pop.	She pop.	Han pop.	<b>BÖLGE</b>
	202	484	212	1161	106	114	107	110	110	<b>BİREY SAYISI</b>
	21	12	15	19	21	21	21	4	4	<b>STR</b>
	AGCU 21+1	AmpFISTR Sinofiler	Goldeneye 16A	Goldeneye DNA ID System 20A	AGCU 21+1	AGCU 21+1	AGCU 21+1	-	-	<b>KİT</b>
	Yok	Yok	Yok	Yok	3 Jenerasyo	3 Jenerasyo	Yok	Yok	Yok	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>
	D1S1627 (0,772)	D2S1360 (0,8193)	TH01 (0,7965)	TPOX (0,7836)	D1GATA 113	D1S1627 (0,7342)	D1S1627 (0,773)	D2S1446 (0,810)	D2S1446 (0,813)	<b>PD (MİN)</b>
	D19S433 (0,937)	SE33 (0,9937)	Penta E (0,9811)	Penta E (0,9851)	D19S433 (0,936)	D19S433 (0,9354)	D19S433 (0,945)	D18S535 (0,943)	D18S535 (0,929)	<b>PD (MAX)</b>
	D1S1627 (0,235)	-	TH01 (0,2371)	-	D1S1627 (0,252)	D1S1627 (0,2972)	D1S1627 (0,257)	D2S1446 (0,280)	D2S1446 (0,349)	<b>PE (MİN)</b>
	D11S4463 (0,566)	-	Penta E (0,8263)	-	D19S433 (0,603)	D10S1248 (0,6287)	D22S1045 (0,641)	D18S535/ D18S865 (0,668)	D18S865 (0,668)	<b>PE (MAX)</b>
	-	D4S2366 (0,0545)	-	TPOX (0,1037)	D14S1434 (0,017)	D22S1045 (0,0246)	D5S2500 (0,120)	-	-	<b>P (MİN)</b>
	-	SE33 (0,9685)	-	vWA (0,9054)	D6S1917 (0,993)	D6S1017 (0,9520)	D1S1677 (0,961)	-	-	<b>P (MAX)</b>
	0,550-0,782	0,5868-0,9298	0,5519-0,9151	0,6072-0,9070	0,566-0,802	0,6053-0,8158	0,570-0,822”	0,595-0,773	0,645-0,836	<b>H</b>

**Çizelge 3.4. Devam.** Çin’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti

40	39	38	37	36	35	34	33	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MIN)	PD (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
2014/2015	2014/2015	2014/2015	2013/2014	2013/2014	2013/2014	2013	2013	2013	Miao etnik pop.	505		Goldeneye DNA ID System 20A	3 Jenerasyon	TPOX (0,79)	D16S1043 (0,950)	D18S51/ Penta E (0,83)	D13S317 (0,0270)	Penta E (0,5)		0,600- 0,91
									Xibe etnik pop.	226	20	AGCU 21+1	Yok	D1S1627 (0,7580)	D19S433 (0,9346)	D1S1627 (0,2477)	D19S433 (0,6766)	D10S1248 (0,0761)	D18S853 (0,9957)	0,5619- 0,8407
									Guangdong Han pop.	5234	15	AmpFISTR Sinofiler	Yok	D3S1358 (0,8792)	D6S1043 (0,9716)	D3S1358 (0,4607)	D6S1043 (0,7563)	D16S539 (0,1205)	D2S1338 (0,7298)	0,7205- 0,8808
									Fujian Bölgesi	154	38	AGCU 21+1 ile DNA Typer 15 Plus	3 Jenerasyon	TPOX (0,7671)	D18S51 (0,9658)	-	-	D6S1043 (0,0098)	D16S539 (0,9841)	0,5325- 0,8896
									Mongol etnik pop.	86	21	Multiplex	Yok	D1S1627 (0,6741)	D19S433 (0,9316)	DIGATAI 13	D1S1627/ D22S1045	D1S1627 (0,0000)	D14S1434 (0,9834)	0,5698- 0,8372
									Kazak pop.	114	21	AGCU 21+1	3 Jenerasyon	D1S1627 (0,7150)	D19S433 (0,9484)	DIGATAI13 (0,3081)	D19S433 (0,8026)	D10S1435 (0,0604)	D14S1434 (0,9947)	0,6140- 0,9035
									Yi etnik pop.	110	21	AGCU 21+1	Yok	D1S1627 (0,777)	D19S433 (0,936)	DIGATAI1 3 (0,291)	D19S433 (0,686)	D10S1435 (0,012)	D2S1776 (0,94)	0,6- 0,845

**Çizelge 3.4. Devam.** Çin’de Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	41	42	43	44	45	46
	2014/2015	2015	2015	2015	2015	2015/2016
	Guanzhong Bölgesi	Han pop.	Bai pop.	Bouyei pop.	Dong pop.	Uygur pop.
<b>BÖLGE</b>						
<b>BİREY SAYISI</b>	275	152	1158	600	600	290
<b>STR</b>	21	22	19	15	15	38
<b>KİT</b>	AGCU 21+1	Microreader 23sp ID system	13 CODIS ile 6 STR	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	-
<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<b>PD (MIN)</b>	DIS1627 (0,7700)	DIS1627 (0,6741)	TPOX (0,796)	TPOX (0,7809)	TPOX (0,7919)	TPOX (0,8146)
<b>PD (MAX)</b>	D19S433 (0,9437)	D19S433 (0,9316)	Penta E (0,984)	FGA (0,9708)	FGA (0,9712)	D18S51 (0,9649)
<b>PE (MIN)</b>	DIGATA11 3 (0,2738)	DIGATA113 (0,2562)	TPOX (0,315)	TPOX (0,3135)	TPOX (0,2929)	-
<b>PE (MAX)</b>	D19S433 (0,5856)	D22S1045 (0,6698)	Penta E (0,807)	D8S1179 (0,7544)	FGA (0,7920)	-
<b>P (MIN)</b>	D18S853 (0,0567)	D1S1627 (0,0000)	D12S391 (0,042)	-	-	-
<b>P (MAX)</b>	D1S1627 (0,9664)	D14S1434 (0,9834)	D13S317 (0,863)	-	-	-
<b>H</b>	0,5855-0,7927	0,5698-0,8372	0,619-0,906	0,6183-0,8798	0,6017-0,8983	0,6793-0,8655

### 3.5. Hindistan’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2000 tarihinden 2016 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan otozomal STR çalışmalarından 16 tane makale değerlendirilmiştir. 16 makale; Adi Komkar, Adi Padam, Adi Panggi, Andaman, Bhil, Brahmin, Dhimal, Gadaba, Gond, Goud, Halakki, Hmar, Katkari, Kunabhi, Kuvi Khond, Lai, Lotha Naga, Lusei, Madia-Gond, Mahadeo-Koli, Mara, Nicobar, Onge, Orissa, Padmashali, Paliya, Paroja,

Pawaras, Rajbanshi, Shia Müslüman, Sunni Müslüman ve Tamilnadu popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 16 makalede 38 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 15 ile 582 arasında olup, ortalaması 107,6'dır. 11 (%28,9) çalışmada birey sayısı verilmemiştir.

Çalışmalarda 8 ile 15 arasında farklı otozomal STR kullanılmıştır. Çalışmaların 14'ünde (%36,8) AmpFISTR Identifiler kiti, 8'inde (%21,1) PowerPlex 16 kiti kullanılmıştır. Çalışmaların 37'sinde (%97,4) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 1'inde (%2,6) orjini belli olan bireyler kullanılmıştır.

11 (%28,9) çalışmada TPOX lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. FGA lokusu ise 16 (%42,1) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 11 (%28,9) çalışmada TH01 lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D21S11 lokusu ise 10 (%26,3) çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokustur. 2 (%5,3) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 3 (%7,9) çalışmada D18S51, D21S11, D3S1358 ile D8S1179 lokusları P değeri en düşük olan lokuslar olarak belirtilmiştir. D13S317 ile D5S818 lokusları ise 5 (%13,2) çalışmada P değeri en yüksek olan lokuslardır. 6 (%15,8) çalışmada P değeri en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,5857026 ile 0,8958947 değerleri arasındadır.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Hindistan'daki otozomal STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.5'te verilmiştir (Balamurugan ve ark., 2010; Dubey ve ark., 2009; Easswarkhanth ve ark., 2007; Easswarkhanth ve ark., 2009; Jeran ve ark., 2007; Krithika ve ark., 2007; Maity ve ark., 2003; Mastana ve ark., 2007; Mastana ve Singh, 2002; Pandu ve ark., 2006; Roy ve ark., 2008; Sahoo ve Kashyap, 2002; Shrivastava ve ark., 2015; Shrivastava ve ark., 2016; Thangaraj ve ark., 2006; Thangaraj ve ark., 2007).

**Çizelge 3.5.** Hindistan’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti

	<b>1</b>		<b>2</b>		<b>2</b>		<b>2</b>		<b>3</b>		<b>3</b>		<b>3</b>		<b>3</b>		<b>4</b>					
	<b>YIL</b>	<b>Hindistan</b>	<b>Orissa (Juang)</b>	<b>Orissa (Paroja)</b>	<b>Orissa (Saora)</b>	<b>Madia-Gond</b>	<b>Mahadeo-Koli</b>	<b>Katkari</b>	<b>Pawaras</b>	<b>Hmar</b>	<b>BÖLGE</b>	<b>BİREY SAYISI</b>	<b>STR</b>	<b>KİT</b>	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	<b>PD (MIN)</b>	<b>PD (MAX)</b>	<b>PE (MIN)</b>	<b>PE (MAX)</b>	<b>P (MIN)</b>	<b>P (MAX)</b>	<b>H</b>
	2000/2002		100	156	70	90	90	144	102	-	Orissa	150	8	Promega Primer ve kitleri	Yok	LPL (0,813)	vWA (0,934)	LPL (0,353)	vWA (0,689)	TH01/F13A01 (0,09)	CSFIPO (0,99)	0,647-0,847
	2002		15	15	15	15	15	15	15	15	Orissa (Saora)			Multiplex	Yok	D16S539 (0,718)	Penta E (0,867)	D7S820/D3S1358	vWA (0,836)	D7S820 (0,018)	D5S818 (0,981)	0,680-0,920
	2002		15	15	15	15	15	15	15	15	Orissa (Paroja)			Multiplex	Yok	TPOX (0,693)	Penta E (0,908)	D3S1358 (0,309)	Penta E (0,869)	D3S1358 (0,108)	D5S818 (0,930)	0,615-0,936
	2002		15	15	15	15	15	15	15	15	Orissa (Saora)			Multiplex	Yok	TPOX (0,656)	Penta E (0,873)	D3S1358 (0,258)	FGA/Penta E	D3S1358 (0,002)	D16S539 (0,915)	0,571-0,942
	2002/2003		15	15	15	15	15	15	15	15	Madia-Gond			PowerPlex 16	Yok	TH01 (0,675)	D18S51 (0,846)	TH01 (0,258)	vWA (0,789)	-	-	0,571-0,897
	2002/2003		15	15	15	15	15	15	15	15	Mahadeo-Koli			PowerPlex 16	Yok	CSFIPO (0,615)	FGA (0,877)	TPOX (0,188)	D21S11 (0,890)	-	-	0,500-0,946
	2002/2003		15	15	15	15	15	15	15	15	Katkari			PowerPlex 16	Yok	D3S1358 (0,771)	Penta E (0,904)	D3S1358 (0,312)	vWA (0,677)	-	-	0,617-0,841
	2002/2003		15	15	15	15	15	15	15	15	Pawaras			PowerPlex 16	Yok	CSFIPO (0,721)	Penta E (0,965)	TH01 (0,332)	D8S1179 (0,878)	-	-	0,633-0,940
	2002/2003		15	15	15	15	15	15	15	15	Hmar			PowerPlex 16	Yok	TH01 (0,429)	Penta E (0,893)	TH01 (0,130)	Penta E (0,847)	CSFIPO (0,107)	D3S1358 (0,972)	0,425-0,925

Çizelge 3.5.Devam. Hindistan’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

7	6	6	6	5	5	4	4	4	4	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MIN)	PD (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
2005/2007	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2004/2006	2004/2006	2002/2003	2002/2003	2002/2003	2002/2003													
Gadaba	Halakki	Kunabhi	Kunabhi	Padmashali	Goud	Lusei	Mara	Lai														
-	44	40	40	40	40	-	-	-														
13	9	9	9	9	9	15	15	15														
AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler	AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR Profiler Plus	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16													
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok													
TH01 (0,770)	D5S818 (0,860)	D3S1358 (0,836)	D5S818 (0,860)	D5S818 (0,860)	D5S818 (0,836)	TH01 (0,570)	TH01 (0,544)	TH01 (0,497)	TH01 (0,497)													
FGA (0,960)	FGA (0,952)	FGA (0,956)	FGA (0,952)	FGA (0,952)	FGA (0,956)	Penta E (0,892)	Penta E (0,908)	Penta E (0,904)	Penta E (0,904)													
CSFIPO (0,344)	D18S51 (0,367)	D5S818 (0,105)	D18S51 (0,367)	D7S820 (0,105)	D7S820 (0,105)	TH01 (0,228)	TH01 (0,241)	TH01 (0,251)	TH01 (0,251)													
D21S11 (0,893)	D21S11 (0,800)	D21S11 (0,646)	D21S11 (0,800)	D21S11 (0,646)	D21S11 (0,646)	Penta E (0,911)	Penta E (0,955)	Penta E (0,840)	Penta E (0,840)													
TH01 (0,000)	D21S11 (0,469)	D21S11 (0,387)	D18S51 (0,012)	D18S51 (0,012)	D18S51 (0,005)	D8S1179 (0,020)	FGA (0,012)	vWA (0,001)	vWA (0,001)													
D13S317 (0,984)	D8S1179 (0,981)	D13S317 (0,653)	D8S1179 (0,981)	D5S818 (0,445)	D5S818 (0,445)	CSFIPO (0,940)	D3S1358 (0,976)	Penta D (0,976)	Penta D (0,976)													
0.642- 0.947	0.352- 0.876	0.384- 0.825	0.650- 0.900	0.384- 0.825	0.384- 0.825	0.543- 0.956	0.556- 0.978	0.565- 0.935	0.565- 0.935													

Çizelge 3.5.Devam. Hindistan’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

8	8	8	7	7	7	7
2006/2007	2006/2007	2006/2007	2005/2007	2005/2007	2005/2007	2005/2007
Adi Padam	Adi Komkar	Adi Panggi	Lotha Naga	Paroja	Kuvi Khond	BÖLGE
-	-	-	-	-	-	BİREY SAYISI
15	15	15	13	13	13	STR
AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler	AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler	AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler	KİT
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	KÖKEN ANALİZİ
TH01 (0,5844)	TH01 (0,56976)	TH01 (0,5241)	TPOX (0,788)	CSF1PO (0,845)	TPOX (0,855)	PD (MİN)
FGA (0,8926)	FGA (0,86061)	D19S433 (0,8783)	FGA (0,967)	D21S11 (0,950)	FGA (0,958)	PD (MAX)
CSF1PO (0,2072)	TH01 (0,3143)	D18S51 (0,2944)	CSF1PO (0,428)	CSF1PO (0,353)	TH01 (0,343)	PE (MİN)
D8S1179 (0,8364)	D21S11 (0,80196)	D19S433 (0,8879)	D21S11 (0,757)	FGA (0,803)	D21S11 (0,755)	PE (MAX)
D8S1179 (0,0345)	D19S433/ vWA (0)	D19S433/ TPOX/	TPOX/ TH01 (0,000)	D5S818 (0,087)	D13S317 (0,050)	P (MİN)
D13S317 (0,9860)	D3S1358 (0,995)	TH01 (0,4535)	D21S11 (0,974)	TH01 (0,901)	TPOX (0,845)	P (MAX)
0,5217- 0,9200	0,619- 0,9032	0,6029- 0,9450	0,700-0,881	0,648- 0,904	0,641- 0,880	H

**Çizelge 3.5.Devam. Hindistan’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti**

	<b>11</b>	<b>11</b>	<b>11</b>	<b>10</b>	<b>10</b>	<b>9</b>	<b>9</b>	<b>9</b>	<b>YIL</b>
2008/2009	2007/2008	2007/2008	2007/2008	2007	2007	2006/2007	2006/2007	2006/2007	Andaman
Brahmin	Dhimal	Paliya	Rajbanshi	Tamilnadu (Sunniler)	Tamilnadu (Şiiler)	Nicobar	Onge	Andaman	<b>BÖLGE</b>
110	66	107	91	62	62	36	46	15	<b>BİREY SAYISI</b>
15	15	15	15	15	15	9	9	9	<b>STR</b>
AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR Profiler Plus	AmpFISTR Profiler Plus	<b>KİT</b>
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>
TPOX (0,838)	TH01 (0,805)	TPOX (0,848)	CSFIPO (0,867)	TPOX (0,754)	TPOX (0,712)	D3S1358 (0,503)	D18S51 (0,757)	D7S820 (0,613)	<b>PD (MIN)</b>
D2S1338 (0,964)	FGA (0,965)	FGA (0,965)	D2S1338 (0,962)	FGA (0,951)	D21S11 (0,9316)	D18S51 (0,883)	D13S317 (0,922)	D21S11 (0,898)	<b>PD (MAX)</b>
TH01 (0,457)	TH01 (0,298)	TH01 (0,374)	vWA (0,400)	-	-	D3S1358 (0,110)	D7S820 (0,110)	D13S317 (0,114)	<b>PE (MIN)</b>
D18S51 (0,870)	D2S1338 (0,814)	D2S1338 (0,790)	D18S51 (0,793)	-	-	D18S51 (0,709)	FGA (0,627)	FGA (0,864)	<b>PE (MAX)</b>
D21S11/ D19S433/	TPOX (0,000)	D13S317 (0,001)	D8S1179 (0,012)	-	-	D21S11 (0,026)	D7S820 (0,007)	D3S1358 (0,246)	<b>P (MIN)</b>
vWA (0,276)	D3S1358 (0,973)	TPOX (0,860)	D7S820 (0,933)	-	-	D7S820 (0,999)	D5S818 (0,414)	D13S317 (0,652)	<b>P (MAX)</b>
0,718- 0,927	0,606- 0,909	0,664- 0,897	0,681- 0,912	0,728- 0,897	0,694- 0,896	0,392- 0,857	0,444- 0,815	0,384- 0,825	<b>H</b>

**Çizelge 3.5.Devam. Hindistan’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti**

16	15	14	13	13	12	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MIN)	PD (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
2015	2014/2016	2010	2009	2009	2008/2009													
Hindistan	Bhil pop.	Tamil Nadu (Tamil pop.)	Sunni Müslümanla	Sunni Müslümanla	Gond													
582	183	136	132	132	89													
15	15	15	15	15	15													
AmpFISTR Identifiler	Investigator ID Plex Plus	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler													
Orjini Belli	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok													
TPOX (0,861)	TPOX (0,836)	CSF1PO (0,858)	CSF1PO (0,8730)	CSF1PO (0,8730)	CSF1PO (0,857)													
D2S1338 (0,972)	FGA (0,961)	D21S11 (0,962)	D18S51 (0,9710)	D18S51 (0,9710)	FGA (0,967)													
TPOX (0,391)	TPOX (0,335)	D3S1358 (0,372)	CSF1PO (0,401)	CSF1PO (0,401)	CSF1PO (0,342)													
FGA/ D2S1338	FGA (0,725)	D8S1179 (0,804)	D21S11 (0,662)	D21S11 (0,662)	D18S51 (0,835)													
TPOX (0,001)	D18S51 (0,001)	D5S818 (0,011)	FGA/ D18S51	FGA/ D18S51	D1S1358/ FGA													
D13S317 (0,749)	TH01 (0,989)	D18S51 (0,994)	D5S818 (0,945)	D5S818 (0,945)	D18S51 (0,809)													
0,675- 0,857	0,635- 0,865	0,662- 0,904	0,6818- 0,8333	0,6818- 0,8333	0,641- 0,921													

### 3.6. Avrupa Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti ve İstatistikî Bulguları

2000 tarihinden 2014 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan otozomal STR çalışmalarından 39 tane makale değerlendirilmiştir. 39 makale; Almanya, Belarus, Bosna Hersek, Çek Cumhuriyeti, Hırvatistan, İspanya, İsveç, İtalya, Kosova, Makedonya, Malta, Norveç, Polonya, Portekiz, Romanya, Rusya, Slovakya ve Yunanistan popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 39

makalede 42 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 50 ile 2176 arasında olup, ortalaması 399,44'tür. 3 (%7,1) çalışmada birey sayısı verilmemiştir.

Çalışmalarda 2 ile 31 arasında farklı otozomal STR kullanılmıştır. Çalışmaların 17'sinde (%40,5) AmpFISTR Identifiler kiti, 9'unda (%21,4) PowerPlex 16 kiti kullanılmıştır. 4 (%9,5) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 33'ünde (%78,6) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 1'inde (%2,4) doğum ile bilgi verilmişken, 5'inde (%11,9) orjini belli olan bireyler, 1'inde (%2,4) etnisitesi belli olan bireyler ve 2'sinde (%4,8) yerli bireyler kullanılmıştır.

27 (%64,3) çalışmada TPOX lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D2S1338 lokusu ise 13 (%31,0) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 20 (%47,6) çalışmada TPOX lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D2S1338 lokusu ise 8 (%19,0) çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokustur. 9 (%21,4) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 4 (%9,5) farklı çalışmada CSF1PO ile TPOX lokusları P değeri en düşük olan lokuslar olarak belirtilmiştir. CSF1PO, D13S317 ile D18S51 lokusları ise 4 (%9,5) farklı çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 4 (%9,5) çalışmada P değeri en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,5925352 ile 0,8491805 değerleri arasındadır.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Avrupa Kıta'sındaki otozomal STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.6'da verilmiştir (Albinsson ve ark., 2011; Amorim ve ark., 2006; Andreassen ve ark., 2007; Anghel ve ark., 2014; Barbarii ve ark., 2004; Becker ve ark., 2007; Becker ve ark., 2007; Camacho ve ark., 2007; Cassave ark., 2008; Demeter ve ark., 2010; Dogan ve ark., 2013; Drozdziok ve ark., 2009; Havas ve ark., 2007; Konjhodzic ve ark., 2004; Kovatsi ve ark., 2006; Kubat ve ark., 2004; Kuzniar ve Ploski, 2004; Malyarchuk ve ark., 2007; Marian ve ark., 2007; Marjanovic ve ark., 2006; Martin ve ark., 2007; Montelius ve ark., 2008; Parys-proszek ve ark., 2010; Perez-miranda ve Herrera, 2005; Piatek ve ark., 2008; Projic ve

ark., 2007; Rebala ve ark., 2007; Reichert ve Pawlowski, 2009; Robledo ve ark., 2009; Schmid ve ark., 2005; Soltyszewski ve ark., 2008; Sotak ve ark., 2008; Stanciu ve ark., 2009a; Stanciu ve ark., 2009b; Stepanov ve ark., 2010; Szczerkowska ve ark., 2004; Turrina ve ark., 2014; Vanek ve ark., 2001; Wiegand ve Klintschar, 2002).

**Çizelge 3.6.** Avrupa Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	1	2	3	4	5	6	7
YIL	2000/2001	2001/2002	2003/2004	2003/2004	2003/2004	2003/2004	2003/2004
BÖLGE	Çek Cumhuriyeti	Almanya	Bosna Hersek	Kosova (Arnavut pop.)	Polonya	Polonya	Romanya
BİREY SAYISI	202	400	123	136	145	430	243
STR	10	2	15	15	15	16	13
KİT	AmpFISTR SGM Plus	-	PowerPlex 16	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR R	PowerPlex 16	AmpFISTR SGM Plus
KÖKEN ANALİZİ	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Doğum ile ilgili bilgi	Orjini Belli
PD (MIN)	D16S539 (0,890374)	D3S1345 (0,85)	TPOX (0,780)	TPOX (0,816)	TPOX (0,791)	TPOX (0,7219)	D16S539 (0,905)
PD (MAX)	D2S1338 (0,968342)	D7S1517 (0,94)	Penta E (0,976)	FGA (0,964)	D18S51 (0,963)	Penta E (0,98002)	ACTBP2 (0,987)
PE (MIN)	D16S539 (0,527093)	D3S1345 (0,55)	TPOX (0,334)	TPOX (0,415)	TPOX (0,316)	-	-
PE (MAX)	D2S1338 (0,7505926)	D7S1517 (0,64)	Penta D (0,784)	D18S51 (0,760)	D2S1338/ D21S11	-	-
P (MIN)	-	D7S1517 (0,30)	D7S820 (0,007)	TPOX (0,000)	D7S820 (0,055)	D3S1358 (0,0094)	D2S1338 (0,242)
P (MAX)	-	D3S1345 (0,58)	D21S11 (0,953)	D5S818 (0,815)	CSF1PO (0,968)	TPOX (0,6712)	D21S11 (0,940)
H	0,109-0,254	0,68-0,83	0,634-0,894	0,728-0,882	0,621-0,876	0,5860-0,9116	0,760-0,921

**Çizelge 3.6.Devam.** Avrupa Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	<b>14</b>	<b>13</b>	<b>12</b>	<b>11</b>	<b>10</b>	<b>9</b>	<b>8</b>	
	2006/2007	2005/2007	2005/2006	2005/2006	2004/2006	2004/2005	2004/2005	<b>YIL</b>
	Belarus (Beyaz)	Almanya	Yunanistan	Portekiz	Bosna Hersek (3 etnik pop.)	İspanya	Almanya	<b>BÖLGE</b>
	176	189	318	-	100	54	123	<b>BİREY SAYISI</b>
	15	7	15	21	15	13	10	<b>STR</b>
	AmpFlSTR Identifier	GeneAmp PCR	PowerPlex 16	AmpFlSTR Identifier ile PowerPlex 16	PowerPlex 16	AmpFlSTR Profiler ile AmpFlSTR	Humantype Chimera PCR Amplification	<b>KİT</b>
	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>
	TPOX (0,766)	D21S226 (0,780)	TPOX (0,8105)	TPOX (0,823)	TPOX (0,794)	TPOX (0,8504)	D5S2500 (0,929)	<b>PD (MIN)</b>
	D2S1338 (0,966)	D19S246 (0,951)	Penta E (0,9788)	Penta E (0,976)	Penta E/ FGA (0,962)	D18S51 (0,9642)	SE33 (0,987)	<b>PD (MAX)</b>
	TPOX (0,242)	-	TPOX (0,3270)	-	TPOX (0,268)	-	-	<b>PE (MIN)</b>
	D18S51 (0,745)	-	Penta E (0,7880)	-	FGA/ Penta D/ D18S51	-	-	<b>PE (MAX)</b>
	TPOX (0,050)	D14S608 (0,0000)	D8S1179 (0,0362)	Penta D (0,015)	CSF1PO/ D8S1179	CSF1PO (0,0202)	D7S1517 (0,266)	<b>P (MIN)</b>
	CSF1PO (0,855)	D6S474/ D19S246	TH01 (0,9800)	CD4 (0,929)	TPOX (0,9771)	D18S51 (0,4905)	D21S2055 (0,726)	<b>P (MAX)</b>
	0,557- 0,875	0,492- 0,857	0,6289- 0,8962	0,639- 0,899	0,5800- 0,8900	0,0952- 0,5000	0,837- 0,951	<b>H</b>

**Çizelge 3.6.Devam.** Avrupa Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

21	20	19	18	17	17	16	15	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ
2007	2007	2006/2007	2006/2007	2006/2007	2006/2007	2006/2007	2006/2007	2006/2007	İspanya	342	15	AmpFISTR Identifiler	Yerli
Hırvatistan	Almanya (10 pop.)	Romanya	Norveç	Makedon Romenler pop.	Makedonya pop.	İspanya	İspanya						
195	787	219	1000	-	-	264	342						
15	14	15	10	15	15	6	15						
AmpFISTR Identifiler	Humantype Chimera II PCR	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR R SGM	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	-	AmpFISTR Identifiler						
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok						
TPOX (0,782)	D21S226 (0,555)	TPOX (0,8026)	TH01 (0,907)	CSFIPO (0,846)	TPOX (0,813)	D4S2364 (0,7629)	TPOX (0,820)						
D2S1338 (0,967)	D12S391 (0,975)	D18S51 (0,9664)	D2S1338 (0,972)	D2S1338 (0,961)	D18S51 (0,966)	D10S1248 (0,9115)	D18S51 (0,968)						
D5S818 (0,393)	-	TPOX (0,3840)	D16S539 (0,537)	D5S818 (0,320)	TPOX (0,428)	-	CSFIPO (0,307)						
D18S51 (0,790)	-	D2S1338 (0,7519)	D2S1338 (0,765)	FGA/ D2S1338 (0,720)	D18S51 (0,735)	-	D18S51 (0,704)						
TPOX (0,0925)	-	FGA (0,002)	D18S51 (0,198)	FGA (0,015)	D21S11 (0,028)	D14S1434 (0,5745)	CSFIPO (0,0000)						
D13S317 (0,9526)	-	D13S317 (0,767)	FGA (0,944)	D18S51 (0,988)	CSFIPO (0,963)	D4S2364 (0,9505)	D3S1358 (0,976)						
0,6769- 0,8974	0,588- 0,892	0,6800- 0,9090	0,766- 0,885	0,624- 0,863	0,700- 0,920	0,5606- 0,7689	0,613- 0,855						

**Çizelge 3.6.Devam.** Avrupa Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

28	27	27	26	25	24	23	22	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
2008	2007/2008	2007/2008	2007/2008	2007/2008	2007/2008	2007/2008	2007	2007	Rusya	176	15	AmpFISTR Identifiler	Yok	TPOX (0,795)	D2S1338 (0,965)	TPOX (0,287)	D2S1338 (0,779)	D2S11 (0,1574)	D7S820 (0,9819)	0,5966- 0,9034
Polonya	Slovakya (Romen)	Slovakya (Kafkas)	Polonya	Polonya	Malta	İsveç														
116	138	138	600	2176	157	416														
6	15	15	15	10	14	15														
MiniSTR	PowerPlex 16	PowerPlex 16	AmpFlSTR R	-	AmpFlSTR Identifiler	AmpFlSTR Identifiler														
Yok	Yok	Yok	Orjini Belli	Yok	Orjini Belli	Yok														
D1S1627 (0,782)	TPOX (0,805)	TPOX (0,783)	TPOX (0,786)	D16S539 (0,896)	TPOX (0,838)	TPOX (0,748)														
D10S1248/ D22S1045	Penta E (0,974)	Penta E (0,976)	FGA (0,962)	D2S1338 (0,973)	D2S1338 (0,965)	D2S1338 (0,97)														
D4S2364 (0,350)	TPOX (0,240)	TPOX (0,248)	TPOX (0,253)	D16S539 (0,523)	D16S539 (0,410)	TPOX (0,219)														
D10S1248 (0,649)	D18S51 (0,688)	vWA (0,768)	D2S1338 (0,768)	D2S1338 (0,756)	D18S51 (0,745)	D2S1338 (0,739)														
D14S1434 (0,398)	D3S1358 (0,00000)	Penta E (0,00485)	D2S1338 (0,040)	D3S1358 (0,133)	D2S11 (0,0001)	TPOX (0,002)														
D2S441 (0,925)	CSFIPO (0,39329)	FGA (0,90671)	D13S317 (0,914)	D2S1338 (0,882)	D5S818 (0,999)	vWA (0,685)														
0,6465- 0,8264	0,55474- 0,84672	0,56204- 0,88636	0,570- 0,887	0,732- 0,882	0,667- 0,875	0,534- 0,872														

**Çizelge 3.6.Devam. Avrupa Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti**

	35	34	34	33	32	31	30	29					
	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KIT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MIN)	PD (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
2010	Rusya	Romanya (Cluj)	Romanya (Covasna)	Polonya	Polonya	İtalya (Carloforte)	Romanya (Transilvanya, 14)	Romanya (Wallachia)	2008/2009	2008/2009			
386	146	278	154	150	50	1977	1910						
15	15	15	15	15	31	15	15	15					
PowerPlex 16	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR NGM	AmpFISTR Identifiler	-	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler					
Etmisite Belli	Yok	Yok	Orjini Belli	Yok	Yerli	Yok	Yok	Yok					
POX (0,798)	TPOX (0,7802)	TPOX (0,8221)	D22S1045 (0,883)	TPOX (0,8137)	D20S173 (0,741)	TPOX (0,821)	TPOX (0,826)						
Penta E (0,980)	D2S1338 (0,9623)	D2S1338 (0,9719)	D1S1656 (0,975)	D2S1338 (0,9711)	D22S283 (0,965)	D18S51 (0,971)	D2S1338 (0,971)						
TPOX (0,292)	TPOX (0,2623)	TPOX (0,3617)	D22S1045 (0,440)	-	D20S173 (0,070)	TPOX (0,317)	TPOX (0,321)						
Penta E (0,793)	D2S1338 (0,8742)	D18S51/ D2S1338 (0,0014)	D12S391 (0,827)	-	D22S283 (0,762)	FGA (0,731)	FGA (0,738)						
D2S111/ D8S1179	D18S51 (0,0036)	CSF1PO (0,0014)	vWA (0,030)	CSF1PO (0,0505)	D20S173/ D21S1256	D16S539 (0,0107)	vWA (0,001)						
Penta D (0,859)	TPOX (0,5769)	D18S51 (0,6350)	D16S539 (0,940)	D18S51 (0,9980)	D22S315 (0,943)	FGA (0,8890)	TH01 (0,967)						
0,601- 0,899	0,5753- 0,9384	0,6942- 0,8777	0,708- 0,916	0,5933- 0,8733	0,279- 0,884	0,6211- 0,8679	0,6240- 0,8717						

**Çizelge 3.6.Devam.** Avrupa Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MIN)	PD (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
36	2010/2011	İsveç	425	15	PowerPlex ESX 16	Yok	D22S1045 (0,869)	D1S1656 (0,982)	TH01 (0,518)	D1S1656 (0,778)	FGA (0,152)	vWA (0,972)	0,755- 0,892
37	2013	Bosna Hersek (Türk)	100	15	PowerPlex 16	Yok	CSF1PO (0,860)	Penta E (0,971)	CSF1PO (0,369)	Penta E (0,836)	-	-	0,66000- 0,92000
38	2013/2014	İtalya	303	22	AmpFISTR Identifiler ile	Yok	TPOX (0,650)	D12S391 (0,901)	TPOX (0,355)	D1S1656 (0,737)	-	-	0,650- 0,901
39	2014	Romanya	336	15	PowerPlex 16	Orjini Belli	TPOX (0,8083)	Penta E (0,9764)	TPOX (0,2646)	Penta E (0,7809)	Penta D (0,0132)	D13S317 (0,9657)	0,1071- 0,4226

### 3.7. Güney Amerika Kıtasında (Brezilya hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti ve İstatistikî Bulguları

2000 tarihinden 2009 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan otozomal STR çalışmalarından 15 tane makale değerlendirilmiştir. 15 makale; Andean, Antioquia, Arjantin, Atlantico, Bogota, Bolivya, Boyaca, Buenos Aires, Casanare, Cesar, Chaco, Choco, Chubut, Corrientes, Cundinamarca, Formosa, Karayip Sahili, Kichwas, Kolombiya, La Guajira, Magdalena, Mendoza, Meta, Misiones, Narino, Norte de Santander, Occidental, Rio Negro, Salta, Santa Fe, Santander, Siyahi, Tolima, Valle del Cauca, Venezuela popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 15 makalede 41 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 43 ile 8170 arasında olup, ortalaması 3072,39'dir.

Çalışmalarda 8 ile 19 arasında farklı otozomal STR kullanılmıştır. Çalışmaların 24'ünde (%58,5) PowerPlex 16 kiti, 6'sında (%14,6) AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler birlikte kullanılmıştır. 3 (%7,3) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 33'ünde (%80,5) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 8'inde (%19,5) doğum ile bilgi verilmiştir.

30 (%73,2) çalışmada TPOX lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. Penta E lokusu ise 26 (%63,4) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 18 (%43,9) çalışmada TPOX lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. Penta E lokusu ise 19 (%46,3) çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokustur. 11 (%26,8) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 9 (%22,0) çalışmada TH01 lokusu P değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D18S51 ile D3S1358 lokusları ise 5 (%12,2) çalışmada P değeri en yüksek olan lokuslardır. Heterozigotluk ortalama 0,6596595 ile 0,8987282 değerleri arasındadır. 7 (%2,4) çalışmada minimum heterozigotite 2 (%4,9) çalışmada da maximum heterozigotite verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Güney Amerika Kıtası'ndaki (Brezilya hariç) otozomal STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.7'de verilmiştir (Bernal ve ark., 2006; Bravo ve ark., 2001; Chiurillo ve ark., 2003; Gaviria ve ark., 2004; Gonzales-andrade ve ark., 2006; Jaime ve ark., 2004; Marino ve ark., 2006a; Marino ve ark., 2006b; Marino ve ark., 2006c; Marino ve ark., 2009; Martinez ve ark., 2005; Paredes ve ark., 2003; Rey ve ark., 2003; Tenaglia ve ark., 2004; Yunis ve ark., 2005).

**Çizelge 3.7.** Güney Amerika Kitasında (Brezilya hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özeti

3	3	2	2	1	1
2003	2003	2002/2003	2002/2003	2000/2001	2000/2001
Andean Bölgesi (Kolombiya)	Karayip Sahili (Kolombiya)	Boyaca (Kolombiya)	Bogota (Kolombiya)	Bogota (Kolombiya)	Choco (Kolombiya)
T:1429	T:1429	120	150	700	170
13	13	13	13	8	8
AmpFISTR Profiler Plus ile	AmpFISTR Profiler Plus ile	AmpFISTR Profiler Plus ile	AmpFISTR Profiler Plus ile	PowerPlex 1.2. Fluorescent STR	PowerPlex 1.2. Fluorescent STR
Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Yok	Yok
TPOX (0,830)	CSF1PO (0,872)	CSF1PO (0,835)	TPOX (0,830)	TPOX (0,8537)	D5S818 (0,8950)
FGA (0,973)	D18S51 (0,971)	FGA (0,968)	FGA (0,965)	D13S317 (0,9499)	D16S539 (0,9395)
-	-	CSF1PO (0,458)	TPOX (0,418)	-	-
-	-	FGA (0,748)	FGA (0,741)	-	-
D18S51 (0,038)	TH01 (0,058)	D21S11 (0,020)	TH01 (0,018)	vWA (0,1177)	D16S539 (0,0269)
CSF1PO (0,865)	D21S11 (0,872)	D18S51 (0,871)	CSF1PO (0,945)	TPOX/D7S820/D5S818	D7S820 (0,8978)
0,647- 0,841	0,686- 0,901	0,712- 0,882	0,621- 0,891	0,6743- 0,8095	0,7294- 0,8294
					<b>H</b>

**Çizelge 3.7.Devam.** Güney Amerika Kıtasında (Brezilya hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

8	7	6	5	4	3	3							
YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MIN)	PD (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H	
2004/2005	2003/2004	2003/2004	2003/2004	2003	2003	2003	Occidental Bölge (Kolombiya)	Choco Bölgesi (Kolombiya)	Venezuela	Arjantin	Arjantin (Cordoba)	Antioquia (Kolombiya)	Kolombiya (2 pop.)
124	400	132	270	255	T:1429	T:1429	T:1429	T:1429	270	132	400	124	
9	19	9	9	15	13	13	13	13	9	9	19	9	
AmpFISTR Profiler	PowerPlex 16 ile FFL	-	GenePrint STR System	AmpFISTR Identifier	AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler	AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler	AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler	AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	
Yok	Yok	Yok	Doğum ile ilgili bilgi	Yok	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Yok	Yok	Yok	Yok	
D3S1358/ D5S818	TPOX (0,827)	D5S818 (0,876)	TPOX (0,849)	CSFIPO (0,8733)	D3S1358 (0,873)	D3S1358 (0,873)	D3S1358 (0,873)	D3S1358 (0,873)	FGA (0,9716)	FGA (0,967)	TPOX (0,827)	TPOX (0,827)	
FGA (0,973)	Penta E (0,981)	FGA (0,967)	D13S317 (0,935)	FGA (0,9716)	D18S51 (0,974)	D18S51 (0,974)	D18S51 (0,974)	D18S51 (0,974)	TPOX (0,4313)	D5S818 (0,459)	Penta E (0,981)	Penta E (0,981)	
-	-	D5S818 (0,459)	TPOX (0,335)	TPOX (0,4313)	-	-	-	-	FGA (0,8235)	D18S51 (0,893)	-	-	
-	-	D18S51 (0,893)	D13S317 (0,964)	FGA (0,8235)	-	-	-	-	FGA (0,8235)	D21S11 (0,057)	-	-	
TH01 (0,028)	D3S1358 (0,89)	D21S11 (0,057)	CSFIPO (0,044687)	D18S51 (0,0525)	TH01 (0,054)	TH01 (0,054)	TH01 (0,054)	TH01 (0,054)	D18S51 (0,0525)	D21S11 (0,027)	D21S11 (0,027)	D21S11 (0,027)	
D3S1358 (0,816)	D21S11 (20,33)	D3S1358 (0,982)	D16S539 (0,924063)	D7S820 (0,8765)	D8S1179 (0,917)	D8S1179 (0,917)	D8S1179 (0,917)	D8S1179 (0,917)	D7S820 (0,8765)	D8S1179 (0,920)	D8S1179 (0,920)	D8S1179 (0,920)	
0,710-0,831	0,632-0,898	0,720-0,917	0,635294-0,849765	0,7020-0,9137	0,667-0,906	0,667-0,906	0,667-0,906	0,667-0,906	0,7020-0,9137	0,648-0,861	0,648-0,861	0,648-0,861	



**Çizelge 3.7.Devam.** Güney Amerika Kıtasında (Brezilya hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	<b>10</b>	<b>10</b>	<b>10</b>	<b>9</b>	<b>9</b>	<b>9</b>	<b>9</b>	<b>9</b>	<b>9</b>	<b>9</b>	<b>YIL</b>	<b>BÖLGE</b>	<b>BİREY SAYISI</b>	<b>STR</b>	<b>KİT</b>	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	<b>PD (MIN)</b>	<b>PD (MAX)</b>	<b>PE (MIN)</b>	<b>PE (MAX)</b>	<b>P (MIN)</b>	<b>P (MAX)</b>	<b>H</b>
	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005	2005	2005	2005	2005	2005	2005	2005	Meta (Kolombiya)	T:8124-8170	16	PowerPlex 16	Yok	TPOX (0,8235)	Penta E (0,9853)	CSFIPO (0,3602)	Penta E (0,8213)	FGA (0,0595)	Penta E (0,8690)	0,6536-0,9127
	Formosa (Arjantin)	Salta (Arjantin)	Misiones (Arjantin)	La Guajira (Kolombiya)	Atlantico (Kolombiya)	Casanare (Kolombiya)	Narino (Kolombiya)	Magdalena (Kolombiya)															
	78	83	169	T:8124-8170	T:8124-8170	T:8124-8170	T:8124-8170	T:8124-8170															
	15	15	15	16	16	16	16	16															
	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16															
	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok															
	CSFIPO (0,84330)	TPOX (0,8030)	TPOX (0,87560)	TPOX (0,8254)	TPOX (0,8632)	TPOX (0,8138)	TPOX (0,8377)	TPOX (0,8693)															
	Penta E (0,97110)	Penta E (0,9610)	Penta E (0,97970)	Penta E (0,9787)	Penta E (0,9807)	Penta E (0,9808)	Penta E (0,9817)	Penta E (0,9850)															
	TPOX (0,2940)	D3S1358 (0,2938)	CSFIPO (0,3721)	CSFIPO/TPOX	CSFIPO (0,3711)	CSFIPO (0,4087)	TPOX (0,3373)	CSFIPO (0,4532)															
	Penta E (0,8899)	Penta E (0,8448)	Penta E (0,8868)	D18S51 (0,7891)	Penta E (0,8386)	Penta E (0,9133)	Penta E (0,8827)	Penta E (0,8113)															
	TH01 (0,02500)	D3S1358 (0,01750)	TH01 (0,04375)	Penta E (0,0525)	D16S539 (0,0880)	Penta E (0,1520)	CSFIPO (0,0610)	D16S539 (0,0625)															
	D18S51 (0,98281)	TH01 (0,75531)	TPOX (0,96281)	D18S51 (0,9815)	D3S1358 (0,9035)	D3S1358 (0,8580)	Penta D (0,8535)	D3S1358 (0,8230)															
	0,60256-0,94595	0,60241-0,92405	0,66207-0,94444	0,7510-0,9122	0,6614-0,9214	0,6872-0,9573	0,6368-0,9425	0,7159-0,9077															

**Çizelge 3.7.Devam.** Güney Amerika Kıtasında (Brezilya hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

14	13	13	13	12	12	12	11	11	10	10	YIL
2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006
Venezuela (Maracaibo)	Kichwas (Ekvador)	Siyahi pop.	Mendoza (Arjantin)	Santa Fe (Arjantin)	Buenos Aires	Chubut (Arjantin)	Rio Negro (Arjantin)	Corrientes (Arjantin)	Chaco (Arjantin)		<b>BÖLGE</b>
203	T:219	T:219	290	562	516	320	593	43	56		<b>BİREY SAYISI</b>
15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	<b>STR</b>
AmpFISTR İdenfiler	-	-	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	<b>KİT</b>
Doğum ile ilgili bilgi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>
TPOX (0,8370)	FGA (0,74061)	D3S1358 (0,8778)	TPOX (0,843100)	TPOX (0,838700)	TPOX (0,832800)	TPOX (0,8163)	TPOX (0,8386)	CSFIPO (0,84240)	TPOX (0,84890)		<b>PD (MIN)</b>
D18S51 (0,9690)	Penta E (0,97328)	Penta E (0,9814)	Penta E (0,983500)	Penta E (0,982400)	Penta E (0,982400)	Penta E (0,9795)	Penta E (0,9844)	Penta E (0,95880)	Penta E (0,96480)		<b>PD (MAX)</b>
TPOX (0,3830)	-	-	TPOX (0,357600)	TPOX (0,330600)	TPOX (0,343400)	CSFIPO (0,3928)	D5S818 (0,3639)	D3S1358 (0,2691)	TPOX (0,3455)		<b>PE (MIN)</b>
D18S51 (0,7290)	-	-	Penta E (0,783900)	Penta E (0,783500)	Penta E (0,767300)	D18S51 (0,8001)	Penta E (0,8027)	FGA (0,9054)	FGA (0,7809)		<b>PE (MAX)</b>
TH01 (0,0117)	Penta E (0,0470)	Penta D (0,2368)	TH01 (0,003750)	FGA (0,040000)	CSFIPO (0,006000)	CSFIPO (0,016563)	CSFIPO (0,001250)	D18S51 (0,10156)	TH01 (0,08094)		<b>P (MIN)</b>
D19S433 (0,8311)	D21S11 (0,9930)	Penta D (1,0000)	D16S539 (0,973437)	CSFIPO (0,808438)	D7S820 (0,991000)	D7S820 (0,843750)	vWA (0,930937)	D21S11 (0,95875)	D8S1179 (0,75406)		<b>P (MAX)</b>
0,6502-0,8768	-	-	0,651724-0,894366	0,631673-0,894140	0,642023-0,886179	0,676471-0,902280	0,656250-0,903571	0,58140-0,95349	0,64286-0,89286		<b>H</b>

**Çizelge 3.7.Devam.** Güney Amerika Kıtasında (Brezilya hariç) Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MIN)	PD (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
15	2008/2009	Bolivya	200	15	AmpFISTR Identifiler	Yok	TPOX (0,716)	FGA (0,962)	-	-	FGA (0,153)	D18S51 (0,942)	0,495-0,860

### 3.8. Brezilya’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2003 tarihinden 2013 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan otozomal STR çalışmalarından 15 tane makale değerlendirilmiştir. 15 makale; Araraquara, Amazon, Rio Grande do Sul, Goias Eyaleti, Mato Grosso de Sul, Minas Gerais, Pomeranian, Rio de Janeiro ve Sao Paulo popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 15 makalede 16 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 82 ile 137161 arasında olup, ortalaması 11137,60’tır. 1 (%6,3) çalışmada birey sayısı verilmemiştir.

Çalışmalarda 9 ile 19 arasında farklı otozomal STR kullanılmıştır. Çalışmaların 4’ünde (%25,0) PowerPlex 16 kiti, 3’ünde (%18,8) AmpFISTR Identifiler kiti kullanılmıştır. 1 (%6,3) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir.Çalışmaların 12’sinde (%75,0) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 1’inde (%6,3) doğum ile bilgi verilmişken, 2’sinde (%12,5) orjini belli olan bireyler ve 1’inde (%6,3) temsil eden bireyler kullanılmıştır.

12 (%75,0) çalışmada TPOX lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. Penta E lokusu ise 8 (%50,0) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 12 (%75,0) çalışmada TPOX lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. Penta E lokusu ise 7 (%43,8) çalışmada dışlama gücü en yüksek olan

lokustur. 2 (%12,5) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 2 (%12,5) çalışmada D8S1179 ile TPOX lokusu P değeri en düşük olan lokuslar olarak belirtilmiştir. D5S818 lokusu ise 3 (%18,8) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 2 (%12,5) çalışmada P değeri en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,6118987 ile 0,8248788 değerleri arasındadır.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Brezilya'daki otozomal STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.8'de verilmiştir (Aqiar ve ark., 2012; Dalton ve ark., 2009; Del castillo ve ark., 2009; Frances ve ark., 2011; Fridman ve ark., 2008; Goes ve ark., 2004; Leite ve ark., 2003; Martins ve ark., 2011; Rodrigues ve ark., 2007; Sao-bento ve ark., 2008; Silva ve ark., 2011; Silva ve ark., 2004; Silva ve Moura-Neto, 2004; Vieira ve ark., 2013; Whittle ve ark., 2004).

**Çizelge 3.8.** Brezilya'da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
1	2003	Brezilya/ Rio Grande do Sul	-	9	AmpFISTR Profiler Plus	Yok	D18S51 (0,6856)	FGA (0,9681)	-	-	D5S818 (0,0014)	D13S317 (0,6952)	0,7115- 0,8817
2	2003/2004	Rio De Janeiro (Brezilya)	208-234	14	PowerPlex 2.1 ile PowerPlex 1.1	Yok	D5S818 (0,865)	Penta E (0,978)	TPOX (0,443)	Penta E (0,779)	D8S1179 (0,101)	D3S1358 (0,908)	0,7094- 0,9048
2	2003/2004	Mato Grosso de Sul (Brezilya)	208-234	14	PowerPlex 2.1 ile PowerPlex 1.1	Yok	TPOX (0,832)	Penta E (0,980)	TPOX (0,413)	Penta E (0,789)	D7S820 (0,196)	CSF1PO (0,711)	0,6635- 0,9314

**Çizelge 3.8. Devam.** Brezilya’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

9	8	7	6	5	4	3	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MİN)	PD (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
2008/2009	2007/2008	2007/2008	2005/2007	2004	2003/2004	2003/2004	2003/2004	Rio de Janeiro (Brezilya)	230-300	16	AmpFISTR Identifiler ile PowerPlex 2.1	Yok	TPOX (0,85)	Penta E/ D18S51 (0,98)	-	-	D8S1179 (0,0391)	D5S818 (0,9171)	0,70- 0,92
Minas Gerais (Brezilya)	Sao Paulo (Brezilya)	Brezilya	Brezilya (Amazon Bölgesi)	Brezilya	Brezilya	Brezilya	Brezilya												
12000	294	561	325	262	13000														
15	15	15	13	11	19														
AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	Primers 3 software	GenePrint STR System Amplification	2 multiplex														
Yok	Yok	Doğum ile ilgili bilgi	Yok	Orjini Belli	Temsil eden														
TPOX (0,862)	TPOX (0,66294)	TPOX (0,868)	TPOX/ TH01 (0,89)	D13S317 (0,764)	TPOX (0,84641)														
D2S1338 (0,977)	FGA (0,87040)	D2S1338 (0,976)	D18S51/ FGA (0,97)	TH01 (0,935)	Penta E (0,98206)														
TPOX (0,420)	TPOX (0,42084)	TPOX (0,393)	TPOX (0,48)	FESFPS (0,387)	TPOX (0,39766)														
D2S1338 (0,769)	D2S1338 (0,72161)	FGA (0,751)	FGA (0,76)	D7S820 (0,720)	Penta E (0,78883)														
D19S433 (0,0676)	CSF1PO (0,03693)	D18S51 (0,013)	D3S1358 (0,137)	D13S317 (0,069)	TPOX (0,05675)														
D8S1179 (0,8690)	D19S433 (0,94500)	D7S820 (0,985)	TH01 (0,925)	F13A01 (0,975)	D5S818 (0,78775)														
0,69586- 0,87937	0,19100- 0,25500	0,676- 0,878	0,72- 0,89	0,661- 0,863	0,67967- 0,89677														

**Çizelge 3.8. Devam.** Brezilya’da Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

15	14	13	12	11	10	
2012/2013	2011/2012	2010/2011	2010/2011	2009/2010	2009	YIL
Goiás Eyaleti (Brezilya)	Brezilya	Araraquara pop. (Brezilya)	Brezilya	Pomeranian Pop. (Brezilya)	Brezilya	BÖLGE
986	137161	403	307	82	915	BİREY SAYISI
15	15	15	12	15	18	STR
PowerPlex 16	PowerPlex 16	PowerPlex 16	-	PowerPlex 16	PowerPlex 1.1, PowerPlex 2.1. ile FFL	KİT
Yok	Yok	Yok	Yok	Orjini Belli	Yok	KÖKEN ANALİZİ
TPOX (0,872)	TPOX (0,861)	TPOX (0,8621)	TPOX (0,870)	TPOX (0,757)	TPOX (0,856)	PD (MİN)
Penta E (0,981)	Penta E (0,985)	Penta E (0,9780)	FGA (0,971)	Penta E (0,967)	Penta E (0,983)	PD (MAX)
TPOX (0,392)	TPOX (0,403)	TPOX (0,3896)	TPOX (0,441)	TPOX (0,176)	FESFPS (0,413)	PE (MİN)
Penta E (0,724)	Penta E (0,790)	Penta E (0,8622)	FGA (0,786)	FGA (0,876)	Penta E (0,816)	PE (MAX)
-	-	FGA (0,0156)	D21S11 (0,006)	TPOX (0,02115)	F13B (0,001)	P (MİN)
-	-	Penta E (0,9195)	TPOX (0,931)	D16S539 (0,93483)	D5S818 (0,839)	P (MAX)
0,135- 0,324	0,68366- 0,89750	0,6743- 0,9325	0,713- 0,895	0,48649- 0,93902	0,690- 0,910	H

### 3.9. Kuzey Amerika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2002 tarihinden 2015 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan otozomal STR çalışmalarından 11 tane makale değerlendirilmiştir. 11 makale; Afrika Amerikalı, Athabaskan, Bajamar Garifuna, Corozal Garifuna, Hispanik Amerikalı, Honduras, İnupiat, İriona Garifna, Jalisco, Kafkas Amerikalı, Kosta Rika, Meksika, Mestizos, Nayarit, Puebla, Puerto Rico, Yucatan ve Yupik popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 11 makalede 20 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 100 ile 500 arasında olup, ortalaması 238,60'tır.

Çalışmalarda 13 ile 18 arasında farklı otozomal STR kullanılmıştır. Çalışmaların 7'sinde (%35,0) AmpFISTR İdentifiler kiti, 4'ünde (%20,0) AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler kitleri birlikte kullanılmıştır. 3 (%15,0) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 11'inde (%55,0) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 3'ünde (%15,0) 2 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 3'ünde (%15,0) doğum ile bilgi verilmişken ve 3'ünde (%15,0) etnisitesi belli olan bireyler kullanılmıştır.

9 (%45,0) çalışmada TPOX lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. FGA lokusu ise 11 (%55,0) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 6 (%30,0) çalışmada TPOX lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. FGA lokusu ise 7 (%35,0) çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokustur. 2 (%10,0) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 4 (%20,0) çalışmada FGA lokusu P değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D13S317 lokusu ise 4 (%20,0) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 2 (%10,0) çalışmada P değeri en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,4976350 ile 0,7583250 değerleri arasındadır.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Kuzey Amerika Kıtası'ndaki otozomal STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.9'da verilmiştir (Budowle ve ark., 2002; Budowle ve ark., 2011; Cerda-flores ve ark., 2002; Gonzales-herrera ve ark., 2010; Hernandez-gutierrez ve ark., 2005; Herrera-paz ve ark., 2008; Matamoros ve ark., 2008; Rodriguez ve ark., 2007; Rubi-castellanos ve ark., 2009; Salazar-flores ve ark., 2015; Zuniga ve ark., 2006).

**Çizelge 3.9.** Kuzey Amerika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>2</b>
	<b>YIL</b>	<b>BÖLGE</b>	<b>BİREY SAYISI</b>	<b>STR</b>
				<b>KİT</b>
				<b>KÖKEN ANALİZİ</b>
				<b>PD (MIN)</b>
				<b>PD (MAX)</b>
				<b>PE (MIN)</b>
				<b>PE (MAX)</b>
				<b>P (MIN)</b>
				<b>P (MAX)</b>
				<b>H</b>
	2002	Athabaskan (Alaska/Amerika)	101	13
				AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler
				Etnisite Belli
				TH01 (0,786)
				FGA (0,954)
				TH01 (0,370)
				FGA (0,695)
				FGA (0,023)
				CSF1PO (0,980)
				0,188- 0,396
	2002	İnupiat (Alaska/Amerika)	109	13
				AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler
				Etnisite Belli
				D3S1358 (0,752)
				FGA (0,960)
				TH01 (0,123)
				FGA (0,716)
				vWA (0,060)
				TH01 (0,981)
				0,183- 0,771
	2002	Yupik (Alaska/Amerika)	100	13
				AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler
				Etnisite Belli
				TH01 (0,597)
				FGA (0,946)
				TH01 (0,227)
				FGA (0,674)
				D8S1179 (0,089)
				D13S317 (0,979)
				0,170- 0,630
2002		Meksika (Mestizo pop.)	143	13
				AmpFISTR Profiler Plus ile AmpFISTR Cofiler
				Yok
				TPOX (0,8183)
				FGA (0,9724)
				TPOX (0,3946)
				FGA (0,7515)
				-
				-
				0,6783- 0,9441

**Çizelge 3.9. Devam.** Kuzey Amerika Kitasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

7	7	6	5	4	3	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MIN)	PD (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
2007/2008	2007/2008	2007/2008	2005/2007	2005/2006	2004/2005	2004/2005	Meksika	211	15	AmpFISTR Identifiler	Yok	TPOX (83,3)	FGA (97,0)	CSFIPO (34,8)	D21S11 (82,5)	-	-	0,645- 0,914
Corozal Garifuna (Honduras)	Bajamar Garifuna (Honduras)	Honduras	Kosta Rika	Puerto Rico'lu pop.						AmpFISTR Identifiler	2 Jenerasyon	CSFIPO (0,866)	FGA (0,967)	TPOX (0,360)	FGA (0,790)	D19S433 (0,004)	vWA (0,867)	0,658- 0,897
T:174	T:174	198	191-500	205	211					AmpFISTR Identifiler, PowerPlex 16 ile PowerPlex 16 ES Monoplex System	Yok	TPOX (0,8618)	SE33 (0,9882)	-	vWA (0,0685)	D19S433 (0,9325)	0,6573- 0,9110	
13	13	15	18	15	15					AmpFISTR Identifiler	Yok	TPOX (0,8510)	FGA/ D2S1338	-	D16S539 (0,0570)	FGA (0,9880)	0,6263- 0,9091	
-	-	-	-	-	-					Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	D5S818 (0,786)	FGA (0,952)	D8S1179/TPOX (0,331)	D18S51 (0,724)	D5S818 (0,017)	D18S51 (0,619)	0,639- 0,872
D5S818 (0,848)	D5S818 (0,786)	D5S818 (0,8510)	TPOX (0,8618)	CSFIPO (0,866)	TPOX (83,3)													
D21S11 (0,954)	FGA (0,952)	FGA/ D2S1338	SE33 (0,9882)	FGA (0,967)	FGA (97,0)													
D5S818 (0,270)	D8S1179/TPOX (0,331)	-	-	TPOX (0,360)	CSFIPO (34,8)													
D18S51 (0,791)	D18S51 (0,724)	-	-	FGA (0,790)	D21S11 (82,5)													
D5S818 (0,005)	D5S818 (0,017)	D16S539 (0,0570)	vWA (0,0685)	D19S433 (0,004)	-													
D3S1358 (0,908)	D18S51 (0,619)	FGA (0,9880)	D19S433 (0,9325)	vWA (0,867)	-													
0,571- 0,939	0,639- 0,872	0,6263- 0,9091	0,6573- 0,9110	0,658- 0,897	0,645- 0,914													

**Çizelge 3.9. Devam.** Kuzey Amerika Kitasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

10	10	9	9	8	8	8	7	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KIT	KÖKEN ANALİZİ
2010/2011	2010/2011	2010	2010	2007/2008	2007/2008	2007/2008	2007/2008	2007/2008	İriona Garifuna (Honduras)	349	15	-	Doğum ile ilgili bilgi
Kafkas Amerikalı (Amerika)	Afrikan Amerikalı (Amerika)	Nayarit (Meksika)	Yucatan (Meksika)	Yucatan (Meksika)	Yucatan (Meksika)	Puebla (Meksika)	Jalisco (Meksika)	T:174	(Honduras)	350	15		D13S317 (0,852)
349	350	236	120	262	313	15	309						PD (MIN)
15	15	15	15	15	15	15	15						PD (MAX)
AmpFISTR NGM	AmpFISTR NGM	PowerPlex 16	PowerPlex 16	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler	AmpFISTR Identifiler						PE (MIN)
Yok	Yok	Jenerasyon	Jenerasyon	Yok	Yok	Yok	Yok						PE (MAX)
D22S1045 (0,868)	D3S1358 (0,900)	TPOX (0,829)	TPOX (0,838)	D3S1358 (0,8352)	TPOX (0,8084)	TPOX (0,3403)	TPOX (0,8303)						P (MIN)
D1S1656 (0,978)	D2S1338 (0,977)	Penta E (0,980)	Penta E (0,972)	D18S51 (0,9684)	FGA (0,9690)	FGA (0,9713)	FGA (0,954)						P (MAX)
D22S1045 (0,468)	D3S1358 (0,524)	TPOX (0,349)	D3S1358 (0,262)	TPOX (0,3536)	TPOX (0,3403)	D3S1358 (0,3740)	D16S539 (0,342)						
D1S1656 (0,793)	D2S1338 (0,787)	D18S51 (0,964)	D18S51 (0,778)	FGA (0,7582)	D18S51 (0,7327)	FGA (0,7948)	D21S11 (0,687)						
D2S441 (0,048)	D19S433 (0,003)	FGA (0,0015)	CSF1PO (0,011)	FGA (0,0699)	D2S1338 (0,0195)	D3S1358 (0,0169)	FGA (0,000)						
D18S51 (0,785)	FGA (0,883)	Penta E (0,9290)	D13S317 (0,931)	D8S1179 (0,9528)	D13S317 (0,9969)	TPOX (0,9443)	D13S317 (0,965)						
0,092-0,284	0,100-0,266	0,7242-0,9057	0,6650-0,8893	0,6489-0,8817	0,6390-0,8333	0,6634-0,8997	0,671-0,843						H

**Çizelge 3.9. Devam.** Kuzey Amerika Kıtasında Yapılan Otozomal STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PD (MIN)	PD (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
10	2010/2011	Hispanik Amerikalı (Amerika)	335	15	AmpFISTR NGM	Yok	D22S1045 (0,844)	D1S1656 (0,975)	D22S1045 (0,437)	D1S1656 (0,780)	D22S1045 (0,011)	D8S1179 (0,866)	0,113-0,313
11	2013/2015	Mestizos pop. (Meksika)	409	15	AmpFISTR Identifiler	Yok	TPOX (0,827)	FGA (0,9753)	TPOX (0,316)	D2S1338 (0,7299)	D21S11 (0,0000)	D5S818 (0,9854)	0,6203-0,8676

### 3.10. Tüm Otozomal STR Çalışmalarının İstatistikî Bulguları

1996 tarihinden 2016 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan otozomal STR çalışmalarından 215 tane makale değerlendirilmiştir. 215 makalenin 16'sı Afrika, 102'si Asya, 39'u Avrupa, 30'u Güney Amerika, 11'i Kuzey Amerika kıtasında ve 17'si Türkiye'de yapılmıştır. 216 makalede 296 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. 296 çalışmanın 18'i Afrika, 140'ı Asya, 42'si Avrupa, 57'si Güney Amerika, 20'si Kuzey Amerika kıtasında ve 19'u Türkiye'de yapılmıştır. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 15 ile 137161 arasında olup, ortalaması 1365,28'dir. 15 (%5,1) çalışmada birey sayısı verilmemiştir.

Çalışmalarda 2 ile 38 arasında farklı otozomal STR kullanılmıştır. Çalışmaların 96'sında (%32,5) AmpFISTR Identifiler kiti, 58'inde (%19,7) PowerPlex 16 kiti kullanılmıştır. 22 (%7,5) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 222'sinde (%75,3) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 13'ünde (%4,4) 2 jenerasyona ve 23'ünde (%7,8) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 16'sında (%5,4) doğum ile bilgi verilmişken, 12'sinde (%4,1) orjini belli olan bireyler, 2'sinde (%0,7) temsil eden

bireyler ile 3'ünde (%1,0) yerli bireyler ve 4'ünde (%1,4) etnisitesi belli bireyler kullanılmıştır.

154 (%52,42) çalışmada TPOX lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. Penta E lokusu ise 75 (%25,4) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 3 (%1) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 107 (%36,3) çalışmada TPOX lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. Penta E lokusu ise 47 (%15,9) çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokustur. 51 (%17,3) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 19 (%6,4) çalışmada CSF1PO lokusu P değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. D13S317 lokusu ise 24 (%8,1) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 45 (%15,3) çalışmada P değeri en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,5909053 ile 0,8354858 değerleri arasındadır. 7 (%2,4) çalışmada minimum heterozigotite 6 (%2,0) çalışmada da maximum heterozigotite verilmemiştir.

### **3.11. Afrika Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları**

2007 tarihinden 2008 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan X STR çalışmalarından 2 tane makale değerlendirilmiştir. 2 makale; Angola, Ghana, Mozambik ve Uganda popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 2 makalede 4 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 182 ile 237 arasında olup, ortalaması 223,25'tir. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir. Çalışmalarda kullanılan bireylerden kadın olanların sayısı 108 ile 108 arasında olup, ortalaması 108,00'dir. Erkek olanların sayısı ise 74 ile 74 arasında olup ortalaması 74,00'tür. Kadın birey sayısının verilmediği çalışma sayısı 3 (%75,0)'tür. Erkek birey sayısının verilmediği çalışma sayısı da 3 (%75,0)'tür.

Çalışmalarda 8 ile 10 arasında farklı X STR kullanılmıştır. Çalışmaların 3'ünde (%75,6) Decaplex kit kullanılmıştır. 1 (%25,0) çalışmada kullanılan kit

belirtilmemiştir. Çalışmaların 4'ünde (%100,0) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Kadın bireylerde, 3 (%75,0) çalışmada DXS7423 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS8377 lokusu ise 3 (%75,0) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. Erkek bireylerde, 3 (%75,0) çalışmada DXS7423 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS8377 lokusu ise 2 (%50,0) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur.

Yapılan tüm 4 (%100,0) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Yapılan tüm 4 (%100,0) çalışmada P değeri en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,6370000 ile 0,9380000 değerleri arasındadır. 3 (%75,0) çalışmada heterozigotluk değerleri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Afrika Kıtası'ndaki X STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.10'da verilmiştir (Gomes ve ark., 2007; Thiele ve ark., 2008).

**Çizelge 3.10.** Afrika Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PDF (MİN)	PDF (MAX)	PDm (MİN)	PDm (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
<b>1</b>	2007	Angola	T:237	10	Decaplex	Yok	DXS7423 (0,8454)	DXS8377 (0,9896)	DXS7423 (0,6842)	DXS8377 (0,9389)	-	-	-	-	-
<b>1</b>	2007	Mozambik	T:237	10	Decaplex	Yok	DXS7423 (0,7910)	DXS8377 (0,9893)	DXS7423 (0,6236)	DXS8377 (0,9328)	-	-	-	-	-
<b>1</b>	2007	Uganda	T:237	10	Decaplex	Yok	DXS837 8	DXS837 7 (0,9817)	DXS837 8 (0,6847)	DXS101/ DXS837	-	-	-	-	-
<b>2</b>	2007/2008	Ghana (Ewe pop.)	182 (108k/ 74e)	8	-	Yok	DXS7423 (0,8081)	DXS10135 (0,9928)	DXS7423 (0,6374)	DXS10135 (0,9379)	-	-	-	-	0,637- 0,938

### 3.12. Asya Kıtasında (Çin hariç) Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2003 tarihinden 2015 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan X STR çalışmalarından 17 tane makale değerlendirilmiştir. 17 makale; Hindistan, Japonya, Kore, Pakistan, Sibirya ve Tayvan popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 17 makalede 17 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 130 ile 604 arasında olup, ortalaması 360,88'dir. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir. Çalışmalarda kullanılan bireylerden kadın olanların sayısı 108 ile 209 arasında olup, ortalaması 153,00'dir. Erkek olanların sayısı ise 91 ile 339 arasında olup ortalaması 219,71'dir. Kadın birey sayısının ve erkek birey sayısının verilmediği çalışma sayısı ise 3 (%17,6)'tür.

Çalışmalarda 4 ile 18 arasında farklı X STR kullanılmıştır. Çalışmaların 2'sinde (%11,8) Mentype Argus X-8 kiti, 2'sinde (%11,8) Investigator Argus X-12 kiti kullanılmıştır. 9 (%52,9) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 17'sinde (%100,0) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Kadın bireylerde, 5 (%29,4) çalışmada DXS7423 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS8377 lokusu ise 5 (%29,4) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 1 (%5,9) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Erkek bireylerde, 4 (%23,5) çalışmada DXS7423 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS8377 lokusu ise 5 (%29,4) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 1 (%5,9) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir.

2 (%11,8) çalışmada DXS7423, farklı 2 (%11,8) çalışmada ise HPRTB lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. 2 (%11,8) çalışmada DXS10011, farklı 2 (%11,8) çalışmada ise DXS10135 lokusu dışlama gücü en yüksek olan lokuslardır. 9 (%52,9) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 2 (%11,8) çalışmada DXS101 lokusu, farklı 2 (%11,8) çalışmada ise DXS10135 P değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS7132 lokusu ise 2 (%11,8) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 6 (%35,3) çalışmada P değeri en

yüksek ve P değeri en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,4666300 ile 0,8856400 değerleri arasındadır. 7 (%41,2) çalışmada heterozigotluk değerleri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Asya Kıtası'ndaki (Çin hariç) X STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.11'de verilmiştir (Asamura ve ark., 2006a; Asamura ve ark., 2006b; Chen ve ark., 2014; Grskovic ve ark., 2013; Hwa ve ark., 2009; Israr ve ark., 2012; Lee ve ark., 2004; Lim ve ark., 2009; Matsushita ve ark., 2003; Nadeem ve ark., 2009; Nakamura ve Minaquchi, 2010; Shin ve ark., 2004; Shin ve ark., 2005; Shrivastava ve ark., 2015; Sim ve ark., 2010; Tariq ve ark., 2008; Vaqaitseva ve ark., 2015).

**Çizelge 3.11.** Asya Kıtasında (Çin hariç) Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri

5	4	3	2	1	YIL		BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PDF (MİN)	PDF (MAX)	PDM (MİN)	PDM (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
					BÖLGE														
2005/2006	2004/2005	2004	2003	2003	Japonya		130	18	-	Yok	DXS8055 (0,298)	DXS1226 (0,980)	DXS8055 (0,205)	DXS986 (0,875)	-	-	-	-	0,178- 0,875
Japonya	Kore	Kore	Kore				300 (150k/ 150e)	5	-	Yok	HPRTB (0,839)	DXS8377 (0,983)	HPRTB (0,711)	DXS8377 (0,901)	HPRTB (0,520)	DXS8377 (0,814)	-	-	0,682- 0,908
333 (138f/ 195m)	401 (181f/ 220m)	300 (150k/ 150e)	300 (150k/ 150e)	300 (150k/ 150e)			6	-	Yok	HPRTB (0,839)	DXS10011 (0,996)	DXS9898 (0,694)	DXS10011 (0,953)	DXS9898 (0,510)	DXS10011 (0,909)	-	-	-	
8	18	6	5	18					Yok	DXS6800 (0,394)	DXS8377 (0,980)	DXS6800 (0,294)	DXS8377 (0,909)	-	-	-	-	-	
2 mini multiplex	2 triplex ile 12 X-STR	-	-	-					Yok	DXS7133 (0,666)	DXS101 (0,937)	DXS7133 (0,471)	DXS6789 (0,805)	DXS7133 (0,279)	DXS101 (0,659)	DXS6789 (0,008)	GATA165B1 2 (0,890)	0,493- 0,812	

**Çizelge 3.11.Devam.** Asya Kıtasında (Çin hariç) Yapılan X-STR Çalışmalarının Özeti

15	14	13	12	11	10	9	8	7	6	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PDF (MİN)	PDF (MAX)	PDm (MİN)	PDm (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
2013/2014	2012	2010	2009/2010	2008/2009	2008/2009	2008/2009	2008/2009	2008	2006	2006	Japonya	401 (172f/229m)	8	2 multiplex	Yok	DXS6807 (0,818)	DXS10011 (0,997)	DXS9898 (0,639)	DXS10011 (0,953)	HPRTB (0,441)	DXS10011 (0,921)	-	-	
Tayvan	Pakistan (Punjabi)	Japonya	Kore	Tayvan	Pakistan (Punjabi pop.)	Kore	Tokyo/Japonya	Pakistan (4 etnik pop.)	Japonya															
514 (187f/327m)	200 (109f/91m)	512 (173f/339)	450 (150f/300m)	221 (108f/113m)	212 (118f/94m)	450 (150f/300m)	492 (209f/283m)	432 (147f/285m)	401 (172f/229m)															
12	7	16	4	13	5	8	8	13	8															
Investigator Argus X-12	-	4 multiplex	-	-	-	Mentype Argus X-8	Mentype Argus X-8	-	2 multiplex															
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok															
DXS7423 (0,6940)	DXS7423 (0,822)	DXS6800 (0,458)	DXS10103 (0,897)	DXS7423 (0,6977)	DXS7133 (0,795)	DXS7423 (0,662)	DXS8378 (0,7723)	DXS6793 (0,758)	DXS6807 (0,818)															
DXS10135 (0,9875)	GATA3IE08 (0,925)	DXS8377 (0,978)	DXS10148 (0,9704)	DXS8377 (0,9755)	DXS981 (0,936)	DXS10135 (0,988)	DXS10135 (0,9965)	DXS8377 (0,978)	DXS10011 (0,997)															
DXS8378 (0,6292)	GATA172D05	DXS6800 (0,195)	DXS10103 (0,749)	DXS7423 (0,5358)	DXS7133 (0,631)	DXS7423 (0,484)	DXS7423 (0,4384)	DXS6793 (0,613)	DXS9898 (0,639)															
DXS10135 (0,9179)	DXS101 (0,816)	DXS8377 (0,897)	DXS10148 (0,919)	DXS8377 (0,9019)	DXS981 (0,789)	DXS10135 (0,920)	DXS10135 (0,9222)	DXS8377 (0,905)	DXS10011 (0,953)															
-	GATA172D05	DXS6800 (0,054)	-	-	-	-	DXS7423 (0,2225)	-	HPRTB (0,441)															
-	GATA3IE08 (0,505)	DXS6803 (0,862)	-	-	-	-	DXS10135 (0,8036)	-	DXS10011 (0,921)															
DXS10146 (0,6979)	DXS101 (0,03)	DXS981 (0,003)	DXS10148 (0,419)	DXS101 (0,2184)	DXS6800 (0,030)	DXS10135 (0,016)	DXS10135 (0,0040)	DXS6793 (0,028)	-															
DXS10134/ DXS7132	DXS7423/ DXS7132	DXS7132 (0,807)	DXS10146 (0,835)	DXS6789 (0,9801)	DXS7133 (0,832)	DXS7132 (0,618)	DXS10074 (0,5674)	DXS8377 (0,976)	-															
-	0,385-0,747	0,276-0,933	-	0,5463-0,9074	-	0,433-0,920	-	0,524-0,884	0,552-0,942															

**Çizelge 3.11.Devam.** Asya Kıtasında (Çin hariç) Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PDF (MİN)	PDF (MAX)	PDm (MİN)	PDm (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
16	2014	Sibirya (10 pop.)	604	10	-	Yok	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17	2014/2015	Hindistan (Bhil pop.)	183	12	Investigator Argus X-12	Yok	DXS7423 (0,545)	DXS10135 (0,989)	DXS7423 (0,634)	DXS10135 (0,919)	DXS7423 (0,206)	DXS10135 (0,750)	DXS10101/ DXS10135	DXS7423 (0,755)	0,597- 0,928

### 3.13. Çin’de Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2004 tarihinden 2013 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan X STR çalışmalarından 14 tane makale değerlendirilmiştir. 14 makale; Beijing Han, Daur, Ewenke, Han, Kazak, Luoba, Mongol, Orogen, Shanghai, Uygur, Yunnan ve Zhejang popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 14 makalede 21 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 93 ile 1251 arasında olup, ortalaması 536,33’tür. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir. Çalışmalarda kullanılan bireylerden kadın olanların sayısı 45 ile 581 arasında olup, ortalaması 274,35’tir. Erkek olanların sayısı ise 40 ile 670 arasında olup ortalaması 295,47’dir. Kadın birey sayısı ve erkek birey sayısının verilmediği çalışma sayısı 4 (%19,0)’tür.

Çalışmalarda 3 ile 16 arasında farklı X STR kullanılmıştır. Çalışmaların 1’inde (%4,8) Tetraplex kit kullanılmıştır. 20 (%95,2) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 15’inde (%71,4) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 5’inde (%23,8) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 1’inde (%4,8) temsil eden bireyler kullanılmıştır. Kadın bireylerde, 8 (%38,1) çalışmada DXS7423 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS101 lokusu 4 (%19,0) ve DXS981 lokusu

farklı 4 (%19,0) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokuslardır. 1 (%4,8) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Erkek bireylerde, 8 (%38,1) çalışmada DXS7423 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS101 lokusu ise 4 (%19,0) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 1 (%4,8) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir.

Tüm çalışmalarda dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 1 (%4,8) çalışmada DXS10134 lokusu, 1 çalışmada DXS7133, 1 çalışmada DXS7423 ve başka bir çalışmada DXS9902 lokusu P değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS7132 lokusu ise 2 (%9,5) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 17 (%81,0) çalışmada P değeri en yüksek ve P değeri en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,4247333 ile 0,8077333 değerleri arasındadır. 12 (%57,1) çalışmada heterozigotluk değerleri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Çin'deki X STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.12'de verilmiştir (Gao ve ark., 2007; Gu ve Li, 2006; Hou ve ark., 2007; Kang ve Li 2006; Li ve ark., 2009; Liu ve ark., 2006; Liu ve ark., 2011; Liu ve ark., 2012; Qingbo ve Shengbin 2006; Sun ve ark., 2013; Wu ve ark., 2009; Yu ve ark., 2005; Zeng ve ark., 2009; Zhang ve ark., 2012).

**Çizelge 3.12.** Çin'de Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PDF (MIN)	PDF (MAX)	PDm (MIN)	PDm (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
1	2004/2005	Han etnik pop.	204 (110f/94m)	11	-	3 Jenerasyon	DXS7423 (0,7390)	DXS101 (0,9553)	DXS7133 (0,4334)	DXS6789 (0,8667)	-	-	DXS7423 (0,5352)	DXS7132 (0,9997)	0,5155-0,8527
2	2004/2006	Ewenke etnik pop.	98 (45f/53m)	10	-	3 Jenerasyon	DXS7423 (0,6901)	DXS6789 (0,9274)	DXS7423 (0,7437)	DXS7424 (0,9173)	-	-	-	-	0,5775-0,7929

Çizelge 3.12. Çin’de Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri

9	8	7	7	7	7	7	7	7	6	5	4	3	YIL
2008/2009	2008/2009	2007	2007	2007	2007	2007	2007	2007	2006/2007	2006	2005/2006	2004/2006	
Beijing Han etnik pop.	Daur etnik pop.	Daur pop.	Orogen pop.	Ewenki pop.	Mongol pop.	Mongol pop.	Yunnan Bölgesi/Nu pop.	Han pop.	Mongol pop.	Luoba etnik pop.			<b>BÖLGE</b>
400 (200f/200m)	138 (63f/75m)	T:394	T:394	T:394	T:394	T:394	100 (49f/51m)	535 (340f/195m)	100 (53f/47m)	93 (53f/40m)			<b>BİREY SAYISI</b>
4	10	9	9	9	9	9	10	3	10	10			<b>STR</b>
Tetraplex	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>KİT</b>
Yok	3	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3	3	3	3	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>
DXS6800 (0,521)	DXS6789 (0,6328)	DXS713 3 (0,635)	DXS742 3 (0,534)	DXS7423 (0,744)	DXS713 3 (0,489)	DXS713 3 (0,489)	DXS8378 (0,5829)	DXS6803 (0,5551)	DXS7133 (0,6928)	DXS7423 (0,6088)			<b>PDF (MIN)</b>
DXS7132 (0,886)	DXS7132 (0,9544)	DXS679 9 (0,920)	DXS678 9 (0,915)	DXS6789 (0,900)	DXS101 (0,813)	DXS101 (0,813)	DXS6804 (0,7926)	DXS981 (0,6747)	DXS101 (0,9431)	DXS7132 (0,9332)			<b>PDF (MAX)</b>
DXS6800 (0,321)	DXS6804 (0,6969)	DXS713 3 (0,489)	DXS713 3 (0,481)	DXS7423 (0,484)	DXS742 3 (0,653)	DXS742 3 (0,653)	DXS7423 (0,7966)	DXS6803 (0,7400)	DXS7133 (0,6616)	DXS7423 (0,3796)			<b>PDm (MIN)</b>
DXS7132 (0,735)	DXS7132 (0,9180)	DXS679 9 (0,820)	DXS678 9 (0,835)	DXS6789 (0,787)	DXS101 (0,938)	DXS101 (0,938)	DXS7132/HPRTB (0,9391)	DXS981 (0,8403)	DXS101 (0,9423)	DXS7424 (0,7908)			<b>PDm (MAX)</b>
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>PE (MIN)</b>
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>PE (MAX)</b>
DXS9902 (0,3159)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	DXS7133 (0,3157)	<b>P (MIN)</b>
DXS6800 (0,9799)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	DXS7132 (0,9997)	<b>P (MAX)</b>
0,335-0,771	-	0,323-0,742	0,360-0,878	0,455-0,756	0,348-0,844	0,348-0,844	0,5862-0,8033	-	0,4766-0,8360	-	0,4766-0,8360	0,4320-0,7970	<b>H</b>

Çizelge 3.12.Devam. Çin’de Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri

14	13	12	12	12	11	11	11	10	YIL
2013	2011/2012	2011/2012	2011/2012	2011/2012	2010	2010	2010	2008/2009	
Shanghai Han pop. 591 (298f/ 293m)	Shanghai Han pop. 309 (109f/ 200m)	Kazak pop. T:1251 (581f/ 670m)	Uygur pop. T:1251 (581f/ 670m)	Han pop. T:1251 (581f/ 670m)	Mongol pop. T:890 (406f/ 484m)	Uygur pop. T:890 (406f/ 484m)	Han pop. T:890(406f/ 484m)	Zhejiang bölgesi/Han pop. 696 (383f/ 313m)	<b>BÖLGE</b>
16	12	15	15	15	9	9	9	7	<b>BİREY SAYISI</b>
-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>STR</b>
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Temsil Eden	<b>KİT</b>
DXS6800 (0,5385)	-	DXS6800 (0,6494)	DXS7133 (0,7677)	DXS6800 (0,3997)	DXS7423 (0,6671)	DXS7423 (0,7991)	DXS7423 (0,6518)	DXS7133 (0,5382)	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>
DXS101134 (0,9704)	-	DXS101 (0,9545)	DXS981 (0,9561)	DXS981 (0,9525)	DXS8377 (0,9814)	DXS8377 (0,9846)	DXS8377 (0,9837)	DXS981 (0,9484)	<b>PDF (MIN)</b>
DXS6800 (0,3151)	-	DXS6801 (0,5087)	DXS7133 (0,5890)	DXS7133 (0,3253)	DXS7423 (0,5087)	DXS7423 (0,5786)	DXS7423 (0,5080)	DXS7133 (0,3496)	<b>PDF (MAX)</b>
DXS10134 (0,8537)	-	DXS981 (0,8400)	DXS101 (0,8612)	DXS101 (0,8332)	DXS8377 (0,8853)	DXS8377 (0,9020)	DXS8377 (0,9060)	DXS981 (0,8259)	<b>PDm (MIN)</b>
-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>PDm (MAX)</b>
-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>PE (MIN)</b>
-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>PE (MAX)</b>
DXS10134 (0,001)	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>P (MIN)</b>
GATA172 D05	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>P (MAX)</b>
-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>H</b>

### 3.14. Avrupa Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2001 tarihinden 2014 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan X STR çalışmalarından 26 tane makale değerlendirilmiştir. 26 makale; Almanya, Avusturya, Finlandiya, Hırvatistan, İspanya, İsveç, İtalya, Macaristan, Polonya ve Portekiz popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 26 makalede 28 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 120 ile 1021 arasında olup, ortalaması 387,88'dir. 2 (%7,1) çalışmada birey sayısı verilmemiştir. Çalışmalarda kullanılan bireylerden kadın olanların sayısı 54 ile 328 arasında olup, ortalaması 168,30'dur. Erkek olanların sayısı ise 60 ile 718 arasında olup ortalaması 208,89'dur. Kadın birey sayısının verilmediği çalışma sayısı 8 (%28,6)'tir. Erkek birey sayısının verilmediği çalışma sayısı ise 9 (%32,1)'tir.

Çalışmalarda 2 ile 16 arasında farklı X STR kullanılmıştır. Çalışmaların 5'inde (%17,9) Mentype Argus X-8 kiti kullanılmıştır. 15 (%53,6) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 24'ünde (%85,7) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 1'inde (%3,6) doğum ile bilgi verilmişken, 1'inde (%3,6) orjini belli olan bireyler, 1'inde (%3,6) temsil eden bireyler ve 1'inde (%3,6) yerli bireyler kullanılmıştır. Kadın bireylerde, 6 (%21,4) çalışmada DXS7423 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS10135 lokusu ise 7 (%25,0) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 2 (%7,1) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Erkek bireylerde, 8 (%28,6) çalışmada DXS7423 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS8377 lokusu 7 (%25,0) çalışmada ve DXS10135 lokusu farklı 7 (%25,0) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 2 (%7,1) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir.

2 (%7,1) çalışmada DXS8378 lokusu dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS10011, DXS10135, DXS6803, DXS8377 ile HPRTB lokusları ise birbirinden farklı 1'er (%3,6) çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokuslardır. 23 (%82,1) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 2

(%7,1) çalışmada DXS10134 lokusu ve farklı 2 (%7,1) çalışmada DXS8378 lokusu P değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS10074 lokusu ise 3 (%10,7) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 16 (%57,1) çalışmada P değeri en yüksek ve 15 (%53,6) çalışmada P değeri en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,6779275 ile 0,8981300 değerleri arasındadır. 12 (%42,9) çalışmada heterozigotluk değerleri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Avrupa Kıtası'ndaki X STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.13'te verilmiştir (Afonso costa ve ark., 2014; Aler ve ark., 2007; Bini ve ark., 2005; Edelmann ve ark., 2001; Edelmann ve ark., 2010; Edelmann ve Szibor, 2003; Grskovic ve ark., 2013; Hedman ve ark., 2009; Hering ve ark., 2006; Hundertmark ve ark., 2008; Illescas ve ark., 2011; Illescas ve ark., 2012; Jedrzejczyk ve ark., 2009; Luczak ve ark., 2011; Peloso ve ark., 2004; Pepinski ve ark., 2005; Pereira ve ark., 2007; Poetsch ve ark., 2005; Robino ve ark., 2006; Tillmar ve ark., 2008; Wiegand ve ark., 2003; Zalan ve ark., 2007; Zalan ve ark., 2008; Zarrabeita ve ark., 2006; Zarrabeitia ve ark., 2002; Zarrabeitia ve ark., 2009).

**Çizelge 3.13.** Avrupa Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PDf (MİN)	PDf (MAX)	PDm (MİN)	PDm (MAX)	PE (MİN)	PE (MAX)	P (MİN)	P (MAX)	H
<b>1</b>	2001/2002	İspanya (Cantabria bölgesi)	125 (65f/ 60m)	2	-	Yok	DXS7423 (0,868)	DXS8377 (0,991)	DXS7423 (0,712)	DXS8377 (0,929)	-	-	-	-	-
<b>2</b>	2002/2003	Almanya	498 (306f/ 192m)	2	-	Yok	DXS7130 (0,911)	DXS6803 (0,940)	DXS7130 (0,753)	DXS6803 (0,814)	DXS7130 (0,592)	DXS6803 (0,667)	DXS6803 (0,198)	DXS7130 (0,217)	0,7876-0,8117
<b>3</b>	2002/2003	Almanya	329 (220f/ 109m)	3	-	Yok	DXS6800 (0,870)	DXS8377 (0,983)	DXS6800 (0,704)	DXS8377 (0,904)	-	-	-	-	0,648-0,914

**Çizelge 3.13.Devam.** Avrupa Kitasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özeti

11	10	9	8	7	6	5	4	3	YIL
2006/2007	2006	2005	2005	2004/2005	2004/2005	2004	2004	2002/2003	YIL
İspanya (Valencia)	İtalya	Macaristan	Almanya	Polonya	Almanya (Kuzeydoğu)	İtalya (5 şehir)	İtalya (Kuzeybatı)	Avusturya	BÖLGE
145 (145f)	160 (80f/80m)	384 (165f/219m)	1021 (328f/693m)	240 (120f/120m)	205 (100f/105m)	556 (268f/288m)	120 (60f/60m)	405 (270f/135m)	BİREY SAYISI
10	12	4	3	4	10	7	5	3	STR
Multiplex	2 multiplex	-	-	-	2 pentaplex	Heptaplex	Triplex ile duplex	-	KİT
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yerli	Yok	Yok	KÖKEN ANALİZİ
DXS7423 (0,8502)	DXS6801 (0,791)	DXS8378 (0,852)	DXS10075 (0,856)	DXS8378 (0,843)	DXS7133 (0,844)	DXS6807 (0,818)	DXS7423 (0,8245)	DXS6800 (0,889)	PDF (MIN)
DXS9898 (0,9998)	DXS10011 (0,992)	HPRTB (0,908)	DXS10074 (0,951)	HPRTB (0,896)	DXS10011 (0,995)	DXS10011 (0,992)	DXS8377 (0,9874)	DXS8377 (0,989)	PDF (MAX)
DXS7423 (0,6834)	DXS6801 (0,607)	DXS7423 (0,694)	DXS10075 (0,690)	DXS7423 (0,691)	DXS7133 (0,682)	DXS6807 (0,566)	DXS6795 (0,6381)	DXS6800 (0,736)	PDM (MIN)
DXS8377 (0,9270)	DXS10011 (0,937)	DXS7132 (0,734)	DXS10074 (0,832)	HPRTB (0,724)	DXS10011 (0,948)	DXS10011 (0,944)	DXS8377 (0,9045)	DXS8377 (0,923)	PDM (MAX)
-	-	-	-	DXS8378 (0,490)	-	DXS6807 (0,373)	-	-	PE (MIN)
-	-	-	-	HPRTB (0,560)	-	DXS10011 (0,892)	-	-	PE (MAX)
DXS101 (0,00002)	-	DXS8378 (0,064)	DXS10075 (0,025)	HPRTB (0,1478)	-	DXS7423 (0,02)	-	-	P (MIN)
DXS8378 (0,8751)	-	DXS7423 (0,869)	DXS10074 (0,446)	DXS7132 (0,9766)	-	HUMARA (0,999)	-	-	P (MAX)
0,6759-0,9448	-	0,733-0,794	0,668-0,851	0,640-0,783	0,684-0,950	0,645-0,937	0,70-0,983	-	H

**Çizelge 3.13.Devam.** Avrupa Kitasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özeti

19	19	18	17	16	15	14	13	12	YIL
2009	2009	2008/2009	2008/2009	2008/2009	2008	2008	2006/2008	2006/2007	YIL
Finlandiya (Somali pop.) T:700 (298f/293m)	Finlandiya (Finlandiya pop.) T:700 (298f/293m)	Polonya 120 (60f/60m)	İspanya (4 pop.) 525	Almanya 538	İsveç 824 (106f/718m)	Almanya -	Macaristan 384 (165f/219m)	Portekiz (5 bölge) 347	BÖLGE
8	8	4	10	6	8	3	8	10	BİREY SAYISI
Mentype Argus X-8	Mentype Argus X-8	Mentype Argus X-8	Decaplex	-	Mentype Argus X-8	-	-	-	STR
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Temsil Eden	Yok	Yok	Doğum ile ilgili bilgi	KİT
DXS7423 (0,8182)	DXS8378 (0,8252)	DXS10074 (0,949)	DXS7133 (0,8200)	DXS10164 (0,670)	DXS7132- DXS10074	DXS8378 (0,8544)	DXS10074 (0,9569)	DXS7423 (0,8364)	KÖKEN ANALİZİ
DXS10135 (0,9954)	DXS10135 (0,9887)	DXS10135 (0,992)	GATA172 D05	DXS10163 (0,929)	DXS10135- DXS8378	DXS10135 (0,9866)	DXS10135 (0,9922)	DXS8377 (0,9875)	PDF (MIN)
DXS7423 (0,6510)	DXS8378 (0,6720)	DXS10074 (0,793)	DXS7133 (0,6511)	DXS10164 (0,471)	DXS7132- DXS10074	DXS8378 (0,7023)	DXS10074 (0,8436)	DXS7423 (0,6779)	PDF (MAX)
DXS10135 (0,9510)	DXS10135 (0,9219)	DXS10135 (0,931)	GATA172 D05	DXS10163 (0,794)	DXS10135- DXS8378	DXS10135 (0,9156)	DXS10135 (0,9362)	DXS8377 (0,9208)	PDM (MIN)
-	-	-	-	-	-	-	-	-	PDM (MAX)
-	-	-	-	-	-	-	-	-	PE (MIN)
-	-	-	-	-	-	-	-	-	PE (MAX)
-	-	DXS10134 (0,213)	-	DXS10164 (0,297)	-	-	DXS10134 (0,5081)	-	P (MIN)
-	-	DXS10074 (0,879)	-	DXS10163 (0,860)	-	-	DXS10074 (0,9990)	-	P (MAX)
-	-	0,833- 0,933	-	0,480- 0,823	-	0,7042- 0,9180	0,8485- 0,9273	-	H

**Çizelge 3.13.Devam.** Avrupa Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri

26	25	24	23	22	21	20	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PDF (MIN)	PDF (MAX)	PDm (MIN)	PDm (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
2013/2014	2013	2013	2013	2012	2011	2010/2011															
Portekiz (Lisboa)	İspanya (5 pop.)	Hırvatistan	Almanya	İspanya (Navarre)	İspanya (Murcia bölgesi)	Polonya															
149 (54f/95m)	614	177 (99f/78m)	-	185	311 ile 4 üçüz birey	311 (159f/152m)															
12	6	8	16	10	10	15															
Argus X-12	-	Mentype Argus X-8	-	-	-	Mentype Argus X-8															
Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Orjini Belli															
DXS7423 (0,79115)	DXS7130/ DXS9895	DXS8378 (0,8447)	DXS7133 (0,800)	DXS7133 (0,800)	DXS7133 (0,8105)	DXS10074 (0,82)															
DXS10135 (0,99416)	GATA172 D05	DXS10135 (0,9918)	DXS8377 (0,989)	DXS8377 (0,989)	GATA3IE08 (0,9355)	DXS10011 (0,991)															
DXS7423 (0,62888)	DXS7130 (0,733)	DXS8378 (0,6922)	DXS7133 (0,635)	DXS7133 (0,635)	DXS7133 (0,6503)	DXS7423 (0,681)															
DXS10135 (0,94418)	GATA172 D05	DXS10135 (0,9345)	DXS8377 (0,924)	DXS8377 (0,924)	GATA3IE08 (0,8537)	DXS10011 (0,96)															
-	-	DXS8378 (0,4163)	DXS7133 (0,422)	DXS7133 (0,422)	-	-															
-	-	DXS10135 (0,8663)	DXS8377 (0,855)	DXS8377 (0,855)	-	-															
-	-	DXS10074 (0,082)	DXS9895/ DXS9898 (0,077)	DXS9895/ DXS9898 (0,077)	DXS8378 (0,18327)	DXS10011/ DXS6807 (0)															
-	-	DXS10135 (0,807)	HPRTB (0,981)	HPRTB (0,981)	DXS7133 (0,99446)	DXS7424 (0,7403)															
0,58824-0,94118	-	0,67677-0,95960	0,658-0,922	0,658-0,922	-	0,5534-0,9371															

### 3.15. Güney Amerika Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları

2007 tarihinden 2010 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan X STR çalışmalarından 7 tane makale değerlendirilmiştir. 7 makale; Arjantin, Brezilya, Kolombiya, Rio de Janeiro, Sao Paulo ve Vitoria popülasyonlarından bireyler

kullanılarak yapılmıştır. 7 makalede 11 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 72 ile 1001 arasında olup, ortalaması 489,09'dur. 2 (%2,5) çalışmada birey sayısı verilmemiştir. Çalışmalarda kullanılan bireylerden kadın olanların sayısı 72 ile 142 arasında olup, ortalaması 113,40'tır. Erkek olanların sayısı ise 108 ile 182 arasında olup ortalaması 133,00'dır. Kadın ve erkek birey sayısının verilmediği çalışma sayısı 6 (%54,5)'dir.

Çalışmalarda 5 ile 11 arasında farklı X STR kullanılmıştır. Çalışmaların 1'inde (%9,1) Multiplex kit kullanılmıştır. 10 (%90,9) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 7'sinde (%63,6) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 3'ünde (%27,3) orijini belli olan bireyler ve 1'inde (%9,1) yerli bireyler kullanılmıştır. Kadın bireylerde, 3 (%27,3) çalışmada DXS7423 lokusu ve farklı 3 (%27,3) çalışmada DXS8378 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS6809 lokusu ise 5 (%45,5) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. Erkek bireylerde, 3 (%27,3) çalışmada DXS7423 lokusu ve farklı 3 (%27,3) çalışmada DXS8378 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS6809 lokusu ise 5 (%45,5) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur.

Tüm çalışmalarda dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 2 (%18,2) çalışmada DXS7133 lokusu P değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS8378 lokusu ise 3 (%27,3) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 5 (%45,5) çalışmada P değeri en yüksek ve P değeri en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,5892129 ile 0,8618914 değerleri arasındadır. 4 (%36,4) çalışmada heterozigotluk değerleri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Güney Amerika Kıtası'ndaki X STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.14'te verilmiştir (Caine ve ark., 2010; Martins ve ark., 2010; Martins ve ark., 2010; Pico ve ark., 2008; Ribeiro ve ark., 2008; Tavares ve ark., 2008; Toscanini ve ark., 2009).

**Çizelge 3.14.** Güney Amerika Kitasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özeti

	6	6	6	6	6	6	6	6	5	4	3	2	1	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PDF (MIN)	PDF (MAX)	PDm (MIN)	PDm (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H	
2009/2010	2009/2010	2009/2010	2009/2010	2009/2010	2009/2010	2009/2010	2009/2010	2009/2010	2009/2010	2009/2010	2007/2008	2007/2008	2007/2008	2007/2008	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
Belo Horizonte	Vitoria (Brezilya)	Rio de Janeiro	Sao Paulo (Brezilya)	Brezilya (Santa)	Brezilya (4 pop.)	Kolombiya (Santander)	Brezilya (Amazon)	Brezilya (Rio de Janeiro)	Brezilya (72f/112m)	Brezilya (109f/134m)	Brezilya (110f/108m)	Brezilya (142f/182m)	Brezilya (134f/129)/ 213 (119f/94m)	Brezilya (Rio de Janeiro)	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
T:1001	T:1001	T:1001	T:1001	T:1001	T:1001	T:1001	T:1001	T:1001	184 (72f/112m)	243 (109f/134m)	218 (110f/108m)	324 (142f/182m)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	Brezilya (Rio de Janeiro)	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	5	10	11	6	Brezilya (Rio de Janeiro)	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Multiplex	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Yok	Yok	Yok	Yok	Yerli	Orjini Belli	Yok	Yok	Yok	Yerli	Orjini Belli	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	-	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
DXS8378 (0,8331)	DXS7423 (0,8317)	DXS8378 (0,8376)	DXS7423 (0,8119)	DXS7133 (0,8176)	DXS6808 (0,658)	DXS7423 (0,8119)	DXS7423 (0,8119)	DXS7133 (0,8176)	DXS6809 (0,9309)	DXS6808 (0,451)	DXS8378 (0,7973)	DXS7423 (0,823)	DXS7133 (0,8381)	DXS7133 (0,8381)	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
GATA172 D05	DXS6809 (0,9527)	DXS6809 (0,9704)	DXS6809 (0,9438)	DXS6809 (0,9309)	DXS101 (0,975)	DXS6809 (0,9438)	DXS6809 (0,9438)	DXS6809 (0,9309)	DXS6809 (0,9309)	DXS6808 (0,451)	DXS8377 (0,9862)	DXS10011 (0,997)	DXS8377 (0,9888)	DXS8377 (0,9888)	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
DXS8378 (0,6829)	DXS7423 (0,6691)	DXS8378 (0,6838)	DXS7423 (0,6424)	DXS7133 (0,3151)	DXS6808 (0,451)	DXS7423 (0,6424)	DXS7423 (0,6424)	DXS7133 (0,3151)	DXS6809 (0,7902)	DXS101 (0,881)	DXS8378 (0,6356)	DXS7423 (0,654)	DXS7133 (0,6797)	DXS7133 (0,6797)	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
GATA172 D05	DXS6809 (0,8326)	DXS6809 (0,8537)	DXS6809 (0,8167)	DXS6809 (0,7902)	DXS101 (0,881)	DXS6809 (0,8167)	DXS6809 (0,8167)	DXS6809 (0,7902)	DXS6809 (0,7902)	DXS101 (0,881)	DXS8377 (0,9141)	DXS10011 (0,960)	DXS7133 (0,8381)	DXS7133 (0,8381)	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
DXS8378 (0,0242)	DXS7423 (0,0264)	DXS7133 (0,0096)	DXS7133 (0,0057)	DXS6789 (0,0005)	DXS101 (0,03)	DXS7133 (0,0057)	DXS7133 (0,0057)	DXS6789 (0,0005)	DXS6789 (0,0005)	DXS101 (0,03)	-	-	-	-	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
GATA3IE 08	DXS9898 (0,9734)	DXS8378 (0,9091)	DXS8378 (0,9636)	DXS8378 (0,9988)	DXS7424 (0,991)	DXS8378 (0,9636)	DXS8378 (0,9636)	DXS8378 (0,9988)	DXS8378 (0,9988)	DXS7424 (0,991)	-	-	-	-	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	
0,6296- 0,8796	0,6437- 0,8062	0,6207- 0,8276	0,5644- 0,8232	-	0,395- 0,789	0,5644- 0,8232	0,5644- 0,8232	-	-	0,395- 0,789	0,60909- 0,96364	0,662- 0,944	0,662- 0,944	0,662- 0,944	Brezilya (Rio de Janeiro)	263 (134f/129)/ 213 (119f/94m)	6	-	Yok	DXS7133 (0,8381)	DXS8377 (0,9888)	DXS7133 (0,6797)	DXS8377 (0,9232)	-	-	-	-	-	

**Çizelge 3.14.Devam.** Güney Amerika Kıtasında Yapılan X-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	PDF (MIN)	PDF (MAX)	PDm (MIN)	PDm (MAX)	PE (MIN)	PE (MAX)	P (MIN)	P (MAX)	H
7	2009	Arjantin (Toba pop.)	T:72	10	-	Orjini Belli	GATA31E0 8 (0,572)	DXS7132 (0,919)	GATA31E0 8 (0,360)	DXS7132 (0,776)	-	-	-	-	-
7	2009	Arjantin (Colla pop.)	T:72	10	-	Orjini Belli	DXS9902 (0,691)	DXS6809 (0,891)	DXS9902 (0,502)	DXS6809 (0,725)	-	-	-	-	-

### 3.16. Tüm X STR Çalışmalarının İstatistikî Bulguları

2001 tarihinden 2015 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan X STR çalışmalarından 66 tane makale değerlendirilmiştir. 66 makalenin 2'si Afrika, 31'i Asya, 26'sı Avrupa ve 7'si Güney Amerika kıtasında yapılmıştır. 66 makalede 82 çalışmanın verileri değerlendirilmiştir. 81 çalışmanın 4'ü Afrika, 38'i Asya, 28'i Avrupa ve 11'i Güney Amerika kıtasında yapılmıştır. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 72 ile 1251 arasında olup, ortalaması 427,29'dur. 2 (%2,5) çalışmada birey sayısı verilmemiştir. Çalışmalarda kullanılan bireylerden kadın olanların sayısı 45 ile 581 arasında olup, ortalaması 190,30'dur. Erkek olanların sayısı ise 40 ile 718 arasında olup ortalaması 228,70'tir. Kadın birey sayısının verilmediği çalışma sayısı 24 (%29,6)'tür. Erkek birey sayısının verilmediği çalışma sayısı ise 25 (%30,9)'tir.

Çalışmalarda 2 ile 18 arasında farklı X STR kullanılmıştır. Çalışmaların 7'sinde (%8,6) Mentype Argus X-8 kiti, 4'ünde (%4,9) Decaplex kit kullanılmıştır. 55 (%67,9) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 67'sinde (%82,7) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 5'inde (%6,2) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 1'inde (%1,2) doğum ile bilgi verilmişken, 4'ünde (%4,9) orjini belli olan bireyler, 2'sinde (%2,5) temsil eden bireyler ve 2'sinde (%2,5) yerli bireyler kullanılmıştır. Kadın

bireylerde, 25 (%30,9) çalışmada DXS7423 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS8377 lokusu ise 19 (%23,5) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 4 (%4,9) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. Erkek bireylerde, 26 (%32,1) çalışmada DXS7423 lokusu ayırım gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS8377 lokusu ise 19 (%23,5) çalışmada ayırım gücü en yüksek olan lokustur. 4 (%4,9) çalışmada ayırım gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir.

Tüm bireylerde, birbirinden farklı 2 (%2,5) çalışmada DXS7133, DXS7423, DXS8378 ile HPRTB lokusları dışlama gücü en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS10011 ile DXS10135 lokusları ise birbirinden farklı 3 (%3,7) çalışmada dışlama gücü en yüksek olan lokuslardır. 68 (%84,0) çalışmada dışlama gücü en yüksek ve en düşük lokuslar verilmemiştir. 4 (%4,9) çalışmada DXS101 lokusu P değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DXS7132 lokusu ise 5 (%6,2) çalışmada P değeri en yüksek olan lokustur. 47 (%58) çalışmada P değeri en yüksek ve 48 (%59,3) çalışmada P değeri en düşük lokuslar verilmemiştir. Heterozigotluk ortalama 0,5604007 ile 0,8713330 değerleri arasındadır. 38 (%46,9) çalışmada heterozigotluk değerleri verilmemiştir.

### **3.17. Türkiye’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları**

2003 tarihinden 2017 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan Y-STR çalışmalarından 10 tane makale değerlendirilmiştir. 10 makale; Anadolu, Doğu Akdeniz, Doğu Anadolu ve Güneydoğu Anadolu bölgelerinde yapılmıştır. Bunların dışında spesifik şehirlerden (Antalya, Çukurova, Kıbrıs) alından örneklerle yapılan çalışmalar da mevcuttur. 10 makalede 12 çalışma verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 59 ile 457 arasında olup, ortalaması 171,50’dir. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir.

Çalışmalarda 6 ile 17 arasında farklı Y STR kullanılmıştır. Çalışmaların 5’inde (%41,7) AmpFlSTR Y Filer kiti, 3’ünde (%25,0) GenRES DYSpIex-1 ile GenRES

DYSplex-2 kiti kullanılmıştır. Tüm çalışmalarda kullanılan kitler belirtilmiştir. Çalışmaların 8'inde (%66,7) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 1'inde (%8,3) 2 jenerasyona ve 3'ünde (%25,0) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır.

6 (%50,0) çalışmada DYS391 lokusu genetik çeşitlilik (GD) değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DYS385 lokusu ise 7 (%58,3) çalışmada genetik çeşitlilik değeri en yüksek olan lokustur. Çalışmalardaki haplotip çeşitliliği (HD) 0,99590-1,00000 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama haplotip çeşitliliği 0,9986833'tür. Çalışmaların 6'sında (%50,0) HD değeri verilmemiştir. Çalışmalardaki ayırım kapasitesi (DC) 0,90510-1,00000 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama ayırım kapasitesi 0,9398250'dir. Çalışmaların 8'inde (%66,7) DC değeri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Türkiye'deki Y STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.15'te verilmiştir (Asıcıoğlu ve ark., 2003; Baransel ve ark., 2015; Cakır ve ark., 2004; Demirçin ve Serdar, 2010; Dönbak ve ark., 2006; Ozbas-Gerceker ve ark., 2013; Rustamov ve ark., 2004; Serin ve ark., 2011; Teralı ve ark., 2014; Tokdemir ve Tunçez, 2017).

**Çizelge 3.15.** Türkiye'de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KIT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MİN)	GD (MAX)	HD	DC
1	2003	Farklı Bölgeler	200	6	Y Plex 6	Yok	DYS391 (0,483)	DYS385 (0,960)	-	-
2	2003/2004	Anadolu Bölgesi	59	8	3 multiplex	3 Jenerasyon	DYS388 (0,5419)	DYS389II (0,8138)	-	-
3	2003/2004	Anadolu Bölgesi (13 şehir)	113	11	Y Plex 6 ile Y Plex 5	Yok	DYS391 (0,4561)	DYS385a/b (0,9532)	0,9987	-

Çizelge 3.15.Devam. Türkiye’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özeti

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MİN)	GD (MAX)	HD	DC
10	2016/2017	Doğu Anadolu Bölgesi	457	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	DYS391 (0,445) DYS385a/b (0,954)	0,9986		0,9342
9	2015	Anadolu Bölgesi	106	16	AmpFIST R Y Filer	Yok	DYS391 (0,564) DYS385 (0,876)	1		1,00
8	2013/2014	Kıbrıs	253	17	AmpFIST R Y Filer	2 Jenerasyon	DYS392 (0,3828) DYS385a/b (0,9631)	0,9992		0,9051
7	2013	Güneydoğu Anadolu	86	17	AmpFISTR Y Filer	3 Jenerasyon	DYS437 (0,44) DYS385 (0,95)	0,9959 ± 0,0029		0,92
6	2011	Çukurova	249	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	DYS391 (0,51) DYS385a/b (0,95)	0,9997 ± 0,0004		-
5	2009/2010	Antalya	210	8	PowerPlex Y	3 Jenerasyon	DYS391 (0,4929) DYS385 (0,8905)	-		-
4	2005/2006	Doğu Akdeniz Bölgesi	110	10	GenRES DYSpIlex-1 ile genRES	Yok	DXYS156-Y (0,195) DYS385 (0,942)	-		-
4	2005/2006	Doğu Akdeniz Bölgesi	111	10	GenRES DYSpIlex-1 ile genRES	Yok	DXYS156-Y (0,164) DYS385 (0,942)	-		-
4	2005/2006	Doğu Akdeniz Bölgesi (Eti Türkleri)	104	10	GenRES DYSpIlex-1 ile genRES	Yok	DXYS156-Y (0,221) DYS385 (0,989)	-		-

### 3.18. Afrika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

1999 tarihinden 2013 yılına kadar popülasyon genetiđi konusunda yapılan Y-STR çalışmalarından 20 tane makale deđerlendirilmiştir. 20 makale; Andalus, Angolares, Arap, Berberi, Cape Town, Fas, Forros, Gine Bissau, Güney Afrika, Libya, Mısır, Mozabitler, Mozambik, Namibia, Sahara, Sejenane, Somali Takrouna, Tongas ve Tunus popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 20 makalede 32 çalışma verileri deđerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 19 ile 267 arasında olup, ortalaması 96,69'dur. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir.

Çalışmalarda 7 ile 28 arasında farklı Y STR kullanılmıştır. Çalışmaların 11'inde (%34,4) AmpFISTR Y Filer kiti, 6'sında (%18,8) PowerPlex Y kiti kullanılmıştır. 9 (%28,1) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 21'inde (%65,6) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 3'ünde (%9,4) 2 jenerasyona ve 6'sında (%18,8) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 1'inde (%3,1) orjini belli olan bireyler ve 1'inde (%3,1) etnisitesi belli olan bireyler kullanılmıştır.

12 (%37,5) çalışmada DYS32 lokusu genetik çeşitlilik (GD) deđeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DYS385 lokusu ise 9 (%28,1) çalışmada genetik çeşitlilik deđeri en yüksek olan lokustur. 16 (%50,0) çalışmada GDmin ve 12 (%37,5) çalışmada GD max deđerleri verilmemiştir. Çalışmalardaki haplotip çeşitliliđi (HD) 0,56990-0,99980 deđerleri arasında deđişmektedir. Ortalama haplotip çeşitliliđi 0,9546444'tür. Çalışmaların 5'inde (%15,6) HD deđeri verilmemiştir. Çalışmalardaki ayırım kapasitesi (DC) 0,77140-0,9600 deđerleri arasında deđişmektedir. Ortalama ayırım kapasitesi 0,8759800'dır. Çalışmaların 27'sinde DC deđeri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Afrika Kıtası'ndaki Y STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.16'da verilmiştir (Aboukhalid ve ark., 2010; Alves ve ark., 2003; Avadi ve ark., 2006; Bosch ve ark., 2000; Cherni ve ark., 2005; Elmrghni ve ark., 2012; Fadhlouid ve ark., 2012; Frigi ve ark., 2006; Fujihara ve ark., 2009; Gaibar ve ark., 2011; Hallenberg ve ark., 2005; Immel ve ark., 2006; Kido ve ark., 2006; Laouina ve ark., 2011; Leat ve ark., 2004; Omran ve ark., 2008; Quintana-murci ve ark., 2004; Rosa ve ark., 2006; Triki-fendri ve ark., 2013; Trovoada ve ark., 2001).

**Çizelge 3.16.** Afrika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
1	1999/2000	Faslı Araplar (Kuzeybatı Afrika)	44	8	-	3 Jenerasyon	DYS392 (0,130)	DYS391 (0,665)	0,921	-
1	1999/2000	Faslı Berberiler (Kuzeybatı Afrika)	44	8	-	3 Jenerasyon	DYS392 (0,090)	DYS390 (0,636)	0,967	-
1	1999/2000	Sahara (Kuzeybatı Afrika)	29	8	-	3 Jenerasyon	DYS393 (0,296)	DYS389II (0,613)	0,867	-
1	1999/2000	Mozabitler (Kuzeybatı Afrika)	68	8	-	3 Jenerasyon	DYS392 (0,086)	DYS390 (0,594)	0,856	-
2	2000/2001	Angolares (Sao Tome)	21	7	-	Yok	-	-	0,967± 0,030	-
2	2000/2001	Forros (Sao Tome)	38	7	-	Yok	-	-	0,994± 0,008	-

**Çizelge 3.16.Devam.** Afrika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
	2000/2001	Tongas (Sao Tome)	44	7	-	Yok	-	-	0,991± 0,008	-
	2002/2003	Mozambik	112	18	-	Yok	DYS392 (0,0179)	DYS385 (0,9220)	0,9973	-
	2003/2004	Cape Town (Kafkasyalı)	100	9	Multiplex	Yok	DYS393 (0,33)	DYS385 (0,82)	-	-
	2003/2004	Cape Town (Xhosa)	99	9	Multiplex	Yok	DYS392 (0,08)	DYS385 (0,92)	-	-
	2003/2004	Fas (Berberi pop.)	49	12	2 multiplex	Yok	-	-	0,9821± 0,0096	-
	2003/2004	Fas (Arap pop.)	60	12	2 multiplex	Yok	-	-	0,9605± 0,0193	-
	2004/2005	Somali	201	11	PowerPlex Y	Yok	DYS437 (0,0491)	DYS385a/ b (0,8440)	0,9715	-
	2004/2005	Andalus (Tunus)	132	11	PowerPlex Y	Yok	-	-	0,9785± 0,0062	-
	2004/2005	Berberi (Tunus)	30	11	PowerPlex Y	Yok	-	-	0,9448± 0,0323	-
	2004/2005	Araplar (Tunus)	31	11	PowerPlex Y	Yok	-	-	0,5699± 0,0797	-



**Çizelge 3.16.Devam.** Afrika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
16	2010/2011	Fas (Casablanca pop.)	166	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	DYS392 (0,171)	DYS385a/b (0,883)	0,9974	0,855
17	2010/2011	Fas (Arap pop.)	53	16	AmpFIST R Y Filer	2 Jenerasyon	DYS392 (0,041)	DYS385 (0,706)	0,973	-
17	2010/2011	Fas (Berberi pop.)	36	16	AmpFIST R Y Filer	2 Jenerasyon	DYS392 (0,000)	DYS458 (0,743)	0,964	-
18	2011/2012	Libya (Benghazi)	238	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	-	DYS385a/b (0,82)	-	0,996
19	2012	Tunus (Sousse pop.)	218	17	AmpFIST R Y Filer	2 Jenerasyon	DYS392 (0,2050)	DYS385 (0,8760)	0,9916	-
20	2012/2013	Libya (Tripoli)	176	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	-	-	0,9950	-

### 3.19. Asya Kıtasında (Çin ve Japonya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

1998 tarihinden 2014 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan Y-STR çalışmalarından 34 tane makale değerlendirilmiştir. 34 makale; Afganistan, Bangladeş, Bhutan, Bidayuh, Buryatya Cumhuriyeti, Doğu Timor, Hindistan, İban, Irak, Kazakistan, Kore, Kuveyt, Malay, Malezya, Melanau, Nepal, Singapur, Suriye, Tayvan ve Yakutistan popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 34 makalede 43 çalışma verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı

10 ile 1021 arasında olup, ortalaması 242,09'dur. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir.

Çalışmalarda 6 ile 26 arasında farklı Y STR kullanılmıştır. Çalışmaların 20'sinde (%46,5) AmpFISTR Y Filer kiti, 8'inde (%18,6) PowerPlex Y kiti kullanılmıştır. 4 (%9,3) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 25'inde (%58,1) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 3'ünde (%7,0) 2 jenerasyona ve 5'inde (%11,6) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 4'ünde (%9,3) orjini belli olan bireyler ve 6'sında (%14,0) etnisitesi belli olan bireyler kullanılmıştır.

12 (%27,9) çalışmada DYS391 lokusu genetik çeşitlilik (GD) değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DYS385a lokusu ise 13 (%30,2) çalışmada genetik çeşitlilik değeri en yüksek olan lokustur. 16 (%37,2) çalışmada GDmin ve GD max değerleri verilmemiştir. Çalışmalardaki haplotip çeşitliliği (HD) 0,59260-0,99990 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama haplotip çeşitliliği 0,9358483'tür. Çalışmaların 14'ünde (%32,6) HD değeri verilmemiştir. Çalışmalardaki ayırım kapasitesi (DC) 0,38800-0,99700 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama ayırım kapasitesi 0,8015923'tür. Çalışmaların 30'unda (%69,8) DC değeri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Asya Kıtası'ndaki (Çin hariç) Y STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.17'de verilmiştir (Abdin ve ark., 2003; Achakzai ve ark., 2012; Alam ve ark., 2010; Asamura ve ark., 2008; Asamura ve ark., 2007; Brinkmann ve ark., 1999; Chang ve ark., 2007; Chang ve ark., 2009; Chun ve ark., 2005; Dobashi ve ark., 2005; Hashiyada ve ark., 2006; Hashiyada ve ark., 2008; Hsing-mei ve ark., 2003; Hwang ve ark., 2007; Iida ve ark., 2002; Imad ve ark., 2014; Kido ve ark., 2004; Kim ve ark., 2008; Kim ve ark., 2001; Koyama ve ark., 2001; Lacau ve ark., 2011; Lee ve ark., 2003; Mizuno ve ark., 2008; Nair ve ark., 2011; Nayak ve ark., 2015; Ogata ve ark., 2005; Park ve ark., 2005; Park ve ark., 2009; Parkin ve ark., 2007; Parkin ve ark., 2006; Peng ve ark., 2008; Seong ve ark., 2011; Souto ve ark., 2006; Tang ve ark., 2006; Tarlykov ve ark., 2013; Triki-fendri ve ark., 2010; Tsai ve ark., 2002; Uchihi ve ark., 2003; Wozniak ve ark., 2006; Wu ve ark.,

2011a; Wu ve ark., 2011b; Yadav ve ark., 2010; Yong ve ark., 2006; Zhang ve lee, 2007).

**Çizelge 3.17.** Asya Kıtasında (Çin ve Japonya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özeti

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
1	1998/1999	Irak (Kürt pop.)	101	7	AmpFIST R Y Filer	Yok	-	-	0,9783	-
2	2000/2001	Kore	330	7	-	Yok	DYS391 (0,4333)	DYS389II (0,7505)	0,9983	-
3	2001/2002	Tayvan (Han pop.)	183	9	1 quadruplex, 1 triplex ile 2 singleplex	Yok	-	-	0,9999	0,885
4	2002/2003	Tayvan	173	9	Quadruple x ile triplex	2 Jenerasyon	-	-	-	-
5	2003	Kore	300	6	Single multiplex	Yok	DYS436 (0,102)	DYS438 (0,672)	0,939	-
6	2003	Suriye (Arap pop.)	113	13	3 multiplex	Yok	DXYS156-Y (0,22)	DYS385 (0,93)	0,9902	-
7	2004/2005	Bangladeş	72	10	Y Plex 6 ile Y Plex 5	Yok	DYS391 (0,3447)	DYS385 (0,9325)	0,9996	0,9861
8	2004/2005	Kore	301	19	3 multiplex	Yok	-	-	0,9999	-

**Çizelge 3.17.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Japonya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

		YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
15	2005/2007		Kore	569	12	PowerPlex Y	473	DYS391 (0,2586)	DYS385a/b (0,9558)	0,9985	0,8313
14	2005/2006	Hint pop. (Singapur)		182	12	PowerPlex Y	Yok	DYS391 (0,410)	DYS385a/b (0,946)	-	-
14	2005/2006	Malay pop. (Singapur)		186	12	PowerPlex Y	Yok	DYS437 (0,359)	DYS385a/b (0,965)	-	-
14	2005/2006	Çin pop. (Singapur)		208	12	PowerPlex Y	Yok	DYS391 (0,354)	DYS385a/b (0,954)	-	-
13	2005/2006	Buryatya Cumhuriyeti		215	12	PowerPlex Y	Orjini Belli	DYS437 (0,1415)	DYS385 (0,7138)	-	-
12	2005/2006	Bhutan		856	26	20 Plex ile 14 Plex	Yok	DYS435 (0,046)	DYS385 (0,921)	-	-
11	2004/2006	Singapur		212	11	AmpFIST R Y Filer	Yok	DYS391 (0,439)	DYS385a/b (0,948)	0,9981	0,8679
10	2004/2006	Doğu Timor		138	11	PowerPlex Y	Yok	-	-	0,9957±0,0017	-
9	2004/2005	Kore		259	12	PowerPlex Y	Yok	DYS391 (0,306)	DYS385 (0,953)	0,9987	-

**Çizelge 3.17.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Japonya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
21	2008/2009	İban pop. (Malezya)	103	17	AmpFIST R Y Filer	Etnisite belli	DYS438 (0,215)	DYS385a/b (0,963)		-
20	2008	Malezya (Minang pop.)	10	6	-	3 Jenerasyon	-	-	0,8000	-
20	2008	Malezya (Kelantan pop.)	10	6	-	3 Jenerasyon	-	-	0,5926	-
19	2007/2008	Kore	526	16	PowerPlex Y ile AmpFISTR Y Filer	Yok	DYS391 (0,3169)	DYS385a/b (0,9603)	0,9996	0,9087
18	2006/2007	Nepal	769	26	20 Plex ile 14 Plex	Yok	DYS435 (0,036)	DYS385 (0,915)	-	0,997
17	2006/2007	Kore	355	8	-	Yok	DYS456 (0,4902)	DYS446 (0,7883)	0,9958	-
16	2005/2007	Hint pop. (Malezya)	315	16	AmpFIST R Y Filer	Etnisite belli	-	-	0,9997±0,0001	-
16	2005/2007	Çin pop. (Malezya)	331	16	AmpFIST R Y Filer	Etnisite belli	-	-	0,9998±0,0001	-
16	2005/2007	Malay pop. (Malezya)	334	16	AmpFIST R Y Filer	Etnisite belli	-	-	0,9999±0,0001	-

**Çizelge 3.17.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Japonya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

		YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
21		2008/2009	Bidayuh (Malezya)	113	17	AmpFIST R Y Filer	Etnisite belli	DYS392 (0,258)	DYS385a/b (0,880)		-
21		2008/2009	Melanau pop. (Malezya)	104	17	AmpFISTR Y Filer	Etnisite belli	DYS438 (0,160)	DYS385a/b (0,878)		-
22		2008/2010	Bangladeş	216	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	DYS391 (0,4105)	DYS385 (0,9315)	0,9998	-
23		2008/2011	Tayvan	208	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	DYS438 (0,1014)	DYS385a/b (0,8354)	0,9922	0,6490
24		2009	Kore	320	12	Dodecaplex x	Orjini Belli	DYS450 (0,196)	DYS458 (0,764)	0,996	0,794
25		2009/2010	Hindistan (Brahmin pop.)	122	17	AmpFISTR Y Filer	3 Jenerasyon	DYS391 (0,4813)	DYS385a/b (0,8645)		-
26		2009/2010	Kore	1021	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	DYS391 (0,3089)	DYS385a/b (0,9617)	0,9998	0,9187
27		2009/2010	Kuveyt	126	12	PowerPlex Y	3 Jenerasyon			0,994	-

**Çizelge 3.17.Devam.** Asya Kıtasında (Çin ve Japonya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özeti

		YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
28		2009/2010	Yakutistan (Merkez)	41	17	AmpFIST R Y Filer	Orjini Belli			0,79	-
28		2009/2010	Yakutistan (Batı)	92	17	AmpFIST R Y Filer	Orjini Belli			0,96	-
29		2010/2011	Afganistan (Kuzey)	44	17	AmpFIST R Y Filer	2 Jenerasyon	DYS456 (0,3171)	DYS385a/b (0,7653)	-	0,8409
29		2010/2011	Afganistan (Güney)	145	17	AmpFIST R Y Filer	2 Jenerasyon	DYS392 (0,3212)	DYS458 (0,7397)	-	0,6181
30		2011	Hindistan (Ezhava pop.)	104	8	AmpFIST R Y Filer	Yok	DYS391 (0,3875)	DYS385 (0,9462)	0,669	-
31		2011/2012	Afganistan (Pashkun pop.)	125	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	-	-	0,987	0,736
32		2012/2013	Kazakistan	67	17	AmpFIST R Y Filer	3 Jenerasyon	-	-	0,629±0,071	0,388
33		2013	Hindistan/ Odisha (Khandava)	91	9	AmpFIST R Y Filer	Yok	-	-	-	-
34		2014	Irak	320	11	Y Plex 12	Yok	DYS392 (0,2695)	DYS385 (0,8392)	0,8392	-

### 3.20. Çin’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2000 tarihinden 2016 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan Y-STR çalışmalarından 38 tane makale değerlendirilmiştir. 38 makale; Anhui, Chaoshan, Gansu bölgesi, Guangxi, Han, Henan bölgesi, Hongkong, Hui, Jiangsu, Jiangxi, Kore, Kuzeydoğu, Lassa bölgesi, Liaoning bölgesi, Luzhou Han, Minan Han, Mongol, Salar, Shandong, Shanghai, Shanxi, Sichuan, Tibet, Tujia, Uygur, Yi, Yunnan ve Zhejiang bölgesi popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 38 makalede 43 çalışma verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 70 ile 4451 arasında olup, ortalaması 318.37’dir. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir.

Çalışmalarda 6 ile 24 arasında farklı Y STR kullanılmıştır. Çalışmaların 22’sinde (%51,2) AmpFISTR Y Filer kiti, 5’inde (%11,6) PowerPlex Y kiti kullanılmıştır. 4 (%9,3) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 19’unda (%44,2) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 2’sinde (%4,7) 2 jenerasyona ve 20’sinde (%46,5) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 1’inde (%2,3) doğum ile bilgi verilmişken, 1’inde (%2,3) etnisitesi belli olan bireyler kullanılmıştır.

13 (%30,2) çalışmada DYS391 lokusu genetik çeşitlilik (GD) değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DYS385a lokusu ise 12 (%27,9) çalışmada genetik çeşitlilik değeri en yüksek olan lokustur. 17 (%39,5) çalışmada GDmin ve GD max değerleri verilmemiştir. Çalışmalardaki haplotip çeşitliliği (HD) 0,98630-1,00000 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama haplotip çeşitliliği 0,9983802’dir. Çalışmaların 4’ünde (%9,3) HD değeri verilmemiştir. Çalışmalardaki ayırım kapasitesi (DC) 0,76140-1,00000 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama ayırım kapasitesi 0,9253906’dır. Çalışmaların 22’sinde (%51,2) DC değeri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Çin’deki Y STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.18’de verilmiştir (Bai ve ark., 2013; Bing ve ark., 2013; Chen ve ark., 2014; Dai ve ark., 2004; Guo, 2015; Guo ve ark., 2015; Guo ve ark., 2008; Hou ve ark., 2001; Hu, 2006a; Hu, 2006b; Kang ve ark., 2007; Li ve ark.,

2015; Li ve ark., 2016; Luo ve ark., 2015; Shi ve ark., 2008; Shi ve ark., 2015; Tang ve ark., 2003; Tie ve ark., 2004; Wang ve Sawaquchi, 2006; Wu ve ark., 2011; Yan ve ark., 2007; Yang ve ark., 2006; Yang ve ark., 2014; Yang ve ark., 2014; Yanmei ve ark., 2010; Ye ve ark., 2015; Yeung ve ark., 2006; Zhang ve ark., 2008; Zhang ve ark., 2014; Zhang ve ark., 2007; Zheng ve ark., 2009; Zhu ve ark., 2005; Zhu ve ark., 2006; Zhu ve ark., 2006; Zhu ve ark., 2007; Zhu ve ark., 2008; Zhu ve ark., 2005; Zhu ve ark., 2014).

**Çizelge 3.18.** Çin’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
1	2000/2001	Han pop.	81	6	-	Etnisite belli	DYS436 (0,0939)	DYS439 (0,7051)	-	-
2	2002/2003	Han pop.	108	8	-	Yok	DYS455 (0,0549)	DYS458 (0,8213)	0,9996	0,9815
3	2003/2004	Çin	112	6	Y Plex 6	Yok	DYS391 (0,489)	DYS385 (0,890)	0,999	-
4	2003/2004	Han pop.	103	10	AmpFISTR R Y Filer	Yok	DYS544 (0,2099)	DYS552 (0,7523)	0,9998	-
5	2004/2005	Mongol etnik pop.	96	11	Y Plex 12	Yok	DYS391 (0,4086)	DYS385 (0,9379)	0,9987	-
6	2004/2005	Uygur etnik pop.	107	11	Y Plex 12	Yok	DYS391 (0,5325)	DYS385 (0,9498)	0,9993	-
7	2005/2006	Tibet pop.	119	12	Y Plex 12	3 Jenerasyon	DYS438 (0,3347)	DYS385a/ b (0,9547)	0,9981	0,9897

**Çizelge 3.18.Devam. Çin’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri**

	<b>16</b>	<b>15</b>	<b>14</b>	<b>13</b>	<b>12</b>	<b>11</b>	<b>10</b>	<b>9</b>	<b>8</b>	<b>YIL</b>	<b>BÖLGE</b>	<b>BİREY SAYISI</b>	<b>STR</b>	<b>KİT</b>	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	<b>GD (MİN)</b>	<b>GD (MAX)</b>	<b>HD</b>	<b>DC</b>
	2006/2007	2006/2007	2006/2007	2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	2005/2006	Han pop.	187	11	Power Plex Y	Yok	DYS391 (0,3751)	DYS385 (0,9598)	0,9999	-
	Salar etnik pop.	Lassa bölgesi (Tibet pop.)	Shandong bölgesi (Han pop.)	Hongkong	Kuzeydoğu pop.	Chaoshan Han pop.	Minan Han pop.	Yi etnik pop.	Han pop.										
	133	131	131	481	141	121	109	100	187										
	17	17	17	12	10	12	12	11	11										
	AmpFIST R Y Filer	AmpFIST R Y Filer	AmpFIST R Y Filer	PowerPlex Y	Y Plex 6 ile Y Plex 5	PowerPlex Y	PowerPlex Y	Y Plex 5 ile Y Plex 6	Power Plex Y										
	3 Jenerasyon	Yok	3 Jenerasyon	Yok	Doğum ile ilgili bilgi	Yok	3 Jenerasyon	3 Jenerasyon	Yok										
	DYS437 (0,3725)	-	DYS391 (0,3560)	DYS438 (0,4273)	DYS391 (0,4869)	DYS391 (0,4277)	DYS391 (0,3205)	DYS438 (0,2309)	DYS391 (0,3751)										
	DYS385a/b (0,9517)	-	DYS385a/b (0,9675)	DYS385a/b (0,9555)	DYS385a/b (0,8921)	DYS385 (0,9446)	DYS385 (0,9553)	DYS385 (0,9093)	DYS385 (0,9598)										
	0,9983	0,9998	0,9998	0,9992	0,9998	0,9894	0,9863	0,9945	0,9999										
	0,9248	-	0,9695	0,8815	-	0,9167	0,8716	-	-										

**Çizelge 3.18.Devam. Çin’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri**

	<b>25</b>	<b>24</b>	<b>23</b>	<b>22</b>	<b>21</b>	<b>20</b>	<b>19</b>	<b>18</b>	<b>17</b>	<b>YIL</b>	<b>BÖLGE</b>	<b>BİREY SAYISI</b>	<b>STR</b>	<b>KİT</b>	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	<b>GD (MİN)</b>	<b>GD (MAX)</b>	<b>HD</b>	<b>DC</b>
	2012/2013	2009/2010	2009	2008/2010	2007/2008	2007/2008	2006/2008	2006/2008	2006/2007										
	Shanxi bölgesi (Han pop.)	Zhejiang bölgesi (Han pop.)	Çin	Yunnan Han pop.	Tujia pop.	Hui pop.	Sichuan Han pop.	Tibet etnik pop.	Kore pop.										
	222	4451	377	320	215	143	237	167	201										
	17	17	17	11	11	17	12	17	12										
	AmpFISTR Y Filer	AmpFISTR Y Filer	AmpFISTR Y Filer	PowerPlex Y	PowerPlex Y	AmpFISTR Y Filer	PowerPlex Y	AmpFISTR Y Filer	-										
	3 Jenerasyon	3 Jenerasyon	2 Jenerasyon	3 Jenerasyon	3 Jenerasyon	3 Jenerasyon	Yok	3 Jenerasyon	Yok										
	DYS391 (0,3894)	-	-	DYS438 (0,4087)	DYS391 (0,3757)	DYS391 (0,4161)	-	DYS391 (0,3581)	DYS437 (0,4146)										
	DYS385 (0,9755)	-	-	DYS385 (0,9701)	DYS385a/b (0,9170)	DYS385a/b (0,9571)	-	DYS385a/b (0,8702)	DYS385a/b (0,9631)										
	0,9999	0,999696	0,9991	0,9994	0,9942	0,9933	0,9952	0,9998	0,9996										
	0,9865	0,761402	0,958	-	0,9070	0,9511	0,9409	0,9938	-										



**Çizelge 3.18.Devam. Çin’de Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri**

	<b>YIL</b>	<b>BÖLGE</b>	<b>BİREY SAYISI</b>	<b>STR</b>	<b>KİT</b>	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	<b>GD (MIN)</b>	<b>GD (MAX)</b>	<b>HD</b>	<b>DC</b>
<b>38</b>	2015/2016	Zhejiang pop.	248	17	AmpFIST R Y Filer	3 Jenerasyon	-	-	0,99990	-
<b>38</b>	2015/2016	Shanghai pop.	85	17	AmpFIST R Y Filer	3 Jenerasyon	-	-	1	-
<b>38</b>	2015/2016	Shandong pop.	183	17	AmpFIST R Y Filer	3 Jenerasyon	-	-	0,99994	-
<b>38</b>	2015/2016	Jiangxi pop.	72	17	AmpFIST R Y Filer	3 Jenerasyon	-	-	1	-
<b>38</b>	2015/2016	Jiangsu pop.	284	17	AmpFIST R Y Filer	3 Jenerasyon	-	-	0,99998	-
<b>38</b>	2015/2016	Anhui pop.	147	17	AmpFIST R Y Filer	3 Jenerasyon	-	-	0,99991	-
<b>37</b>	2015	Liaoning bölgesi	206	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	-	-	0,9986	-
<b>36</b>	2015	Gansu bölgesi (Han pop.)	722	17	AmpFIST R Y Filer	3 Jenerasyon	-	-	0,9999	0,9765

### 3.21. Japonya’da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistiki Bulguları

2001 tarihinden 2008 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan Y-STR çalışmalarından 38 tane makale değerlendirilmiştir. 10 makale; Japonya, Honshu ve Okinawa popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 10 makalede 11 çalışma verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 87 ile 1166 arasında olup, ortalaması 375,91’dir. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir.

Çalışmalarda 3 ile 17 arasında farklı Y STR kullanılmıştır. Çalışmaların 3’ünde (%27,3) AmpFISTR Y Filer kiti, 2’sinde (%18,2) 2 multiplex kit kullanılmıştır. 2 (%18,2) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 11’inde (%100,0) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir.

Birbirinde farklı 2’şer (%18,2) çalışmada DYS391 ve DYS436 lokusları genetik çeşitlilik (GD) değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DYS385 lokusu ise 4 (%36,4) çalışmada genetik çeşitlilik değeri en yüksek olan lokustur. 3 (%27,3) çalışmada GDmin ve 2 (%18,2) çalışmada GD max değeri verilmemiştir. Çalışmalardaki haplotip çeşitliliği (HD) 0,95000-0,99920 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama haplotip çeşitliliği 0,9889800’dır. Çalışmaların 1’inde (%9,1) HD değeri verilmemiştir. Çalışmalardaki ayırım kapasitesi (DC) 0,75890-0,91300 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama ayırım kapasitesi 0,8674250’dir. Çalışmaların 7’sinde (%63,6) DC değeri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Japonya’daki Y STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.19’da verilmiştir (Asamura ve ark., 2007; Asamura ve ark., 2008; Hashiyada ve ark., 2006; Hashiyada ve ark., 2008; Iida ve ark., 2002; Kido ve ark., 2004; Koyama ve ark., 2001; Mizuno ve ark., 2008; Ogata ve ark., 2005; Uchihi ve ark., 2003).

Çizelge 3.19. Japonya’da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	1	2	3	3	4	5	6	7	8	9
YIL	2001	2001/2002	2001/2003	2001/2003	2003/2004	2004/2005	2004/2006	2006/2007	2006/2008	2007/2008
BÖLGE	Japonya	Japonya	Honshu pop.	Okinawa pop.	Japonya	Japonya	Japonya	Japonya	Japonya	Japonya
BİREY SAYISI	108	190	207	87	115	340	381	224	1079	1166
STR	7	3	14	14	10	5	12	8	16	17
KİT	-	-	2 multiplex	2 multiplex	Y Plex 6 ile Y Plex 5	AmpFISTR Y Filer	PowerPlex Y	2 quadruplex	AmpFISTR Y Filer	AmpFISTR Y Filer
KÖKEN ANALİZİ	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
GD (MİN)	-	DYS445 (0,53)	DYS436 (0,0192)	DYS436 (0,0000)	DYS391 (0,286)	DYS442 (0,50)	DYS393 (0,175)	DYS632 (0,0938)	DYS391 (0,2086)	-
GD (MAX)	DYS391 (0,79)	DYS443 (0,68)	DYS385 (0,9558)	DYS385 (0,9583)	DYS385 (0,944)	DYS441 (0,73)	DYS385a/b (0,943)	DYS570 (0,8214)	DYS385 (0,9480)	-
HD	0,989	0,95	0,9987	0,9976	0,9960	0,97	0,997	0,9949	0,9992	-
DC	-	-	-	-	0,9130	-	-	0,7589	-	0,907

**Çizelge 3.19.Devam.** Japonya’da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MİN)	GD (MAX)	HD	DC
10	2007/2008	Japonya	238	16	3 mini Y-STR	Yok	-	-	0,9974	0,8908

### 3.22. Avrupa Kıtasında (İspanya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

1997 tarihinden 2015 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan Y-STR çalışmalarından 45 tane makale değerlendirilmiştir. 45 makale; Almanya, Avusturya, Bask bölgesi, Belarus, Bosna Hersek, Bulgaristan, Cam. Cagilari, Çek Cumhuriyeti, Danimarka, Estonya, Finlandiya, Gallura, Grönland, Hırvatistan, İsviçre, İtalya, Kalmukya, Latvia, Letonya, Makedonya, Nuorese, Polonya, Portekiz, Romanya, Rusya, Sırbistan, Slovenya, Ukrayna ve Yunanistan popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 45 makalede 52 çalışma verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 50 ile 1750 arasında olup, ortalaması 236,04’tür. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir.

Çalışmalarda 5 ile 23 arasında farklı Y STR kullanılmıştır. Çalışmaların 13’ünde (%25,0) AmpFISTR Y Filer kiti, 6’sında (%11,5) 3 multiplex kit kullanılmıştır. 11 (%21,2) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 30’unda (%57,7) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 2’sinde (%3,8) 2 jenerasyona ve 5’inde (%9,6) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 3’ünde (%5,8) doğum ile bilgi verilmişken, 5’inde (%9,6) orjini belli olan bireyler ve 7’sinde (%13,5) yerli bireyler kullanılmıştır.

9 (%17,3) çalışmada DYS392 lokusu genetik çeşitlilik (GD) değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DYS385 lokusu ise 13 (%25,0) çalışmada genetik çeşitlilik değeri en yüksek olan lokustur. 27 (%51,9) çalışmada GDmin ve 24 (%46,2) çalışmada GD max değerleri verilmemiştir. Çalışmalardaki haplotip çeşitliliği (HD) 0,90080-0,99999 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama haplotip çeşitliliği 0,9885021'dir. Çalışmaların 13'ünde (%25,0) HD değeri verilmemiştir. Çalışmalardaki ayırım kapasitesi (DC) 0,46700-1,00000 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama ayırım kapasitesi 0,8865062'dir. Çalışmaların 36'sında (%69,2) DC değeri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Avrupa Kıtası'ndaki (İspanya hariç) Y STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.20'de verilmiştir (Aaspollu ve ark., 2000; Alves ve ark., 2007; Anslinger ve ark., 2000; Barac ve ark., 2003; Barac ve ark., 2003; Beleza ve ark., 2003; Berger ve ark., 2005; Bosch ve ark., 2003; Carvalho ve ark., 2003; Ehler ve ark., 2010; Garcia ve ark., 2004; Ghiani ve Vona, 2002; Grsković ve ark., 2010; Gusmão ve ark., 2002; Haas ve ark., 2006; Hallenberg ve ark., 2005; Hedman ve ark., 2004; Kovacevic ve ark., 2013; Kovatsi ve ark., 2009; Kravchenko ve ark., 2002; Lauc ve ark., 2005; Lessig ve ark., 2001; Ljubković ve ark., 2008; Lovrecić ve ark., 2005; Nata ve ark., 1999; Palo ve ark., 2008; Pena ve ark., 2006; Pepinski ve ark., 2004; Pericić ve ark., 2005; Ploski ve ark., 2002; Pontes ve ark., 2007; Robino ve ark., 2004; Rodig ve ark., 2007; Roewer ve ark., 2007; Roewer ve ark., 2008; Rossi ve ark., 1998; Schmidt ve ark., 2003; Soltyszewski ve ark., 2007; Sterlinko ve ark., 2001; Turrina ve ark., 2006; Turrina ve ark., 2015; Valverde ve ark., 2012; Veselinovic ve ark., 2008; Zaharova ve ark., 2001; Zastera ve ark., 2010).

**Çizelge 3.20.** Avrupa Kıtasında (İspanya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özeti

	1	2	3	4	5	5	5	6	7
YIL	1997/1998	1998/1999	1999/2000	2000/2001	2000/2001	2000/2001	2000/2001	2000/2001	2000/2002
BÖLGE	İtalya (Modena bölgesi)	Almanya	Almanya (Bavyera pop.)	Estonya	Estonya	Latviya	Letonya	Slovenya	Belarus, Rusya ve Ukrayna
BİREY SAYISI	100	179	151	107	133	145	152	121	152
STR	7	9	7	6	9	9	9	9	5
KIT	1 quadruplex, 1 duplex ile 2 singleplex	-	2 multiplex	-	-	-	-	Quadruplex ile triplex	-
KÖKEN ANALİZİ	Yok	Yok	Doğum ile ilgili bilgi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	2 Jenerasyon
GD (MIN)	DXY5156 (0,04)	-	-	DYS888 (0,35)	-	-	-	-	-
GD (MAX)	DYS389II (0,67)	-	-	DYS390 (0,72)	-	-	-	-	-
HD	0,97	0,9806	0,99	-	-	-	-	0,986	0,942
DC	-	-	-	0,467	0,989	0,989	0,991	0,818	-



**Çizelge 3.20.Devam.** Avrupa Kıtasında (İspanya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	22	21	20	19	18	17	16	16	16	15	
	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC	
	2004	Bask bölgesi	168	11	Y Plex 6 ile Y Plex 5	3 Jenerasyon	DYS438 (%23,30)	DYS389II (0,6736)	0,9749	0,5298	
	2003/2005	Hırvatistan	101	9	2 multiplex ile 2 singleplex	Yok	DYS392 (0,3564)	DYS385 (0,985)	0,9974	0,901	
	2003/2004	Yunanistan (Chios ve Crete adaları)	113	8	-	3 Jenerasyon	-	-	0,977	0,788	
	2003/2004	Polonya (Belarus pop.)	156	8	2 multiplex	Yok	DYS391 (0,49)	DYS385 (0,85)	0,98	-	
	2003/2004	Finlandiya	400	16	9 Plex ile 10 Plex	Orijini Belli	DYS436 (0,020)	DYS385 (0,721)	-	-	
	2003	Romanya	104	7	GenRES DYS Plex-1 ile genRES DYS Plex-2	Doğum ile ilgili bilgi	-	-	0,989	-	
	2003	Portekiz (Azores adaları)	63	9	-	Yok	DYS393 (0,404)	DYS385 (0,862)	0,976	-	
	2003	Portekiz (Merkez)	207	9	-	Yok	DYS393 (0,486)	DYS385 (0,883)	0,993	-	
	2003	Hırvatistan	457	8	Biometra UNO II	Yok	DYS393 (0,310)	DYS389II (0,749)	0,9896±0,0017	-	

**Çizelge 3.20.Devam.** Avrupa Kitasında (İspanya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özeti

	<b>23</b>	<b>24</b>	<b>25</b>	<b>25</b>	<b>26</b>	<b>27</b>	<b>28</b>	<b>29</b>
	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2006	2005/2006	2005/2006
<b>YIL</b>	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2005	2004/2006	2005/2006	2005/2006
<b>BÖLGE</b>	Avusturya	Danimarka	Makedonlar (Makedonya)	Romenler (Makedonya)	Sırbistan	İsviçre	Bask bölgesi	İtalya
<b>BİREY SAYISI</b>	205	185	84	68	114	150	60	155
<b>STR</b>	17	11	8	8	8	12	7	17
<b>KİT</b>	AmpFIST R Y Filer	PowerPlex Y, ReliaGene Y Plex 6 ile ReliaGene Y Plex 5	2 multiplex ile 1 triplex	2 multiplex ile 1 triplex	2 multiplex ile 1 triplex	PowerPlex Y	-	AmpFIST R Y Filer
<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	Yok	Yok	Yerli	Yerli	Yerli	2 Jenerasyon	3 Jenerasyon	Yerli
<b>GD (MIN)</b>	DYS391 (0,506)	DYS393 (0,3627)	DYS392 (0,280)	DYS392 (0,085)	DYS392 (0,349)	DYS393 (0,361)	DYS393 (0,347)	-
<b>GD (MAX)</b>	DYS385 (0,866)	DYS383a/b (0,8905)	DYS385 (0,918)	DYS385 (0,748)	DYS385 (0,932)	DYS385a/b (0,855)	DYS389II (0,691)	-
<b>HD</b>	0,9994	0,9985	0,9885±0,0058	0,9008±0,0242	0,9947±0,0021	0,9922	0,979	0,9997
<b>DC</b>	-	-	-	-	-	-	-	0,9870



**Çizelge 3.20.Devam.** Avrupa Kitasında (İspanya hariç) Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
40	2009/2010	Çek Cumhuriyeti	50	14	Y Plex 12	Yok	DYS393 (0,502857)	DYS449 (0,876735)	-	0,96
41	2009/2010	Çek Cumhuriyeti (14 farklı bölge)	1750	12	PowerPlex Y	3 Jenerasyon	-	-	0,998	-
42	2010	Hırvatistan	220	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	DYS392 (0,256)	DYS458 (0,780)	0,9993	-
43	2011/2012	Bask bölgesi	197	17	AmpFIST R Y Filer	Yok	-	-	0,9996±0,0006	0,9645
44	2013	Bosna Hersek	100	23	PowerPlex Y 23	Orjini Belli	-	-	-	-
45	2014/2015	İtalya	410	23	PowerPlex Y 23	Orjini Belli	-	-	0,999994	1,00

### 3.23. İspanya’da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

1997 tarihinden 2007 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan Y-STR çalışmalarından 12 tane makale değerlendirilmiştir. 12 makale; Andalusia, Barcelona, Basque, Cantabria, Galicia, Galiçya, İberia, Madrid, Kuzey Portekiz ve Valencia popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 12 makalede 16 çalışma verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 29 ile 768 arasında olup, ortalaması 149,56’tür. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir.

Çalışmalarda 7 ile 19 arasında farklı Y STR kullanılmıştır. Çalışmaların 3'ünde (%18,8) 2 multiplex kit, 1'inde (%6,3) AmpFISTR Y Filer kiti, 1'inde (%6,3) PowerPlex Y kiti kullanılmıştır. 9 (%56,3) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 9'unda (%56,3) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 1'inde (%6,3) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 6'sında (%37,5) yerli bireyler kullanılmıştır.

8 (%50,0) çalışmada DYS393 lokusu genetik çeşitlilik (GD) değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DYS385 lokusu ise 7 (%43,8) çalışmada genetik çeşitlilik değeri en yüksek olan lokustur. 1 (%6,3) çalışmada GDmin ve GD max değerleri verilmemiştir. Çalışmalardaki haplotip çeşitliliği (HD) 0,96000-0,99950 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama haplotip çeşitliliği 0,9861333'tür. Çalışmaların 4'ünde (%25,0) HD değeri verilmemiştir. Çalışmalardaki ayırım kapasitesi (DC) 0,61500-0,97300 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama ayırım kapasitesi 0,7738875'tir. Çalışmaların 8'inde (%50,0) DC değeri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında İspanya'daki Y STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.21'de verilmiştir (Aler ve ark., 2001; Aler ve ark., 2003; Arroyo-Pardo ve ark., 2005; Bosch ve ark., 2002; Gamero ve ark., 2002; Gene ve ark., 1999; Gonzales-Neira ve ark., 2000; Martin ve ark., 2004; Perez-Lezaun ve ark., 1997; Pestoni ve ark., 1998; Sanchez ve ark., 2007; Zarrabeitia ve ark., 2003).

**Çizelge 3.21.** İspanya'da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MİN)	GD (MAX)	HD	DC
1	1997	İspanya (2 pop.)	88	8	-	3 Jenerasyon	DYS388 (0,224)	DYS389II (0,641)	-	-
2	1997/1998	İspanya (Galiçyalı pop.)	116	7	-	Yok	DYS393 (0,4331)	DYS385 (0,8669)	-	-

**Çizelge 3.21.Devam.** İspanya’da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	6	5	4	4	4	4	4	3	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MİN)	GD (MAX)	HD	DC
	2001/2002	2000/2001	1999/2000	1999/2000	1999/2000	1999/2000	1999/2000	1998/1999	1999/2000	İspanya (Barcelona)	239	8	2 triplex	Yok	-	-	0,978	0,615
	İspanya	İspanya (Valencia)	Andalucia pop. (İspanya/İberia)	Valencia pop. (İspanya/İberia)	Basque pop. (İspanya/İberia)	Galicia pop. (İspanya/İberia)	Kuzey Portekiz pop. (İspanya/İberia)	İspanya (Barcelona)	1999/2000	İspanya (Barcelona)	55	7	-	Yerli	DYS393 (0,374)	DYS389I (0,597)	0,98	0,709
	111	140	56	31	29	54	55	239	1999/2000	İspanya (Barcelona)	55	7	-	Yerli	DYS393 (0,374)	DYS389I (0,597)	0,98	0,709
	8	9	7	7	7	7	7	8	1999/2000	İspanya (Barcelona)	55	7	-	Yerli	DYS393 (0,374)	DYS389I (0,597)	0,98	0,709
	-	-	-	-	-	-	-	2 triplex	1999/2000	İspanya (Barcelona)	55	7	-	Yerli	DYS393 (0,374)	DYS389I (0,597)	0,98	0,709
	Yok	Yerli	Yerli	Yerli	Yerli	Yerli	Yerli	Yok	1999/2000	İspanya (Barcelona)	55	7	-	Yerli	DYS393 (0,374)	DYS389I (0,597)	0,98	0,709
	DYS393 (0,4169)	DXYS156 Y (0,1589)	DYS393 (0,474)	DYS393 (0,422)	DYS392 (0,352)	DYS393 (0,400)	DYS393 (0,374)	-	1999/2000	İspanya (Barcelona)	55	7	-	Yerli	DYS393 (0,374)	DYS389I (0,597)	0,98	0,709
	DYS385 (0,8552)	DYS385 (0,8250)	DYS390 (0,651)	DYS390 (0,673)	DYS389I (0,702)	DYS392 (0,639)	DYS389I (0,597)	-	1999/2000	İspanya (Barcelona)	55	7	-	Yerli	DYS393 (0,374)	DYS389I (0,597)	0,98	0,709
	0,9977	0,9892	0,99	0,99	0,96	0,97	0,98	0,978	1999/2000	İspanya (Barcelona)	55	7	-	Yerli	DYS393 (0,374)	DYS389I (0,597)	0,98	0,709
	-	0,8071	0,804	0,871	0,690	0,722	0,709	0,615	1999/2000	İspanya (Barcelona)	55	7	-	Yerli	DYS393 (0,374)	DYS389I (0,597)	0,98	0,709

**Çizelge 3.21.Devam.** İspanya’da Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MİN)	GD (MAX)	HD	DC
7	2001/2002	İspanya (İberia)	768	19	2 multiplex	Yok	DYS435 (0,0208)	DYS385 (0,7997)	0,9988	-
8	2002/2003	İspanya (İberia)	76	8	2 multiplex	Yok	DYS434 (0,1483)	DYS461 (0,6504)	0,9868	-
9	2002/2003	İspanya (Cantabria)	134	8	2 multiplex	Yok	DYS439 (0,684)	DYS461 (0,509)	0,9936	-
10	2003/2004	İspanya	148	17	Y Plex 6 ile Y Plex 5	Yok	DYS393 (0,4625)	DYS385 (0,8398)	0,9995	0,9730
11	2004/2005	İspanya/Madrid (Ekvator Guinealı pop.)	101	16	PowerPlex Y	Yok	DYS437 (0,312±0,056)	DYS385 (0,933±0,010)	-	-
12	2006/2007	İspanya (Barcelona)	247	16	AmpFISTR Y Filer	Yok	DYS393 (0,4042)	DYS385 (0,8481)	-	-

### 3.24. Güney Amerika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2003 tarihinden 2015 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan Y-STR çalışmalarından 20 tane makale değerlendirilmiştir. 20 makale; Afro-Ekvador, Antioquia, Arjantin, Brezilya, Caracas, Cartagena, Choco, Colla, Kichwas, Kızılderili, Kolombiya, Maracaibo, Mestizo, Peru, Toba ve Waoranis popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 20 makalede 28 çalışma verileri değerlendirilmiştir.

Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 35 ile 634 arasında olup, ortalaması 158,18'dir. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir.

Çalışmalarda 7 ile 23 arasında farklı Y STR kullanılmıştır. Çalışmaların 10'unda (%35,7) PowerPlex Y kiti, 5'inde (%17,9) AmpFISTR Y Filer kiti kullanılmıştır. 4 (%14,3) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 21'inde (%75,0) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 6'sında (%21,4) doğum ile bilgi verilmişken, 1'inde (%3,6) yerli bireyler kullanılmıştır.

7 (%25,0) çalışmada DYS393 lokusu genetik çeşitlilik (GD) değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DYS385 lokusu ise 9 (%32,1) çalışmada genetik çeşitlilik değeri en yüksek olan lokustur. 12 (%42,9) çalışmada GDmin ve GD max değerleri verilmemiştir. Çalışmalardaki haplotip çeşitliliği (HD) 0,80000-1,00000 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama haplotip çeşitliliği 0,9817000'dır. Çalışmaların 5'inde (%17,9) HD değeri verilmemiştir. Çalışmalardaki ayırım kapasitesi (DC) 0,61000-0,96860 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama ayırım kapasitesi 0,8158333'tür. Çalışmaların 22'sinde (%78,6) DC değeri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Güney Amerika Kıtası'ndaki Y STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.22'de verilmiştir (Borjasa ve ark., 2008; Builes ve ark., 2004; Builes ve ark., 2006; Builes ve ark., 2007; Caine ve ark., 2005; Da Fre ve ark., 2015; De Souza Goes ve ark., 2005; Fondevila ve ark., 2003; Frances ve ark., 2012; Gois ve ark., 2008; Gonzales-Andrade ve ark., 2009; Grattapaglia ve ark., 2005; Leite ve ark., 2008; Palha ve ark., 2007; Palha ve ark., 2010; Romero ve ark., 2008; Schwengber ve ark., 2009; Soares-Vieira ve ark., 2008; Toscanini ve ark., 2008; Vieira ve ark., 2014).

**Çizelge 3.22.** Güney Amerika Kitasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

7	6	5	4	3	2	2	2	1	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KIT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
2005/2007	2005/2007	2004/2005	2004/2005	2003/2005	2003/2004	2003/2004	2003/2004	2003	2003	Kolombiya (Cartagena)	200	9	Multiplex	Yok	DYS389I (0,49)	DYS385I/I (0,91)	0,9995±0,0006	
										Brezilya (Amazon bölgesi)	198	17	-	Yok	DYS391 (0,530)	DYS385 (0,905)		
										Brezilya (Rio de Janeiro pop.)	126	17	2 multiplex	Yok			1,000±0,0010	
										Brezilya (Santa Catarina pop.)	109	8	Pentaplex ile Triplex	Yerli	DYS393 (0,5262)	DYS385 (0,8962)	0,9968±0,0019	
										Cartagena pop. (Kolombiya)	92	8	2 multiplex	Yok	GATAH4 (0,568)	GATAC4 (0,735)	0,9940	
										Choco pop. (Kolombiya)	63	8	2 multiplex	Yok	DYS460 (0,462)	GATAC4 (0,741)	0,9959	
										Antioquia pop. (Kolombiya)	179	8	2 multiplex	Yok	DYS461 (0,561)	GATAC4 (0,771)	0,9949	
										Arjantin (Cordoba bölgesi)	100	8	Pentaplex ile singleplex	Yok	DYS393 (0,4866)	DYS385 (0,9804)	0,9875	0,8600
											173	16	-	Doğum ile ilgili bilgi			1,000±0,0006	



**Çizelge 3.22.Devam.** Güney Amerika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	20	19	18	17	16	16	16	16	16	15	14	
	2014/2015	2014	2011/2012	2009/2010	2008/2009	2008/2009	2008/2009	2008/2009	2008/2009	2008/2009	2008	YIL
	Brezilya	Brezilya	Brezilya	Brezilya/ Amazon bölgesi (Yerli Amerikalı pop.)	Waorani (Ekwador)	Afro-Ekwador pop. (Ekwador)	Kichwas pop. (Ekwador)	Mestizo pop. (Ekwador)	Brezilya (Rio Grande do Sul eyaleti)	Brezilya (Sao Paulo)	BÖLGE	
	150	353	138	221	35	102	102	102	255	634	BİREY SAYISI	
	23	12	17	9	12	12	12	12	17	7	STR	
	PowerPlex Y 23	PowerPlex Y	AmpFISTR Y Filer	-	PowerPlex Y	PowerPlex Y	PowerPlex Y	PowerPlex Y	AmpFISTR Y Filer	2 multiplex	KIT	
	Yok	Yok	Yok	Yok	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Doğum ile ilgili bilgi	Yok	Yok	KÖKEN ANALİZİ	
	DYS570 (0,7888)	DYS389I (0,520)	DYS393 (0,5230)								GD (MİN)	
	DYS385 (0,9009)	DYS385b (0,704)	DYS385 (0,88976)								GD (MAX)	
			0,9996±0,009	0,9114	0,80	0,997-0,999	0,997-0,999	0,997-0,999	%99,98	0,9883	HD	
			0,6554±0,3315						%96,86		DC	

### 3.25. Kuzey Amerika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri ve İstatistikî Bulguları

2000 tarihinden 2013 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan Y-STR çalışmalarından 11 tane makale değerlendirilmiştir. 11 makale; Afrika Amerikalı, Asyalı, Athabaskan, Grönland, Hispanik, Honduras, İnupiat, Kafkasyalı, Meksika ve Yupik popülasyonlarından bireyler kullanılarak yapılmıştır. 11 makalede 22 çalışma verileri değerlendirilmiştir. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 96 ile 2443 arasında olup, ortalaması 446,23'tür. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir.

Çalışmalarda 6 ile 27 arasında farklı Y STR kullanılmıştır. Çalışmaların 6'sında (%27,3) AmpFlSTR Y Filer kiti, 6'sında (%27,3) PowerPlex Y kiti kullanılmıştır. 7 (%31,8) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 9'unda (%40,9) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 1'inde (%4,5) 2 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 12'sinde (%54,5) etnisitesi belli olan bireyler kullanılmıştır.

7 (%31,8) çalışmada DYS393 lokusu genetik çeşitlilik (GD) değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DYS385 lokusu ise 9 (%40,9) çalışmada genetik çeşitlilik değeri en yüksek olan lokustur. 3 (%13,6) çalışmada GDmin ve GD max değerleri verilmemiştir. Çalışmalardaki haplotip çeşitliliği (HD) 0,98700-0,99890 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama haplotip çeşitliliği 0,9934818'dir. Çalışmaların 11'inde (%50,0) HD değeri verilmemiştir. Çalışmalardaki ayırım kapasitesi (DC) 0,84100-0,99600 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama ayırım kapasitesi 0,9547500'dir. Çalışmaların 18'inde (%81,8) DC değeri verilmemiştir.

Çalışmaya dahil edilen popülasyon genetiği alanında Kuzey Amerika Kıtası'ndaki Y STR makalelerinin özetleri Çizelge 3.23'de verilmiştir (Budowle ve ark., 2005; Budowle ve ark., 2009; Butler ve ark., 2006; Calderon ve ark., 2013; Coble ve ark., 2013; Davis ve ark., 2011; Davis ve ark., 2013; Hallenberg ve ark., 2009; Matamoros ve ark., 2009; Rangel Villalobos ve ark., 2011; Schoske ve ark., 2004).

**Çizelge 3.23.** Kuzey Amerika Kitasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>4</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>5</b>
	<b>YIL</b>	<b>BÖLGE</b>	<b>BİREY SAYISI</b>	<b>STR</b>	<b>KİT</b>	<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	<b>GD (MIN)</b>	<b>GD (MAX)</b>	<b>HD</b>	<b>DC</b>
	2000/2001	Meksika	120	6	-	Yok	DYS393 (0,514)	DYS385 (0,925)	0,993	0,841
	2003/2004	Afrika Amerikalı pop. (Amerika)	260	22	-	Etnisite belli	DYS388 (0,246)	DYS464a/ b/c/d (0,954)	-	0,989
	2003/2004	Kafkasyalı pop. (Amerika)	244	22	-	Etnisite belli	DYS450 (0,177)	DYS464a/ b/c/d (0,934)	-	0,996
	2003/2004	Hispanik pop. (Amerika)	143	22	-	Etnisite belli	DYS388 (0,312)	DYS464a/ b/c/d (0,937)	-	0,993
	2004/2005	Amerika (5 pop.)	2443	12	PowerPlex Y	Yok	-	-	0,996	-
	2005/2006	Kafkasyalı pop. (Amerika)	263	27	-	Etnisite belli	DYS75 (0,0000)	DYS449 (0,8001)	-	-
	2005/2006	Afrika Amerikalı pop. (Amerika)	260	27	-	Etnisite belli	DYS75 (0,0625)	DYS490 (0,9118)	-	-
	2005/2006	Hispanik pop. (Amerika)	140	27	-	Etnisite belli	DYS75/D YS641 (0,000)	DYS504 (0,8528)	-	-
	2008/2009	Afrika Amerikalı pop. (Amerika/Texas)	950	16	AmpFlSTR Y Filer	Etnisite belli	DYS391 (0,4353)	DYS385 (0,9488)	0,9988	-
	2008/2009	Kafkasyalı pop. (Amerika/Texas)	957	16	AmpFlSTR Y Filer	Etnisite belli	DYS393 (0,3229)	DYS385 (0,8252)	0,9989	-

**Çizelge 3.23.Devam.** Kuzey Amerika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>8</b>	<b>8</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>10</b>
<b>YIL</b>	2008/2009	2009	2009	2011	2011	2011	2011	2012/2013	2012/2013	2012/2013
<b>BÖLGE</b>	Hispanik pop. (Amerika/Texas)	Grönland	Honduras	İnupiat pop. (Alaska)	Yupik pop. (Alaska)	Athabaskan pop. (Alaska)	Amerika (6 pop.)	Afrika Amerikalı pop. (Amerika)	Kafkasyalı pop. (Amerika)	
<b>BİREY SAYISI</b>	1005	272	128	151	150	153	951	341	359	
<b>STR</b>	16	11	12	16	16	16	23	23	23	
<b>KIT</b>	AmpFISTR Y Filer	PowerPlex Y	PowerPlex Y	AmpFISTR Y Filer	AmpFISTR Y Filer	AmpFISTR Y Filer	PowerPlex Y 23	PowerPlex Y 23	PowerPlex Y 23	
<b>KÖKEN ANALİZİ</b>	Etnisite belli	Yok	Yok	Etnisite belli	Etnisite belli	Etnisite belli	Yok	Yok	Yok	
<b>GD (MIN)</b>	DYS393 (0,4450)	-	DYS393 (0,4590)	DYS391 (0,3766)	DYS391 (0,3036)	DYS389I (0,4792)	-	DYS391 (0,438)	DYS393 (0,391)	
<b>GD (MAX)</b>	DYS385 (0,9233)	-	DYS385 (0,8742)	DYS385 (0,9266)	DYS385 (0,9411)	DYS385 (0,9129)	-	DYS385a/b (0,939)	DYS385a/b (0,850)	
<b>HD</b>	0,9984	0,9887	0,9899	0,9905	0,9870	0,9903	0,9968	-	-	
<b>DC</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	

**Çizelge 3.23.Devam.** Kuzey Amerika Kıtasında Yapılan Y-STR Çalışmalarının Özetleri

	YIL	BÖLGE	BİREY SAYISI	STR	KİT	KÖKEN ANALİZİ	GD (MIN)	GD (MAX)	HD	DC
10	2012/2013	Hispanik pop. (Amerika)	236	23	PowerPlex Y 23	Yok	DYS393 (0,442)	DYS385a/b (0,919)	-	-
10	2012/2013	Asyalı pop. (Amerika)	96	23	PowerPlex Y 23	Yok	DYS391 (0,303)	DYS385a/b (0,944)	-	-
11	2013	Amerika/ Florida (Hispanik pop.)	195	23	PowerPlex Y 23	2 Jenerasyon	DYS393 (0,4670)	DYS385 (0,8914)	-	-

### 3.26. Tüm Y-STR Çalışmalarının İstatistikî Bulguları

1997 tarihinden 2017 yılına kadar popülasyon genetiği konusunda yapılan Y-STR çalışmalarından 200 tane makale değerlendirilmiştir. 200 makalenin 20'si Afrika, 82'si Asya, 57'si Avrupa, 20'si Güney Amerika, 11'i Kuzey Amerika kıtasında ve 10'u Türkiye'de yapılmıştır. 200 makalede 259 çalışma verileri değerlendirilmiştir. 259 çalışmanın 32'si Afrika, 97'si Asya, 68'i Avrupa, 28'i Güney Amerika, 22'si Kuzey Amerika kıtasında ve 12'si Türkiye'de yapılmıştır. Çalışmalarda kullanılan birey sayısı 10 ile 4451 arasında olup, ortalaması 240,54'tür. Tüm çalışmalarda birey sayısı verilmiştir.

Çalışmalarda 3 ile 28 arasında farklı Y STR kullanılmıştır. Çalışmaların 86'sında (%33,2) AmpFlSTR Y Filer kiti, 38'inde (%14,7) PowerPlex Y kiti kullanılmıştır. 50 (%19,3) çalışmada kullanılan kit belirtilmemiştir. Çalışmaların 153'ünde (%59,1) köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Geriye kalan çalışmaların 12'sinde (%4,6) 2 jenerasyona ve 40'ında (%15,4) 3 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır. Çalışmaların 10'unda (%3,9) doğum ile bilgi

verilmişken, 10'unda (%3,9) orjini belli olan bireyler, 14'ünde (%5,4) yerli bireyler ve 20'sinde (%7,7) etnisitesi belli bireyler kullanılmıştır.

41 (%15,8) çalışmada DYS391 lokusu genetik çeşitlilik (GD) değeri en düşük olan lokus olarak belirtilmiştir. DYS385 lokusu ise 77 (%29,7) çalışmada genetik çeşitlilik değeri en yüksek olan lokustur. 95 (%36,7) çalışmada GDmin ve 87 (%33,6) çalışmada GD max değerleri verilmemiştir. Çalışmalardaki haplotip çeşitliliği (HD) 0,56990-1,00000 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama haplotip çeşitliliği 0,9776853'tür. Çalışmaların 63'ünde (%24,3) HD değeri verilmemiştir. Çalışmalardaki ayırım kapasitesi (DC) 0,38800-1,00000 değerleri arasında değişmektedir. Ortalama ayırım kapasitesi 0,8710124'dir. Çalışmaların 178'inde (%68,7) DC değeri verilmemiştir.

## 4. TARTIŞMA

### 4.1. İncelenen Otozomal STR Çalışmaları için;

Türkiye’de 1996’dan 2016’ya (20 yıl) kadar 17 makale yazılmışken, Afrika kıtasında 2002’den 2014’e (12 yıl) 16, Asya kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) 1999’dan 2015’e (16 yıl) 40, Çin’de 2002’den 2016’ya (14 yıl) 46, Hindistan’da 2000’den 2016’ya (16 yıl) 16, Avrupa kıtasında 2000’den 2014’e (14 yıl) 39, Güney Amerika kıtasında (Brezilya hariç) 2000’den 2009’a (9 yıl) 15, Brezilya’da 2003’ten 2013’e (10 yıl) 15 ve Kuzey Amerika kıtasında 2002’den 2015 yılına (13 yıl) kadar 11 makale yazılmıştır. Başlangıç yılına bakılınca Türkiye diğer kıtalara ve ülkelere göre otozomal STRlarla popülasyon genetiği çalışmalarına benzer yıllarda başlamıştır. Türkiye’nin; diğer ülke ve kıtalara göre yıl başına düşen çalışma sayısı daha azdır.

Türkiye’de 2002 yılında otozomal STRlarla yapılan popülasyon genetiği çalışmaları artış göstermektedir. Afrika kıtasında 2008, Asya kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) 2004, 2005, 2010 ile 2012, Çin’de 2006, 2010 ile 2012, Hindistan’da 2002,2006, Avrupa kıtasında 2003, 2006 ile 2007, Güney Amerika kıtasında (Brezilya hariç) 2003, 2005, Brezilya’da 2003, Kuzey Amerika kıtasında 2002, 2007 ile 2010 yıllarında çalışma sayısı artmıştır.

Yıl ile ilgili göze çarpan; Türkiye’de genel olarak diğer kıtalar ve ülkelere göre daha az bilimsel çalışma yapıldığıdır.

Türkiye’de yapılan otozomal STR çalışmalarında bireyler genel olarak coğrafik bölgelere göre seçilmişken bazı çalışmalarda belirli illerden de biyolojik örnekler toplanmıştır. Özellikle bir çalışmada adli vakalara karışmış şahıslar kullanılmıştır ki bu alt yapı çalışması olarak değerlendirilememektedir. Türkiye’de

genel olarak homojen dağılımla yapılmış popülasyon genetiği çalışmaları yapılmamaktadır. Türkiye dışında yapılan otozomal STR çalışmalarında daha çok ve spesifik bölgeler kullanılarak alt yapı çalışmaları gerçekleştirilmiştir. Birçok kıtada bölge adı altında etnik grup isimleri verilmiştir ve bu etnik popülasyonlardan bireyler kullanıldığı belirtilmiştir. Afrika kıtasında genellikle bölge olarak ülkeler ve etnik popülasyonlar belirtilmiştir. Bir çalışmada aynı yerde farklı dilde konuşan bireylerden, bir diğer çalışmada da birkaç ülkeyi içeren coğrafik bölgeden örnekler alınmıştır. Asya kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) da aynı şekilde daha çok ülke ve belirli popülasyonlardan bireyler kullanılmıştır. Çin'de belirli coğrafik bölgeler ve etnik gruplarda bulunan bireylerden örnekler alındığı izah edilmiştir. Hindistan'da yer isimleri ve yine etnik popülasyonlar bölge olarak verilmiştir. 2 farklı çalışmada iki farklı İslam mezhep gruplarına ait bireylerle çalışma yapılmıştır. Avrupa kıtasında genelde belirli ülkelere ait bireylerden örnekler toplanarak çalışmalar yürütülmüştür. Birkaç çalışmada yine aynı ülkede bulunan fakat farklı popülasyon gruplarına ait bireyler, bir çalışmada ise spesifik olarak o ülkeye ait olmayan bir öğrenci topluluğu ile çalışma yapılmıştır. Güney Amerika (Brezilya hariç) kıtasında ülkelere ait farklı popülasyon grupları çalışılmıştır. Brezilya'da farklı yerlere ait bireylerden örnekler alındığı belirtilmiştir. Kuzey Amerika kıtasında genellikle farklı etnik popülasyonlardan bireyler kullanıldığı izah edilmiştir.

Bölge ile ilgili göze çarpan; Türkiye'ye göre diğer kıtalarda ve ülkelerde etnik popülasyonlardan bireyler kullanılarak çok daha fazla çalışma yapıldığıdır.

Türkiye'de yapılan otozomal STR çalışmaları için kullanılan birey sayısının ortalaması 251,05'tir. Afrika kıtasında 454,06, Asya kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) 328,54, Çin'de 733,98, Hindistan'da 107,6, Avrupa kıtasında 399,44, Güney Amerika kıtasında (Brezilya hariç) 3072,39, Brezilya'da 11137,60, Kuzey Amerika kıtasında ise çalışmalar için kullanılan birey sayısının ortalaması 238,60'tır. Yapılan tüm otozomal STR çalışmalarında kullanılan birey sayılarının ortalaması ise 1365,28'dir.

Birey sayısı ile ilgili göze çarpan; Türkiye diğer ülkeler ve kıtalar ile karşılaştırıldığında birey sayısı ortalaması açısından en düşük olmasa da istatistiki

değerlendirmeler için daha uygun sayıda birey kullanılabilir. Yapılan tüm çalışmalar ile karşılaştırıldığında ise Türkiye’de kullanılan birey sayısının ortalamasının düşük kaldığı dikkat çekmektedir.

Türkiye’de yapılan ilk çalışmada 5 STR kullanılmışken son yıllarda bu sayı 10, 13,15 hatta 16’ya kadar yükselmiştir. 15 STR Türkiye’de ilk kez 2006 yılında kullanılmıştır. Zaten çalışmaların 2002 yılında başladığı Afrika kıtasında STR sayısı sütununa bakıldığında başından itibaren genel olarak 15 STR kullanıldığı görülmektedir. Asya kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) 2003 yılında ilk ve 2005 yılından itibaren çoğunluk olarak 15 STR kullanılsa da son yapılan çalışmalarda bu sayı 20’nin üstüne çıkmıştır. Çin’de 2003 ve Hindistan’da 2002 yılından itibaren yine genel olarak 15 STR kullanılsa da Çin’de son yıllarda çalışılan STR sayılar 20 üstü değerlerde olmakla birlikte Hindistan’da ara ara yapılan çalışmalarda 9 STR da kullanıldığı gözlemlenmiştir. Avrupa kıtasında 2003 yılından itibaren 15 STR’ın yine ön planda olduğu görülmektedir. Güney Amerika kıtasında (Brezilya hariç) STR sütununa bakılınca 15 STR’ın 2003 yılından itibaren yaygın olarak kullanıldığı, Brezilya’da ise 15 STR’ın ilk kez 2007 yılında ve genellikle 16 STR’ın kullanıldığı kaydedilmiştir. Kuzey Amerika kıtasında ise 13, 15 ve 18 STR sayısı görüldüğü, ilk çalışmalarda daha çok 13 STR, 2004 yılından itibaren ise genelde 15 STR kullanıldığı saptanmıştır.

STR sayısı ile ilgili göze çarpan; 15 STR kullanımının Türkiye’de diğer ülke ve kıtalar göre Brezilya hariç daha geç başladığıdır.

Türkiye’de AmpFISTR Identifiler kiti en çok kullanılan kitlerdir. Güney Amerika kıtası ve Brezilya hariç diğer tüm kıta ve ülkelerde de en çok kullanılan kit AmpFISTR Identifiler kitidir. Güney Amerika kıtasında ve Brezilya’da en çok kullanılan PowerPlex 16 kiti olduğu ortaya çıkmıştır.

Kit ile ilgili göze çarpan; AmpFISTR Identifiler kitinin en çok kullanılan kit olduğudur.

Türkiye’de yapılan çalışmalarda çalışmaların %78,9’unda, Afrika kıtasında %27,8’inde, Asya kıtasında (Çin ve Hindistan hariç) %90,4’ünde, Çin’de %59,2’sinde, Hindistan’da %97,4’ünde, Avrupa kıtasında %78,6’sında, Güney Amerika kıtasında (Brezilya hariç) %80,5’inde, Brezilya’da %75,0’ında ve Kuzey Amerika kıtasında %55,0’ında köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Türkiye’de olduğu gibi Afrika kıtası dışında bütün kıta ve ülkelerde köken analizi genel olarak yapılmamıştır veya köken analizinden bahsedilmemiştir. Bununla birlikte Türkiye’de yapılan birkaç çalışmada 2 veya 3 jenerasyona kadar geri gidilip köken analizi yapıldığı, Afrika kıtasında ise bunun yapılan çalışmaların yarısından fazlasında yapıldığı gözlemlenmiştir. Asya kıtası (Çin ve Hindistan hariç) ile Türkiye bu konuda karşılaştırıldığında ise benzer sayıda çalışmada bu şekilde köken analizi yapıldığı kaydedilmiştir. Çin’de 3 jenerasyona kadar geri gidilip köken analizi yapılan çalışma sayısı %34,7 oranında olup, Hindistan’da, Avrupa kıtasında, Güney Amerika kıtasında (Brezilya hariç) ve Brezilya’da bu şekilde bir köken analizi mevcut değildir. Kuzey Amerika kıtasında ise yine Türkiye’ye benzer sayıda çalışmada 2 jenerasyona kadar köken analizi yapılmıştır.

Köken analizi ile ilgili göze çarpan, köken analizinin genel olarak olması gerekenden daha az önemsendiği, genel olarak çalışmalarda köken analizi yapılmadığı veya yapıldığından bahsedilmediği, yapılmış olanlarda ise güvenilirliğinin tartışılacağı şekilde yapıldığıdır. Ayrıca Çin’de kayda değer sayıda 3 jenerasyona kadar geri gidilip yapılan köken analizlerinin olduğu dikkat çekmektedir.

Ayrım gücü ile ilgili sütunlara bakıldığında Türkiye’de yapılan çalışmalarda genel olarak ayrım gücü en düşük lokus D3S1358 olarak belirtilmiştir. Afrika’da bu D13S317 ile TPOX lokuslarıdır. Asya kıtası (Çin ve Hindistan hariç), Çin, Hindistan, Avrupa kıtası, Güney Amerika kıtası (Brezilya hariç), Brezilya ve Kuzey Amerika kıtasında yapılan çalışmalarda genel olarak TPOX lokusu ayrım gücü en düşük lokustur. Ayrım gücü en yüksek lokus bilgilerine bakıldığında ise Türkiye ve Afrika kıtasında yapılan çalışmaların çoğunluğunda D18S51 lokusunun belirtildiği gözlemlenmiştir. Bunun dışında ise Asya kıtası (Çin ve Hindistan hariç), Güney Amerika kıtası (Brezilya hariç) ve Brezilya’da yapılan çalışmaların genelinde Penta E

lokusu ayırım gücü en yüksek lokus olarak görülmüştür. Çin'de D19S433, Avrupa'da da D2S1338 lokusu genel olarak çalışmalarda ayırım gücü en yüksek çıkanlardır. FGA lokusu da Hindistan ve Kuzey Amerika kıtasında yapılan çalışmalarda çoğunluk olarak ayırım gücü en yüksek lokustur.

Ayırım gücü ile ilgili göze çarpan; TPOX lokusunun genel olarak çalışmalarda ayırım gücü en düşük lokus olduğu ve D18S51, Penta E ile FGA lokuslarının da ayırım gücü en yüksek lokuslar olarak dikkat çektiğidir.

#### **4.2. İncelenen X-STR Çalışmaları için,**

Türkiye'de hiçbir X-STR çalışması yapılmamışken, Afrika kıtasında 2007'den 2008'e (1 yıl) 2, Asya kıtasında (Çin hariç) 2003'ten 2015'e (12 yıl) 17, Çin'de 2004'ten 2013'e (9 yıl) 14, Avrupa kıtasında 2001'den 2014'e (13 yıl) 25 ve Güney Amerika kıtasında 2007'den 2010 yılına (3 yıl) kadar 7 makale yazılmıştır. Başlangıç yılına bakılınca Avrupa kıtasında diğer kıtalara ve ülkelere göre X-STRlarla popülasyon genetiği çalışmalarına daha erken başlamıştır ve en fazla sayıda çalışma gerçekleştirilmiştir. Afrika kıtasında 2007, Asya kıtasında (Çin hariç) 2008, Çin'de 2004 ile 2011, Avrupa kıtasında 2008 ve Güney Amerika kıtasında 2009 yılında çalışma sayısı artmıştır.

Yıl ile ilgili göze çarpan; Avrupa kıtasında X-STR çalışmalarının daha çok yapıldığı ama genel olarak X-STR çalışmalarının yaygın olmadığıdır.

Afrika kıtasında genellikle bölge olarak ülkeler belirtilmiştir. Asya kıtasında (Çin hariç) da aynı şekilde daha çok ülke ve belirli popülasyonlardan bireyler kullanılmıştır. Çin'de genelde etnik gruplarda bulunan bireylerden örnekler alındığı izah edilmiştir. Avrupa kıtasında genelde belirli ülkelere ait bireylerden örnekler toplanarak çalışmalar yürütülmüştür. Birkaç çalışmada yine aynı ülkede bulunan fakat farklı popülasyon gruplarına ait bireyler, birkaç çalışmada ise belirli bir bölgeye ait bireylerle çalışma yapılmıştır. Güney Amerika kıtasında ülkelere ait farklı popülasyon

grupları çalışılmasının yanı sıra bir çalışmada belirli bir bölgeden birkaç çalışmada ise belirli bir ülkede bulunan spesifik yerlerden alınan bireylerle çalışmalar yürütülmüştür.

Bölge ile ilgili göze çarpan; otozomal STR çalışmalarında da olduğu gibi belirli bir yere ait farklı popülasyonlardan bireyler kullanılarak çalışmaların yapıldığıdır.

Afrika kıtasında yapılan X-STR çalışmaları için kullanılan birey sayısının ortalaması 223,25'tir. Asya kıtasında (Çin hariç) 360,88, Çin'de 536,33, Avrupa kıtasında 387,88, Güney Amerika kıtasında ise çalışmalar için kullanılan birey sayısının ortalaması 489,09'dur. Yapılan tüm X-STR çalışmalarında kullanılan birey sayılarının ortalaması ise 427,29'dur.

Birey sayısı ile ilgili göze çarpan; kullanılan birey sayılarının istatistiki değerlendirmeler için genel olarak ortalamalara bakılınca uygun olduğu, ve otozomal STR çalışmalarında olduğu gibi yine Çin'de yapılan çalışmalarda kullanılan birey sayılarının ortalamasının diğer ülke ve kıtalara göre yüksek olduğudur.

Afrika'da yapılan çalışmalarda 10 ve 8 STR kullanılmışken, Asya kıtasında (Çin hariç) 18, 5, 6, 13, 8, 4, 16, 7, 12, 10 gibi STRlar kullanılmıştır fakat düzenli bir örüntü görülmemiştir. Çin'de yine Asya kıtasında olduğu gibi 11, 10, 3, 9, 4, 7, 15, 16 gibi farklı sayılarda STRlar kullanıldığı görülmektedir. Avrupa kıtasında STR sayıları 2, 3, 5, 7, 10 şeklinde yükseliş gösterirken sonra yine bir düşüşten sonra 12, 10 STR sayılarına çıkmıştır. Kısacası Avrupa kıtasında kullanılan STR sayıları yıllara bakıldığında düzenli düşüş ve yükselişler göstermektedir. Güney Amerika kıtasında STR sütununa bakılınca 10 STRın yaygın olarak kullanıldığı kaydedilmiştir.

STR sayısı ile ilgili göze çarpan; otozomal STR çalışmalarında olduğu gibi STR sayılarının belirli bir düzenle artmadığıdır. İdeal bir STR sayısına ulaşamadığı izlenimini verdiği dikkat çekmektedir.

Afrika kıtasında genel olarak Decaplex kiti, Asya kıtasında (Çin hariç) Mentype Argus X-8 ile Investigator Argus X-12 kitleri, Avrupa kıtasında da Mentype Argus X-8 kiti yaygın olarak kullanılmıştır. Çin’de çalışmaların %95,2’sinde ve Güney Amerika kıtasında da %90,9’unda kit belirtilmemiştir.

Kit ile ilgili göze çarpan; Mentype Argus X-8 ile Investigator X-12 kitlerinin en çok kullanılan kitler olduğudur. Ayrıca çoğu çalışmada kitlerin belirtilmediği dikkat çekmektedir.

Afrika ve Asya kıtasında (Çin hariç) yapılan çalışmaların hepsinde köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Çin’de %71,4’ünde, Avrupa kıtasında %85,7’sinde ve Güney Amerika kıtasında %63,6’sında köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir.

Köken analizi ile ilgili göze çarpan, köken analizinin genel olarak olması gerekenden daha az önemsendiği, genel olarak çalışmalarda köken analizi yapılmadığı veya yapıldığından bahsedilmediği, yapılmış olanlarda ise güvenilirliğinin tartışılacağı şekilde yapıldığıdır.

Ayırım gücü ile ilgili sütunlara bakıldığında değerlendirmeler kadın ve erkek bireyler şeklinde yapılmıştır. Afrika kıtasında, Asya kıtasında (Çin hariç), Çin’de ve Avrupa kıtasında yapılan çalışmalarda kadın bireyler için genel olarak ayırım gücü en düşük lokus DXS7423 lokusudur. Güney Amerika’da DXS7423 lokusunun yanı sıra DXS8378 lokusu da çoğu çalışmalarda kadın bireylerde düşük ayırım gücüne sahiptir. Erkek bireyler için ise genel olarak ayırım gücü düşük olan lokusun yine DXS7423 olduğu ve yine Güney Amerika için DXS8378 lokusunun da çoğu çalışmada erkek bireyler için düşük ayırım gücüne sahip olduğu görülmüştür. Afrika ve Asya kıtasında hem kadın hem de erkek bireyler için ayırım gücü en yüksek lokusun DXS8377 olduğu ortaya çıkmıştır. Avrupa kıtasında da kadın bireyler için DXS8377 lokusunun yanı sıra DXS10135 lokusunun çoğu çalışmada ayırım gücünün yüksek olduğu görülmüştür. Avrupa kıtasında yapılan çalışmalarda kullanılan erkek bireylerde de DXS10135 lokusunun çalışmaların çoğunda ayırım gücünün en yüksek lokus olduğu

kaydedilmiştir. Çin’de kadın ve erkek bireyler DXS101 lokusunun ayırım gücü en yüksek lokus olmasının yanı sıra kadın bireylerde ayrıca DXS981 lokusunun da çoğu çalışmada ayırım gücü en yüksek lokus olduğu görülmüştür. Güney Amerika kıtasında yapılan çalışmaların genelinde ise hem erkek hem de kadın bireyler için en yüksek ayırım gücüne sahip olan lokus DXS6809’dur.

Ayırım gücü ile ilgili göze çarpan; DXS7423 lokusunun genel olarak çalışmalarda ayırım gücü en düşük lokus olduğu ve DXS8377, DXS10135, DXS101 ile DXS981 lokuslarının da ayırım gücü en yüksek lokuslar olarak dikkat çektiğidir.

#### **4.3. İncelenen Y-STR Çalışmaları İçin;**

Türkiye’de 2003’ten 2017’ye (14 yıl) kadar 10 makale yazılmışken, Afrika kıtasında 1999’dan 2013’e (14 yıl) 20, Asya kıtasında (Çin ve Japonya hariç) 1998’den 2014’e (16 yıl) 34, Çin’de 2000’den 2016’ya (16 yıl) 38, Japonya’da 2001’den 2008’e (7 yıl) 10 Avrupa kıtasında (İspanya hariç) 1997’den 2015’e (18 yıl) 45, İspanya’da 1997’den 2007’ye (10 yıl) 12, Güney Amerika kıtasında 2003’ten 2015’e (12 yıl) 20 ve Kuzey Amerika kıtasında 2000’den 2013 yılına (13 yıl) kadar 11 makale yazılmıştır. Başlangıç yılına bakılınca Türkiye diğer kıtalara ve ülkelere göre Y-STRlarla yapılan popülasyon genetiği çalışmalarına benzer yıllarda başlamıştır. Türkiye’nin; diğer ülke ve kıtalara göre yıl başına düşen çalışma sayısı daha azdır.

Türkiye’de 2003 ve 2005 yılında Y-STRlarla yapılan popülasyon genetiği çalışmaları artış göstermektedir. Afrika kıtasında 2004 ile 2005, Asya kıtasında (Çin hariç) 2005, Çin’de 2015, Avrupa kıtasında (İspanya hariç) 2003, İspanya’da 1999, Güney Amerika kıtasında 2008, Kuzey Amerika kıtasında 2012 yıllarında çalışma sayısı artmıştır.

Yıl ile ilgili göze çarpan; Türkiye’de diğer ülke ve kıtalara göre Y-STRlar kullanılarak yapılan popülasyon genetiği çalışmalarına daha geç başlandığı ve daha az çalışma yapıldığıdır.

Türkiye’de yapılan Y-STR çalışmalarda bireyler genel olarak coğrafik bölgelere göre seçilmişken bazı çalışmalarda belirli illerden de biyolojik örnekler toplanmıştır. Türkiye’de genel olarak homojen dağılımla yapılmış popülasyon genetiği çalışmaları yapılmamaktadır. Türkiye dışında yapılan Y-STR çalışmalarında daha çok ve spesifik bölgeler kullanılarak alt yapı çalışmaları gerçekleştirilmiştir. Birçok kıtada bölge adı altında etnik grup isimleri verilmiştir ve bu etnik popülasyonlardan bireyler kullanıldığı belirtilmiştir. Afrika kıtasında genellikle bölge olarak ülkeler ve etnik popülasyonlar belirtilmiştir. Çoğu çalışmada yer ismi verilip o yere ait farklı etnik gruplar veya popülasyonlardan bireylerden örnek alınmıştır. Asya kıtasında (Çin hariç) da aynı şekilde daha çok ülke ve belirli popülasyonlardan bireyler kullanılmıştır. Çin’de belirli coğrafik bölgeler ve etnik gruplarda bulunan bireylerden örnekler alındığı izah edilmiştir. Çin’de yapılan çalışmaların genelinde bölge olarak kullanılan bireylerin ait oldukları etnik popülasyonlar belirtilmiştir. Avrupa kıtasında (İspanya hariç) genelde belirli ülkelere ait bireylerden örnekler toplanarak çalışmalar yürütülmüştür. Birkaç çalışmada yine aynı ülkede bulunan fakat farklı popülasyon gruplarına ait bireyler, birkaç çalışmada ise farklı bölgelere ait bireyler ile çalışma yapılmıştır. İspanya’da ya farklı yerlere ait ya da belirli yerlere ait farklı popülasyonlar çalışılmıştır. Güney Amerika kıtasında ülkelere ait farklı popülasyon grupları çalışılmıştır. Birkaç çalışmada Amazon bölgesinden bireyler kullanılmıştır. Kuzey Amerika kıtasında genellikle farklı etnik popülasyonlardan bireyler kullanıldığı izah edilmiştir. Bu kıtada yapılan çalışmaların çoğunda Kafkas, Afrika Amerikalı, Asyalı ve Hispanik bireyler kullanıldığı belirtilmiştir.

Bölge ile ilgili göze çarpan; Türkiye’ye göre diğer kıtalarda ve ülkelerde etnik popülasyonlardan bireyler kullanılarak çok daha fazla çalışma yapıldığıdır.

Türkiye’de yapılan Y-STR çalışmaları için kullanılan birey sayısının ortalaması 171,50’dir. Afrika kıtasında 96,69, Asya kıtasında (Çin ve Japonya hariç) 242,09, Çin’de 318,37, Japonya’da 375,91, Avrupa kıtasında (İspanya hariç) 236,04, İspanya’da 149,56, Güney Amerika kıtasında 158,18, Kuzey Amerika kıtasında ise çalışmalar için kullanılan birey sayısının ortalaması 446,23’tür. Tüm Y-STR

çalışmaları için kullanılan birey sayılarının ortalaması da 240,54 olarak hesaplanmıştır.

Birey sayısı ile ilgili göze çarpan; Türkiye diğer ülkeler ve kıtalar ile karşılaştırıldığında birey sayısı ortalaması açısından en düşük olmasa da istatistiki değerlendirmeler için daha uygun sayıda birey kullanılabileceğidir. Özellikle de tüm çalışmalarda kullanılan birey sayısı ortalaması ile karşılaştırıldığında Türkiye’de kullanılan birey sayısı ortalamasının düşük olduğu dikkat çekmektedir.

Türkiye’de yapılan ilk çalışmada 6 STR kullanılmışken son yıllarda bu sayı 10, 16 hatta 17’ye kadar yükselmiştir. 17 STR Türkiye’de ilk kez 2011 yılında kullanılmıştır. Çalışmaların az çok düzenli bir artış göstermekte olup son yıllarda ağırlıklı olarak 17 STR’ın kullanıldığı görülmüştür. Afrika’da 17 STR ilk kez 2005 yılında kullanılmıştır. Asya kıtasında (Çin hariç) ilk yapılan çalışmalarda 7, 9, 10, 12, 13 STR sayıları ile çalışmalar yapılmış, 17 STR ise 2008 yılından itibaren kullanılmaya başlanmıştır. Çin’de 2006 yılında ilk kez kullanıldıktan sonra genel olarak 17 STR kullanıldığı gözlemlenmiştir. Avrupa kıtasında (İspanya hariç) 2005 yılından itibaren 17 STR’ın yine ön planda olduğu görülmektedir. Yapılan son iki çalışmada ise 23 STR kullanıldığı kaydedilmiştir. Güney Amerika kıtasında STR sütununa bakılınca 17 STR’ın 2004 yılından itibaren kullanıldığı fakat daha çok kullanılan STR sayısının 12 olduğu, Kuzey Amerika kıtasında ise yaygın olarak 20 üzeri sayıda STR’ın kullanıldığı görülmüştür.

STR sayısı ile ilgili göze çarpan; 17 STR kullanımının Türkiye’de diğer ülke ve kıtalar göre daha geç başladığıdır.

Türkiye’de AmpFISTR Y Filer kiti en çok kullanılan kittir. Güney Amerika kıtası hariç diğer tüm kıta ve ülkelerde de en çok kullanılan kit AmpFISTR Y Filer kitidir. Güney Amerika kıtasında ve Brezilya’da en çok kullanılan PowerPlex Y kiti olduğu ortaya çıkmıştır.

Kit ile ilgili göze çarpan; AmpFISTR Y Filer kitinin en çok kullanılan kit olduğudur.

Türkiye’de yapılan çalışmalarda çalışmaların %66,7’sinde, Afrika kıtasında %65,6’sında, Asya kıtasında (Çin ve Japonya hariç) %58,1’inde, Çin’de %44,2’sinde, Japonya’da %100’ünde, Avrupa kıtasında (İspanya hariç) %57,7’sinde, İspanya’da %56,3’ünde, Güney Amerika kıtasında %75,0’ında ve Kuzey Amerika kıtasında %40,9’unda köken analizi yapılmamıştır veya yapıldığı belirtilmemiştir. Türkiye’de olduğu gibi Çin dışında bütün kıta ve ülkelerde köken analizi genel olarak yapılmamıştır veya köken analizinden bahsedilmemiştir. Bununla birlikte Türkiye’de yapılan birkaç çalışmada 2 veya 3 jenerasyona kadar geri gidilip köken analizi yapıldığı, Afrika kıtasında ise Türkiye’ye göre daha fazla sayıda çalışmada yapıldığı gözlemlenmiştir. Asya kıtası (Çin ve Japonya hariç) ile Türkiye bu konuda karşılaştırıldığında yine Asya kıtasında Türkiye’ye göre daha fazla çalışmada bu şekilde köken analizi yapıldığı kaydedilmiştir. Çin’de 3 jenerasyona kadar geri gidilip köken analizi yapılan çalışma sayısı %46,5 oranında olup, Avrupa kıtasında, Asya kıtasında 2 ve 3 jenerasyona kadar geri gidilip köken analizinin yapıldığı çalışma sayısına benzer sayıda bu şekilde çalışma yapıldığı, Güney Amerika’da ise bu şekilde bir köken analizi mevcut olmadığı tespit edilmiştir. Kuzey Amerika kıtası ve İspanya’da ise sırasıyla bir çalışmada 2 jenerasyona ve 1 çalışmada ise 3 jenerasyona geri gidilip köken analizi yapılmıştır.

Köken analizi ile ilgili göze çarpan, köken analizinin genel olarak olması gerekenden daha az önemsendiği, genel olarak çalışmalarda köken analizi yapılmadığı veya yapıldığından bahsedilmediği, yapılmış olanlarda ise güvenilirliğinin tartışılacağı şekilde yapıldığıdır. Ayrıca Çin’de kayda değer sayıda 3 jenerasyona kadar geri gidilip yapılan köken analizlerinin olduğu dikkat çekmektedir.

Genetik çeşitlilik (GD) ile ilgili sütunlara bakıldığında Türkiye’de yapılan çalışmalarda genel olarak genetik çeşitliliği en düşük lokus DYS391 olarak belirtilmiştir. Afrika’da bu DYS32 ile TPOX lokuslarıdır. Asya kıtası (Çin ve Japonya hariç) ve Çin’de, Türkiye’de olduğu gibi DYS391 lokusu genellikle genetik çeşitliliği

en düşük olan lokustur. Japonya’da DYS391 ve DYS436 lokusları genetik çeşitliliği en düşük lokuslar arasındadır. Avrupa kıtasında (İspanya hariç) yapılan çalışmaların çoğunda genetik çeşitliliği en düşük olan lokus DYS392’dir. İspanya, Güney Amerika kıtası ve Kuzey Amerika kıtasındaki çalışmalarda genellikle DYS393 genetik çeşitliliği en düşük lokustur. Türkiye, Afrika kıtası, Japonya, Avrupa kıtası (İspanya hariç), İspanya, Güney Amerika kıtası ve Kuzey Amerika kıtasında yapılan Y-STR çalışmalarında genel olarak genetik çeşitliliği en yüksek lokus DYS385’tir. DYS385a ise Asya kıtasında (Çin ve Japonya hariç) ve Çin’de yapılan çalışmaların çoğunda genetik çeşitliliği en yüksek lokustur.

Genetik çeşitlilik ile ilgili göze çarpan; DYS391 lokusunun genel olarak çalışmalarda genetik çeşitliliği en düşük lokus olduğudur. DYS385 de genetik çeşitliliği en yüksek lokus olarak dikkat çekmektedir.

#### **4.4. İncelenen Tüm Çalışmalar için;**

Popülasyon genetiği çalışmaları Otozomal, X ve Y STRlarla yapılanlar olarak 3 genel grup şeklinde incelendi. Bulunan X STRlarla yapılan çalışmaların sayısının azlığı dikkat çekmektedir. Bununla birlikte Türkiye’de X STRlarla yapılan popülasyon genetiği çalışması bulunamamıştır. Aslında X STR’ın düşük mutasyon oranında yüksek polimorfizm göstermeleri genetik kimlik analizlerinde avantajlar sağlamaktadır. Anne ile çocuklar, baba ile kız çocuk arasındaki bağlantı, babanın olmadığı durumlarda iki kız kardeşin aynı babadan olup olmadıkları, yine babanın bulunmadığı durumlarda babaanne ile kız arasında X-STR ve soy bağı bakılabilmektedir. Adli olarak incelenen ensest vakalarında hamilelik durumu söz konusu olduğunda fetusun dişi olması durumunda fetusa ait X-STR profili hamile kadının X-STR profiliyle aynı ise ensest babalık kanıtlanabilir. X-STR’ın genetik profillenmede ayırt edicilik gücü çok yüksektir. X STRlar aslında otozomal ve Y-STRlar kadar önemli olsalar da uygulamada kullanılmasına geç başlanması, kadın bireylerde iki adet bulunması gibi nedenlerden dolayı daha az tercih edilmektedir. Bulunan Otozomal ve Y STRlarla yapılan çalışmaların sayıları ise birbirine yakındır.

Otozomal STRlar zaten genel vücut kromozomlarında bulunan tekrarlar olmaları nedeniyle popülasyon genetiği çalışmaları için idealdir. Y STRların ise bu çalışmalarda kullanımının çok olması hem babalık soyu boyunca aynen aktarılması hem de adli olaylarda karışık örneklerde önemli olmasından kaynaklanmaktadır

STR çalışmaları etnik köken çalışmaları değildir. Genetik verilerin etnik ayrım için kullanıldığı düşünülmektedir. Ancak büyük bir coğrafyada gruplar ayırt edilebilir.

Türkiye’de yapılan çalışmalarda kullanılan birey sayılarının ortalamaları diğer ülkelere göre genel olarak düşüktür. Birey sayısının belirli bir standarda oturtulmaması bu şekilde yapılan çalışmalarda güvenilirliğin tartışılmasına sebep olmaktadır.

STR sayılarının arttırılma nedenleri; ulusal veri tabanındaki tesadüfi eşleşme olasılığını minimize etmek, uluslararası uyumluluğu arttırmak, kayıp şahıs vakalarındaki ayırım gücünü arttırmak şeklinde sıralanabilir. Ayrıca yeni eklenen ve sayısı arttırılan STR lokuslarının ampikon boyları daha küçük olduğundan beklemiş ve bozulmuş biyolojik örneklerin tiplendirilmesinde de daha başarılı sonuçlar alınmasını sağlamaktadır. Buna ek olarak karışık biyolojik örneklerde de STR lokuslarının sayılarının arttırılması önem taşımaktadır. Bu nedenle adli uygulamalarda kimliklendirmede STR lokuslarının çeşitliliği, topluma özgünlüğü yüksek polimorfizm gösteren bölgelerin seçilmesiyle birlikte sayılarının da arttırılması spesifiteyi arttırmaktadır.

Yaklaşık 25 senedir yapılan popülasyon genetiği ve adli uygulamada adli kimliklendirme, anne babalık tayini ve akrabalık ilişkilerinin belirlenmesi için gerekli olan kitler yurtdışından temin edilmektedir. Kamu ihale kurumu verilerine göre 2015 yılında kamu ve özel kuruluşlar tarafından sadece adli kimliklendirme için 180.000 ticari STR kiti yurt dışından ithal edilmiştir. Geçmiş yılların verilerine bakıldığında ise her yıl bu rakamın yüzde 10 ile 20 arası arttığı görülmektedir (Ekap, 2017).

Çalışmalarda köken analizi ile ilgili bilgiler çok farklı şekillerde dile getirilmiştir. Bu konuda belirli bir standardın olmamasıyla köken analizinin çoğu çalışmada yapılmaması veya köken analizine değinilmemesi dikkat çekmiştir.

STR lokuslarının toplumsal özgünlüğü olabilmesi için seçim ve karakterizasyonu yapılmalıdır. STR lokusunun türe özgünlük (specificity), duyarlı (sensitivity), tekrarlanabilirlik (repeatability), farklı kişilerce tekrarlanabilirlik (reproducability) ve kesinlik ile doğruluk (accuracy) özelliklerini taşıması gerekmektedir (Barlas ve ark., 2010; Szibor, 2007). CODIS ve ESS sistemlerinde bulunup da Türkiye için düşük çeşitlilik gösteren lokusların ayırt ediciliği önemlidir. Genel olarak kullanılan kitlerde bulunan STR lokuslarının ayırt ediciliğinin saptanması o topluluğa özgün STRların seçiminde yardımcı olmaktadır.

## 5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Popülasyon genetiği çalışmalarının genel olarak bilime ve spesifik olarak adli bilimlere katkısının daha verimli olabilmesi için popülasyon genetiği alanında yapılan çalışmaların önemi büyüktür.

Otozomal, X ve Y STRları olarak her bir STR çeşidinin kendine özgü özellikleri bulunmaktadır. Otozomal ve Y STRlarla yapılan popülasyon genetiği çalışmaları çoğunlukta X STRlarla yapılan çalışmaların geri planda kaldığı dikkat çekmiştir. Fakat aslında X-STRların düşük mutasyon oranında olmaları ve popülasyon genetiği çalışmalarında polimorfizm göstermeleri açısından öncelikli tercih nedeni olmalıdır. Çünkü bu karakteristikler adli uygulamalarda özellikle bozulmuş biyolojik örneklerde önem taşımaktadır. X-STRlarla yapılan çalışmalardan bulunanlar arasında Türkiye’de yapılanına rastlanılmamıştır. Bulunup incelenen diğer çalışmalarda Türkiye’de otozomal ve Y STRlar ile yapılan popülasyon genetiği çalışmalarının diğer ülkelere göre genel olarak düşük sayıda kaldığı ortaya çıkmıştır. Fakat Emniyet Genel Müdürlüğü Kriminal Polis Laboratuvarı, Adalet Bakanlığı Adli Tıp Kurumu, Jandarma Genel Komutanlığı Kriminal Daire Başkanlığı Kriminal Laboratuvarı, üniversitelerin Adli Tıp Enstitüleri ve Adli Tıp Ana Bilim dalları ile babalık ve akrabalık tayini yapan özel laboratuvarlarda rutin olarak STR kullanılan birçok çalışmalar yapılmaktadır. Yani STR’ların kullanıldığı adli bilimlere katkı sağlayacak az bilimsel çalışma yapılmasına rağmen rutinde yapılan adli uygulamalarda STR’ların kullanım yaygınlığı çok fazladır. Sadece Emniyet ve Adli Tıp kurumu tarafından yılda yaklaşık 200.000 kit kullanılan, genetik çalışmanın bu kadar ön planda olduğu bir yerde STRlarla yapılan popülasyon genetiği çalışmaları ARGE’si yapılanmamış bir alan olarak kalmıştır.

İncelenen popülasyon genetiği çalışmalarında örnek alınan bireylerin toplandığı yerler (bölge) belirtilirken, Türkiye’de diğer ülkelere göre etnik grup adı altında bir sınıflandırmanın daha az kullanıldığı göze çarpmaktadır.

Popülasyon genetiği çalışmalarında kullanılan birey sayısının istatistiki değerlendirmeler yapılırken gerçekten bulunacak bir fark varsa onun ortaya çıkması için yeterli sayıda olmalıdır. Lokusların ayırt ediciliğinin saptanması açısından birey sayısının belirli bir standartta olması güvenilirliği arttırmaktadır.

Kullanılan STR lokuslarının sayıları genel olarak yıllara göre artış göstermektedir. STR lokus sayılarının artış gösterme nedenlerinin başında da ayırt ediciliğin bu şekilde artırılması gelmektedir. STR sayılarının artışı yaygın olarak kullanılan kitlere bakılarak da belli olmaktadır. Kit olarak Otozomal STR kullanılan popülasyon genetiği çalışmalarında sırasıyla AmpFISTR Identifiler ile PowerPlex 16; X STR kullanılanlarda Mentype Argus X-8 ile Investigator X-12 ve Y STR kullanılanlarda ise AmpFISTR Y Filer kitlerinin en çok kullanıldığı göze çarpmıştır. Yine kit konusunda da STR sayısında olduğu gibi ilk yıllarda belirli bir düzen olmadığı, fakat daha sonra kullanımların standartlaştığı farkedilmiştir. Ayrıca Türkiye’de henüz yerli olarak üretilen STR kiti bulunmadığından ihtiyaç duyulan tüm kitler yurt dışından ithal edilmektedir. Kitlerin yaygın kullanımı ve ithal edilmesi her yıl ekonomik olarak ülkeye yük olmaktadır. Bunun yanı sıra yurt dışından kitlerin hazır olan içerikleri ile kullanılması, bu kitlerin Türkiye toplumuna özgün STRlarla oluşturulmaması açısından yapılan popülasyon genetiği çalışmaları ile adli uygulamalarda elde edilen sonuçların verimliliğini etkilemektedir. Kitlerin amacı kişisel kimliklendirme, babalık tayini ve atasal bağlantıların tayini olmak üzere önemli adli uygulamalarda kullanılabilmesi ve yüksek doğruluk derecesine sahip olması beklenmektedir.

İncelenen çalışmalarda köken analizi açısından birçok eksiğin olduğu tespit edilmiştir. Bir popülasyonun bireylerinin o popülasyonu temsil edip etmedikleri o çalışmanın verimliliğini etkilemektedir. Birçok çalışmada köken analizi hakkında hiçbir bilgi verilmemişken, bilgi verilenlerde de belirli bir standart olmadığı görülmektedir. Yapılan çalışmalarda toplanılan örneklerin laboratuvarlardan toplama örnekler ile karışık örnekler olması sebebiyle toplumsal özgünlüğü yansıtmadığından alt yapı çalışması açısından daha çok veri kirliliğine yol açmaktadır.

Ayrım gücü ile ilgili bilgiler incelenen çalışmaların en önemli noktalarından biridir. Lokusların ayırım gücü onların hem ilerde yapılacak popülasyon genetiği çalışmalarında hem de adli olaylarda kullanımını belirleyecektir. İncelenen çalışmaların çoğunda ya tablolar şeklinde ya da sadece yazıyla lokusların ayırım güçleri ile ilgili bilgiler verilmiştir. Otozomal STR çalışmalarında ayırım gücü en düşük lokus TPOX, X STRlarda DXS7423, Y STRlarda DYS391'dir. Otozomal STR çalışmaları için D18S51, Penta E, FGA; X STR çalışmaları için DXS8377, DXS10135, DXS101, DXS981 ve Y STR çalışmaları için ise DYS385 lokusu ayırım gücü en yüksek lokuslardır. CODIS ve ESS sistemlerinde bulunan lokusların Türkiye'deki ayırt ediciliği önemlidir.

Çalışmalarda kullanılan birey sayısı, lokuslar ve kitlerin belirtildiği, köken analizinin yapıldığı, ayırt ediciliği en yüksek ve en düşük STR'ların ortaya konduğu bir standart oluşturulursa popülasyon genetiği çalışmalarının verimliliği artırılmış olur.

STR lokuslarının bilimsel olarak kullanımı az olsa da rutinde kullanımlarının daha yaygın olduğu ortadadır. Fakat gerçek şudur ki STR'ların ayırt ediciliği hakkında, yani adli bilimler açısından önemli olan kısmı, bilimsel olarak ne kadar çok çalışma yapılırsa o kadar çok bilgi edinilebilir. Bundan dolayı rutin dışında yapılan STRların kullanılarak yapıldığı popülasyon genetiği çalışmalarının artmasında yarar vardır.

Türkiye için bütün 7 coğrafik bölgeyi kapsayacak alt yapı çalışmalarındaki eksiklik giderilmelidir.

Birey sayısının belirli bir sayının altına inmemesi veya belirli bir sayıda yapılması çalışmaların standardize olmasını sağlar.

CODIS ve diğer uluslararası kitlerde STR sayısının artırılması konusunda ayırt ediciliği sağlaması açısından güncellemeler yapılması önemlidir.

Çalışmalarda kullanılan lokus ve kitlerin belirtilmesi o çalışmadaki verilerin daha sonraki yapılacak çalışmalarda yorumlanarak kullanıp veya kullanılmamasında rol oynayabilir. Bu alanda Türkiye'nin ARGE'sinin yapılması için topluma özgü daha yüksek ayırt ediciliği olan STRları içeren yerli olarak üretilen kitlerin geliştirilmesi, performans, karşılaştırma ve validasyon çalışmalarının yapılması ile birlikte uluslararası geçerliliğini ve uyumunu sağlamak gerekmektedir. Türkiye'de hem popülasyon genetiği çalışmalarında hem de adli uygulamalarda kullanılacak yerli kitlerin oluşturulması maliyet ve performans verilerinin Türkiye lehine gelişmesini sağlayacaktır. Eğer ilerde Türkiye'ye özgü bir STR kiti geliştirilirse bu kitin güven oluşturabilmesi için başta Emniyet ve Adli Tıp Kurumu gibi güvenilir teşkilatlar tarafından kullanılması gerekli olacaktır.

Köken analizinin yapılması ve ne şekilde yapıldığının belirtilmesi, kullanılan bireylerin o çalışma için uygun olup olmadıklarını göstermenin yanı sıra yapılan çalışmaların güvenilirliğini artırır. En az iki kuşak yerlisi ve akrabalık bağı olmayan, köken analizi yapılmış bireylerle çalışmaların yapılması gereklidir.

Ayırt ediciliği en yüksek ve en düşük lokusların ortaya konması sonraki popülasyon genetiği çalışmaları ve adli olaylar gibi STRların kullanıldıkları diğer alanlarda hangi STRların kullanılmasının uygun olup olmayacağı konusunda yardımcı olur. CODIS içerisinde yer almayan Türkiye toplumuna özgü olan lokusların ya da yer alıp topluma özgü olmayan lokusları ayırıp uluslararası parametrelerle eşleştirmek gerekmektedir.

Türkiye'de STRlarla yapılan popülasyon genetiği çalışmaları ile Türkiye dışındaki ülkelerde yapılan çalışmalar incelenerek bu çalışmaların sayısı, kullanılan örneklerin nereden toplandığı, birey sayısı, STR sayısı ve kitler ile köken analizi, lokusların ayırt ediciliğine bakılarak yöntem açısından farklılıklarının incelenmesiyle popülasyon genetiği çalışmalarının geliştirilmesi ve adli önem konusunda farkındalık yaratmak amacıyla yapılan bu çalışmada Türkiye'de rutin olarak yaygın bir şekilde kullanılan STR'ların popülasyon genetiği çalışmaları açısından geriden geldiği, bu alanın bakir kaldığı ve yurt dışına bağımlı olarak çalışıldığı gerçeklerini ortaya

koymak ile birlikte Türkiye'nin toplumsal özgünlüğünü ifade eden STR'lardan oluşmuş bir kitin adli, bilimsel ve ekonomik açıdan önemi vurgulanmıştır.



## ÖZET

### **Türkiye'de Yapılan Popülasyon Genetiği Çalışmalarının Çeşitliliği İncelenerek, Diğer Ünelere Ait Popülasyon Genetiği Çalışmaları Açısından Farklılıklarının ve Öneminin Vurgulanması**

İnsan popülasyon genetiği çalışmalarında vücut ve cinsiyet kromozomları üzerindeki kısa ardışık tekrarlar (STRlar) kullanılarak bir popülasyondaki bireyler arasındaki ve farklı popülasyonların bireyleri arasındaki genetik varyasyonlar araştırılır. Yüksek polimorfik (ayırım gücü yüksek) özellikte olan STR bölgeleri otomasyona uygun, hızlı ve kolay analiz yöntemleri oluşturması nedeniyle adli genetik alanında da tercih edilmektedir. Adli amaçlı ve özellikle kriminal olaylarda delillerin değerlendirilmesi, kimliği belirsiz cesetlerin kimliklendirilmesi ve soy bağı tespitleri için elde edilen DNA profillerindeki allellerin değerlendirilmesi için popülasyon genetiği verilerine dayalı istatistiksel olasılık hesapları yapılması gerekmektedir. Bu nedenle popülasyon genetiği verilerinin oluşturulması gerekir. Bu çalışmada araştırılıp ulaşılan Türkiye'de STR'larla yapılan popülasyon genetiği çalışmaları ve Türkiye dışında yapılan çalışmalar incelenerek, bu çalışmaların sayısı, kullanılan örneklerin nereden toplandığı, birey sayısı, STR sayısı ve kitler ile köken analizi, lokusların ayırt ediciliğine bakılarak farklılığı açısından irdelenip, popülasyon genetiği çalışmalarının tıbbi, adli önemi ve geliştirilmesi konusunda farkındalık yaratmak amaçlanmıştır. Bu amaç ışığında ulaşılan tüm çalışmaların bu özelliklerini ortaya koyacak şekilde özetleri dökümanite edilerek veriler elde edilmiştir. Oluşturulan tablolar veri tabanındaki boşluğu ortaya çıkarmıştır. Türkiye'de yapılan popülasyon genetiği çalışmalarında kullanılan kitlerde bulunan STR bölgelerinin Türkiye'ye özgü olmaması, ayırt ediciliklerinin yetersiz kalmasına neden olmanın yanı sıra yapılan çalışmaların bölgesel ya da küçük ölçekli çalışmalar olması, örneklem sayısı ve çeşitliliği ile çalışılan lokus sayısı itibariyle Türkiye popülasyonunu temsil etmemesi nedenlerinden dolayı bu alanın geliştirilerek adli bilimlere katkı sağlayabilmesi önerilmektedir.

**Anahtar Kelimeler:** DNA, Kısa Ardışık Tekrarlar, Kimliklendirme, Kromozomlar Popülasyon Genetiği

## SUMMARY

### **Emphasizing the Differences and Importance in terms of Population Genetics Studies from Other Countries by Analysing the Diversity of Population Genetics Studies in Turkey**

In human population genetics studies short tandem repeats (STRs) on autosomal and sex chromosomes are being used to research the variations between individuals within a population and different populations. STR areas that has high polymorphic characteristic are chosen since they are eligible for automation and create fast and easy analysis methods. Statistical probability based on population genetics must be calculated to evaluate alleles in DNA profile for forensic intended and especially evaluation of evidence on criminal cases, identification of unknown corpses and determination of paternity. Therefore, population genetics data must be generated. In this study, raising awareness towards medical and forensic importance of population genetics and its improvement is aimed by examining the population genetics studies, that were found when searched, made in Turkey and the literature studies that were made abroad and by scrutinizing these studies in terms of the number of studies, where the samples were collected from, number of individuals that were used, how many STRs and what kits were used, origin analysis, discrimination of the loci. In the light of this aim the summaries of the studies that were found were documented presenting these characteristics. The charts that were created revealed the gaps in the database. Besides the STRs that are in the kits which are used in population studies in Turkey not being indigenous to Turkey causing them to be inadequate in the area of discrimination, the studies in Turkey, which are regional or small scaled, are insufficient to represent Turkish population due to number and variety of samples and number of locus that are used in these studies. Because of these facts, to contribute to forensic sciences, it is recommended that this field should be developed.

**Keywords:** Chromosomes, DNA, Identification, Population Genetics, Short Tandem Repeats

## KAYNAKLAR

- AASPOLLU A, SUMERI I, KELVE M (2000). The Allelic Distribution of the Y Chromosomal STR Loci in an Estonian Population Sample. *Problems of Forensic Sciences* **65**:103-109.
- ABDIN L, DEWA K, RAND S, HOHOFF C, BRINKMANN B (2003). Analysis of 13 Y-Chromosomal STRs in an Arab Population Sample from Syria. *International Congress Series*. **1239**:319-321.
- ABOUKHALID R, BOUABDELLAH M, ABBASSI M, BENTAYEBI K, ELMZIBRI M, SQUALLI D, AMZAZI S (2010). Haplotype Frequencies for 17 Y-STR Loci (AmpFISTR Y-Filer) in a Moroccan Population Sample. *Forensic Science International: Genetics* **4(3)**:e73-e74.
- ABU HALIMA MSH, BERNAL LP, SHARIF FA (2009). Genetic Variation of 15 Autosomal Short Tandem Repeat (STR) Loci in the Palestinian Population of Gaza Strip. *Legal Medicine* **11(4)**:203-204.
- ACHAKZAI NM, RAHMAN Z, SHAHZAD MS, DAUD S, ZAR MS, ISRAR M, HUSNAIN T, WILLUWEIT S, ROEWER L (2012). Y-Chromosomal STR Analysis in the Pashtun Population of Southern Afghanistan. *Forensic Sci Int Genet.* **6(4)**:e103-5.
- AFONSO COSTA H, MORAIS P, VIEIRA DA SILVA C, MATOS S, MARQUES SANTOS R, ESPINHEIRA R, COSTA SANTOS J, AMORIM A (2014). X-Chromosome STR Markers Data in a Cabo Verde Immigrant Population of Lisboa. *Mol Biol Rep.* **41(4)**:2559-69.
- AKBASAK BS, BUDOWLE B, REEDER DJ, KLINE MC (2002). Turkish Population Data on Nine Short Tandem Repeat Loci: HumCSF1PO, HumTH01, HumTPOX, HumFES/FPS, HumF13B, HumVWA, D3S1358, D7S820, D16S539. *Forensic Sci Int.* **126(3)**:252-3.
- AKBASAK BS, BUDOWLE B, REEDER DJ, REDMAN J, KLINE MC (2001). Turkish Population Data with the CODIS Multiplex Short Tandem Repeat Loci. *Forensic Sci Int.* **123(2-3)**: 227-9.
- ALAM S, ALI ME, FERDOUS A, HOSSAIN T, HASAN MM, AKHTERUZZAMAN S (2010). Haplotype Diversity of 17 Y-Chromosomal STR Loci in the Bangladeshi Population. *Forensic Sci Int Genet.* **4(2)**:e59-60.
- AL-AWADI SJ, AL-ZUBAIDI MM, NAMAA DS, SALEH TY, SHEBAB MJ, HAMEED SN, ABD-ALATIEF A (2014). Genetic Variation of 15 Autosomal Short Tandem Repeat (STR) Loci in the Diyala-Iraqi Population. *International Journal of Biological & Pharmaceutical Research.* **5(3)**:131-135.

- ALBINSSON L, NOREN L, HEDELL R, ANSELL R (2011). Swedish Population Data and Concordance for the Kits PowerPlex ESX 16 System, PowerPlex ESI 16 System, AmpFISTR NGM, AmpFISTR SGM Plus and Investigator ESSplex. *Forensic Sci Int Genet.* **5(3)**:e89-92.
- ALENIZI M, GOODWIN W, ISMAEL S, HADI S (2008). STR Data for the AmpFISTR Identifier Loci in Kuwaiti Population. *Legal Medicine.* **10(6)**:321-325.
- ALER M, SALAS A, MURCIA E, GISBERT-GRIFO M, CARRACEDO A (2003). Population Study of Eight Novel Y-Chromosome STRs (DYS460, DYS461, GATA-A10, GATA-C4, GATA-H4, DYS434, DYS437, DYS439) in a Southeast Iberian Population: Looking for Highly Informative Y-Chromosome Haplotypes. *Int J Legal Med.* **117(2)**:127-31.
- ALER M, SALAS A, SÁNCHEZ-DIZ P, MURCIA E, CARRACEDO A, GISBERT M (2001). Y-chromosome STR Haplotypes from a Western Mediterranean Population Sample. *Forensic Sci Int.* **119(2)**: 254-7.
- ALER M, SANCHEZ-DIZ P, GOMES I, GISBERT M, CARRACEDO A, AMORIM A, GUSMAO L (2007). Genetic Data of 10 X-STRs in a Spanish Population Sample. *Forensic Sci Int.* **173(2-3)**:193-6.
- ALHMOUDI AO, JONES RJ, TAY GK, ALSAFAR H, HADI S (2015). Population Genetics Data for 21 Autosomal STR Loci for United Arab Emirates (UAE) Population Using Next Generation Multiplex STR Kit. *Forensic Sci Int Genet.* **19**:190-191.
- ALSHAMALIF, ALKHAYAT AQ, BUDOWLE B, WATSON ND (2005). STR Population Diversity in Nine Ethnic Populations Living in Dubai. *Forensic Sci Int.* **152(2-3)**:267-79.
- ALVES C, GOMES V, PRATA MJ, AMORIM A, GUSMÃO L (2007). Population Data for Y-chromosome Haplotypes Defined by 17 STRs (AmpFISTR YFiler) in Portugal. *Forensic Sci Int.* **171(2-3)**:250-5.
- ALVES C, GUSMAO L, BARBASO J, AMORIM A (2003). Evaluating the Informative Power of Y-STRs: a Comparative Study Using European and New African Haplotype Data. *Forensic Sci Int.* **134(2-3)**:126-33.
- AMORIM A, ALVES C, GUSMAO L, PEREIRA L (2006). Extended Northern Portuguese Database on 21 Autosomal STRs Used in Genetic Identification. *International Congress Series.* **1288**:364-366.
- ANDREASSEN R, JAKOBSEN S, MEVAAG B (2007). Norwegian Population Data for the 10 Autosomal STR Loci in the AMPFISTR SGM Plus System. *Forensic Science International* **170(1)**:59-61.
- ANGHEL A, ENACHE A, SECLAMAN E, GRUIN G, URSONIU S, ALEXA A, ANTONESCU M, MARIAN C (2014). Genetic Polymorphism Data on 15 Autosomal STR Markers in a Western Romanian Population Sample. *Leg Med (Tokyo).* **16(4)**:238-40.

- ANSLINGER K, KEIL W, WEICHHOLD G, EISENMENGER W (2000). Y-Chromosomal STR Haplotypes in a Population Sample from Bavaria. *Int J Legal Med.* **113(3)**:189-92.
- APPLIED BIOSYSTEMS (2006). AmpFISTR Y Filer PCR Amplification Kit User's Manual. Erişim Adresi: [<https://www.thermofisher.com/content/dam/LifeTech/Documents/PDFs/Y-STR/yfiler-users-manual.pdf>]. Erişim Tarihi: 17/04/2015
- APPLIED BIOSYSTEMS (2017). GlobalFiler PCR Amplification Kit User Guide. Erişim Adresi: [<https://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/4477604.pdf>] Erişim Tarihi: 18/08/2017.
- AQIAR VR, WOLFGGRAMM EV, MALTA FS, BOSQUE AG, MAFIA AC, ALMEIDA VC, CAXITO FA, PARDINI VC, FERREIRA AC, LOURO ID (2012). Updated Brazilian STR Allele Frequency Data Using Over 100,000 Individuals: An Analysis of CSF1PO, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, FGA, Penta D, Penta E, TH01, TPOX and vWA Loci. *Forensic Sci Int Genet.* **6(4)**:504-9.
- ARROYO-PARDO E, GUSMÃO L, LÓPEZ-PARRA AM, BAEZA C, MESA MS, AMORIM A (2005). Genetic Variability of 16 Y-chromosome STRs in a Sample from Equatorial Guinea (Central Africa). *Forensic Sci Int.* **149(1)**: 109-13.
- ASAMURA H, FUJIMORI S, OTA M, FUKUSHIMA H (2007). MiniSTR Multiplex Systems Based on Non-CODIS Loci for Analysis of Degraded DNA Samples. *Forensic Sci Int.* **173(1)**:7-15.
- ASAMURA H, FUJIMORI S, OTA M, FUKUSHIMA H (2008). Evaluation of MiniY-STR Multiplex PCR Systems for Extended 16 Y-STR Loci. *Int J Legal Med.* **122(1)**:43-9.
- ASAMURA H, FUJIMORI S, OTA M, FUKUSHIMA H (2008). Population Data on 10 Non-CODIS STR Loci in Japanese Population Using a Newly Developed Multiplex PCR System. *Journal of Forensic and Legal Medicine.* **15(8)**:519-523.
- ASAMURA H, SAKAI H, KOBAYASHI K, OTA M, FUKUSHIMA H (2006a). MiniX-STR Multiplex System Population Study in Japan and Application to Degraded DNA Analysis. *Int J Legal Med.* **120(3)**:174-81.
- ASAMURA H, SAKAI H, OTA M, FUKUSHIMA H (2006b). Japanese Population Data for Eight X-STR Loci Using Two New Quadruplex Systems. *Int J Legal Med.* **120(5)**:303-9.
- ASAMURA H, SAKAI H, OTA M, FUKUSHIMA H (2007). Mini Y-STR Quadruplex Systems With Short Amplicon Lengths for Analysis of Degraded DNA Samples. *Forensic Sci Int Genet.* **1(1)**:56-61.
- ASICIOGLU F, AKYUZ F, CETİNKAYA U, OZBEK U (2002). Allele Distribution Data of Nine Short Tandem Repeat Loci for Turkish Population: D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317, D7S820. *Forensic Sci Int.* **129(1)**:75-7.

- ASICIOGLU F, AYKYİİZ F, ÇETİNKAYA OMİT, CANLI MA (2003). Allele and Haplotype Frequencies of Y-Short Tandem Repeat Loci in Turkey. *Croatian Medical Journal*. **44(31)**:310-14.
- AVADII, AMMAR-KESKES L, REBAI A (2006). Haplotypes for 13 Y-Chromosomal STR Loci in South Tunisian Population (Sfax Region). *Forensic Sci Int*. **164(2-3)**:249-53.
- AYTEKİN M (2014). Genomun Yapısı. Erişim Adresi: [[http://metinaytekin.com/dersler/2014-11-11-GENOMUN\\_yapisi\\_fotokopi.pdf](http://metinaytekin.com/dersler/2014-11-11-GENOMUN_yapisi_fotokopi.pdf)] Erişim Tarihi: 03/08/2016.
- BABIKER HM, SCHLEBUSCH CM, HASSAN H, JAKOBSSON M (2011). Genetic Variation and Population Structure of Sudanese Populations as Indicated by 15 Identifiler Sequence-Tagged Repeat (STR) Loci. *Investig Genet*. **2**:12.
- BAI R, ZHANG Z, LIANG Q, LU D, YUAN L, YANG X, SHI MS (2013). Haplotype Diversity of 17 Y-STR Loci in a Chinese Han Population Sample from Shanxi Province, Northern China. *Forensic Sci Int Genet*. **7(1)**:214-6.
- BALAMURUGAN K, KANTHIMATHI S, VIAYA M, SUHASINI G, DUNCAN G, TRACEY M, BUDOWLE B (2010). Genetic Variation of 15 Autosomal Microsatellite Loci in a Tamil Population from Tamil Nadu, Southern India. *Leg Med (Tokyo)*. **12(6)**:320-3.
- BARAĆ L, PERIĆ M, KLARIĆ IM, JANIĆIJEVIĆ B, PARIK J, ROOTSI S, RUDAN P (2003). Y Chromosome STRs in Croats. *Forensic Sci Int*. **138(1-3)**:127-33.
- BARANSEL ISIR A, OZKORKMAZ A, BARANSEL C, OZKORKMAZ EG, PEHLİVAN S (2015). Male Individualization Based on Y-chromosomal Short Tandem Repeats: A Comparative Information Theoretical Analysis of 16 Y-STR Loci in Central Anatolia and Iraqi Populations. *International Journal of Human Genetics*. **15(4)**:157-171.
- BARANSEL ISIR A, OZKORKMAZ A, PEHLİVAN S (2015). Allele Frequencies for 13 STRs Loci in a Western Anatolia Population and their Forensic Evaluation. *Ann Hum Biol*. **42(5)**:494-7.
- BARBARII LE, ROLF B, CONSTANTINESCU C, HOHOFF C, CALISTRU P, DERMENQIU D (2004). Allele Frequencies of 13 Short Tandem Repeat (STR) Loci in the Romanian Population. *Forensic Sci Int*. **141(2-3)**:171-4.
- BARBARII LE, ROLF B, DERMENGIU D (2003). Y-chromosomal STR Haplotypes in a Romanian Population Sample. *Int J Legal Med*. **117(5)**:312-5.
- BARBARO A, CORMACI P, BARBARO A (2006). X-STR Typing for an Identification Casework. *International Congress Series* **1288**:513-515
- BARLAS Ö, KALFOĞLU E, YÜKSELOĞLU H, ÖZCAN Ş, PETRIDIS G (2010). Analyses of DNA Short Tandem Repeat Loci Database with Popgene. *Türkiye Klinikleri J Foren Med*. **7(1)**:28-32.
- BARNI F, BERTI A, PIANESE A, BOCCCELLINO A, MILLER MP, CAPERNA A, LAGO G (2007). Allele Frequencies of 15 Autosomal STR Loci in the Iraq Population with

Comparisons to Other Populations from the Middle-eastern Region. *Forensic Sci Int.* **167(1)**:87-92.

- BECKER D, BENDER K, EDELMANN J, GÖTZ F, HENKE L, HERING S, HOHOFF C, HOPPE K, KLINTSCHAR M, MUCHE M, ROLF B, SZIBOR R, WEIRICH V, JUNG M, BRABETZ W (2007). New Alleles and Mutational Events at 14 STR Loci from Different German Populations. *Forensic Sci Int Genet.* **1(3-4)**:232-7.
- BECKER D, VOGELSANG D, BRABETZ W (2007). Population Data on the Seven Short Tandem Repeat Loci D4S2366, D6S474, D14S608, D19S246, D20S480, D21S226 and D22S689 in a German Population. *Int J Legal Med.* **121(1)**:78-81.
- BELEZA S, ALVES C, GONZÁLEZ-NEIRA A, LAREU M, AMORIM A, CARRACEDO A, GUSMÃO L (2003). Extending STR Markers in Y Chromosome Haplotypes. *Int J Legal Med.* **117(1)**:27-33.
- BELEZA S, ALVES C, REIS F, AMORIM A, CARRACEDO A, GUSMAO L (2004). 17 STR Data (AmpFISTR Identifiler and PowerPlex 16 System) from Cabinda (Angola). *Forensic Sci Int.* **141(2-3)**:193-6.
- BENTAYEBI K, ABADA F, IHZMAD H, AMZAZI S (2014). Genetic Ancestry of a Moroccan Population as Inferred from Autosomal STRs. *Meta Gene.* **2**:427-438.
- BERGER B, LINDINGER A, NIEDERSTATTER H, GRUBWIESER P, PARSON W (2005). Y-STR Typing of an Austrian Population Sample Using a 17-Loci Multiplex PCR Assay. *Int J Legal Med.* **119(4)**:241-6.
- BERNAL LP, BORIAS L, ZABALA W, PORTILLO MG, FERNANDEZ E, DELGADO W, TOVAR F, LANDER N, CHIURILLO MA, RAMIREZ JL, GARCIA O (2006). Genetic Variation of 15 STR Autosomal Loci in the Maracaibo Population from Venezuela. *Forensic Sci Int.* **161(1)**:60-3.
- BHOOPAT T, LEAUNGSYAKUL T, STEGER HF (2006). Forensic Value of Nine STR Loci in Northern Thai. *Leg Med (Tokyo).* **8(3)**:198-200.
- BING L, LIANG W, PI J, ZHANG D, YONG D, LUO H, ZHANG L, LIN Z (2013). Population Genetics for 17 Y-STR Loci (AmpFISTR Y-Filer™) in Luzhou Han Ethnic Group. *Forensic Science International: Genetics* **7(2)**:e23-e26.
- BINI C, CECCARDI S, FERRI G, PELOTTI S, ALU M, RONCAGLIA E, BEDUSHI G, CAENOZZO L, PONZANO E, TASINATO P, TURCHI C, BUSCEMI L, MAZZANTI M, TAGLIABRACCI A, TONI C, SPINETTI I, DOMENICI R, PRESCIUTTINI S (2005). Development of a Heptaplex PCR System to Analyse X-Chromosome STR Loci from Five Italian Population Samples. A Collaborative Study. *Forensic Sci Int.* **153(2-3)**:231-6.
- BOBILLA C, MARINO M, SALA A, GUSMAO L, CORACH D (2008). X-STR's: Relevance in Complex Kinship Cases. *Forensic Science International* **1(1)**:496-496.
- BO-FENG Z, CHUN-MEI S, QING-JU W, YA-JUN D (2008). Population Data of 15 STR Loci of Chinese Yi Ethnic Minority Group. *Legal Medicine.* **10(4)**:220-224.

- BORJASA L, BERNAL LP, CHIURILLO MA, TOVAR F, ZABALA W, LANDER N, RAMÍREZ JL (2008). Usefulness of 12 Y-STRs for Forensic Genetics Evaluation in Two Populations From Venezuela. *Legal Medicine*. **10(2)**: 107-112.
- BOSCH E, CALAFELL F, PEREZ-LEZAUN A, COMAS D, IZAABEL H, AKHAYAT O, SEFIANI A, HARITI G, DUQUOJON JM, BERTRANPETIT J (2000). Y Chromosome STR Haplotypes in Four Populations from Northwest Africa. *Int J Legal Med*. **114(1-2)**:36-40.
- BOSCH E, LEE AC, CALAFELL F, ARROYO E, HENNEMAN P, DE KNIJFF P, JOBLING MA (2002). High Resolution Y Chromosome Typing: 19 STRs Amplified in Three Multiplex Reactions. *Forensic Sci Int*. **125(1)**: 42-51.
- BOSCH E, ROSSER ZH, NORBY S, LYNNERUP N, JOBLING MA (2003). Y-Chromosomal STR Haplotypes in Inuit and Danish Population Samples. *Forensic Sci Int*. **132(3)**:228-32.
- BRAVO ML, MORENO MA, BUILES JJ, SALAS S, LAREU MV, CARRACEDO A (2001). Autosomal STR Genetic Variation in Negroid Choco and Bogota Population. *International Journal of Legal Medicine*. **115(2)**:102-104.
- BRINKMANN C, FORSTER P, SCHÜRENKAMP M, HORST J, ROLF B, BRINKMANN B (1999). Human Y-Chromosomal STR Haplotypes in a Kurdish Population Sample. *Int J Legal Med*. **112(3)**:181-3.
- BUDOWLE B, ADAMOWICZ M, ARANDA XG, BARNA C, CHAKRABORTY R, CHESWICK D, DAFOE B, EISENBERG A, FRAPPIER R, GROSS AM, LADD C, LEE HS, MILNE SC, MEYERS C, PRINZ M, RICHARD ML, SALDANHA G, TIERNEY AA, VICULIS L, KRENKE BE (2005). Twelve Short Tandem Repeat Loci Y Chromosome Haplotypes: Genetic Analysis On Populations Residing in North America. *Forensic Sci Int*. **150(1)**:1-15.
- BUDOWLE B, CHIDAMBARAM A, STRICKLAND L, BEHEIM CW, TAFT GM, CHAKRABORTY R (2002). Population Studies on Three Native Alaska Population Groups Using STR Loci. *Forensic Sci Int*. **129(1)**:51-7.
- BUDOWLE B, GE J, ARANDA XG, PLANZ JV, EISENBERG AJ, CHAKRABORTY R (2009). Texas Population Substructure and its Impact on Estimating the Rarity of Y STR Haplotypes From DNA Evidence. *J Forensic Sci*. **54(5)**: 1016-21.
- BUDOWLE B, GE J, CHAKRABORTY R, EISENBERG AJ, GREEN R, MULERO J, LAGACE R, HENNESSY L (2011). Population Genetic Analyses of the NGM STR Loci. *Int J Legal Med*. **125(1)**:101-9.
- BUDOWLE B, GE J, CHAKRABORTY R (2007). Basic Principles for Estimating the Rarity of Y-STR Haplotypes Derived from Forensic Evidence. Erişim Adresi: [<https://www.promega.com/-/media/files/resources/conference-proceedings/ishi-18/oral-presentations/budowle.pdf?la=en>]. Erişim Tarihi: 27/06/2016
- BUILES JJ, BRAVO MLJ, MONTOYA A, CARABALLO L, MARTINEZ B, MORENO MA (2004). Population Genetics of Eight New Y-chromosomal STR Haplotypes in

Three Colombian Populations: Antioquia, Choco' and Cartagena. *International Congress Series*. **1261**: 310 – 312.

BUILES JJ, MARTÍNEZ B, GÓMEZ A, CARABALLO L, ESPINAL C, AGUIRRE D, MONTOYA A, MORENO M, AMORIM A, GUSMÃO L, BRAVO ML (2007). Y Chromosome STR Haplotypes in the Caribbean City of Cartagena (Colombia). *Forensic Science International*. **167(1)**: 62-69.

BUÍLESAB JJ, HAU J, RODRIGUEZ JI, MONTOYA AE, IZARRA F, OCHOA O, PÉREZ L, DE PANCORBO M, GUSMÃO L, BRAVO MLJ (2006). Peruvian Population Study With 16 Y-STR Loci. *International Congress Series*. **1288**: 216-218.

BUTLER JM (2003). Recent Developments in Y-Short Tandem Repeat and Y-Single Nucleotide Polymorphisms Analysis. *Forensic Sci Rev*. **15(2)**:91-111.

BUTLER JM (2007). Short tandem repeat typing technologies used in human identity testing. *BioTechniques* **43(4)**:2-5.

BUTLER JM, DECKER AE, VALLONE PM , KLINE MC (2006). Allele Frequencies for 27 Y-STR Loci With U.S. Caucasian, African American, and Hispanic Samples. *Forensic Science International*. **2(3)**: 250-260.

BUTLER JM, HILL CR (2012). Biology and Genetics of New Autosomal STR Loci Useful for Forensic DNA Analysis. *Forensic Science Review* Volume 24.

BUTLER M (2005). *Forensic DNA Typing*. 2<sup>nd</sup> Edition. Elsevier Academic Press.

CAI Y, XIANG DP, LIANG XY, XU YL, ZHUANG YL (2003). STR Data for the AmpFI STR SGM Plus Loci from Shantou (South of China). *Forensic Sci Int*. **132(3)**:225-7.

CAINE L, CORTE-REAL F, VIERA DN, CARVALHO M, SERRA A, LOPES V, VIDE MC (2005). Allele frequencies and haplotypes of 8 Y-chromosomal STRs in the Santa Catarina population of southern Brazil. *Forensic Science International*. **148(1)**: 75-79.

CAINE LM, ZARRABEITIA MT, RIANCHO JA, PINHEIRO MF (2010). Genetic Data of a Brazilian Population Sample (Santa Catarina) Using an X-STR Decaplex. *J Forensic Leg Med*. **17(5)**:272-4.

CAKIR AH, CELEBIOGLU A, ŞİMŞEK F (2002). STR data for the AmpFI STR SGM Plus from Aegean Region of Turkey. *Forensic Sci Int*. **129(2)**:137-9.

CAKIR AH, CELEBİOGCARONGLU A, ALTUNBAŞ S (2002). STR Data for the AmpFI STR SGM Plus from Marmara Region of Turkey. *Forensic Sci Int*. **127(3)**:240-2.

CAKIR AH, CELEBİOGLU A, ALTUNBAŞ S, YARDIMCI E (2003). Allele frequencies for 15 STR loci in Van-Ağrı districts of the Eastern Anatolia region of Turkey. *Forensic Science International*. **135(1)**: 60-63.

- CAKIR AH, CELEBİOĞLU A, YARDIMCI E (2004). Y-STR Haplotypes in Central Anatolia Region of Turkey. *Forensic Sci Int.* **144(1)**:59-64.
- CAKIR AH, SİMSEK F, ALTUNBAS S, TASDELEN B (2001). Distribution of TH01, TPOX, CSF1PO, vWA, D13S317, D7S820 and D16S539 Alleles in a Turkish Population Sample. *Forensic Sci Int.* **124(2-3)**:224-5.
- CAKIR AH, ŞİMŞEK F, KATIRCIN, TAŞDELEN B (2004). STR Data for the AmpFISTR SGM Plus from the Eastern and Western Sections of Mediterranean Region of Turkey. *Forensic Sci Int.* **142(1)**:55-7.
- CALDERON S, PEREZ-BENEDICO D, MESA L, GUYTON D, ROWOLD DJ, HERRERA RJ (2013). Phylogenetic and Forensic Studies of the Southeast Florida Hispanic Population Using the Next-generation Forensic PowerPlex® Y23 STR Marker System. *Led Med (Tokyo).* **15(6)**: 289-92.
- CAMACHO MV, BENITO C, FIQUEIRAS AM (2007). Allelic Frequencies of the 15 STR Loci Included in the AmpFISTR Identifiler PCR Amplification Kit in an Autochthonous Sample from Spain. *Forensic Sci Int.* **173(2-3)**:241-5.
- CAMPBELL NA, REECE JB, URRY LA, CAIN ML, WASSERMAN SA, MINORSKY PV, JACKSON RB (2008). *Biology*. 8th Edition. Benjamin Cummings – Pearson Education.
- CARVALHO M, ANJOS MJ, ANDRADE L, LOPES V, SANTOS MV, GAMERO JJ, CORTE REAL F, VIDE MC (2003). Y-chromosome STR Haplotypes in Two Population Samples: Azores Islands and Central Portugal. *Forensic Sci Int.* **134(1)**:29-35.
- CASSAR M, FARRUGIA C, VIDAL C (2008). Allele Frequencies of 14 STR Loci in the Population of Malta. *Leg Med (Tokyo).* **10(3)**:153-6.
- CASTOR-PERRY S (2009). The Invention of DNA Fingerprinting. Erişim Adresi: [<http://www.thenakedscientists.com/HTML/interviews/interview/1169/>] Erişim Tarihi: 13/12/2016.
- CERDA-FLORES RM, BUDOWLE B, JIN L, BARTON SA, DEKA R, CHAKRABORTY R (2002). Maximum Likelihood Estimates of Admixture in Northeastern Mexico Using 13 Short Tandem Repeat Loci. *Am J Hum Biol.* **14(4)**:429-39.
- CHAKRABORTY R, RANJAN D (2009). DNA Forensics: A Population Genetic and Biological Anthropological Perspective. *Encyclopedia of Life Support Systems (EOLSS)*.
- CHANG YM, PERUMAL R, KEAT PY, KUEHN DLC (2007). Haplotype Diversity of 16 Y-Chromosomal STRs in Three Main Ethnic Populations (Malays, Chinese and Indians) in Malaysia. *Forensic Science International.* **167(1)**:70-76.
- CHANG YM, SWARAN Y, PHOON YK, SOTHIRASAN K, SIM HT, LIM KB, KUEHN D (2009). Haplotype diversity of 17 Y-Chromosomal STRs in Three Native Sarawak Populations (Iban, Bidayuh and Melanau) in East Malaysia. *Forensic Sci Int Genet.* **3(3)**:e77-80.

- CHAROENCHOTE W (2004). AmpFlSTR Identifiler STR Allele Frequencies and PowerPlex Y-STR Haplotype Frequencies of the Meru Population of Northern Tanzania. Eriřim Adresi: [http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/download?doi=10.1.1.522.9110&rep=rep1&type=pdf]. Eriřim Tarihi: 27/06/2016
- CHEN K, ABLIMIT A, LING F, WU W, SHAN W, QIN W, KEWEIER T, ZUO H, ZHANG F, MA Z, ZHENG X (2014). Paternal and Maternal Genetic Analysis of a Desert Keriyen Population: Keriyans Are Not the Descendants of Guge Tibetans. *PLoS One*. **9(6)**:e100479.
- CHEN L, LU H, QUI P, YANG X, LIU C (2009). Polymorphism Analysis of 15 STR Loci in a Large Sample of the Han Population in Southern China. *Forensic Science International: Genetics*. **4(1)**:e27-e29.
- CHEN L, LU H, QUI P, YANG X, LIU C (2015). Polymorphism Analysis of 15 STR Loci in a Large Sample of Guangdong (Southern China) Han Population. *Leg Med (Tokyo)*. **17(6)**:489-92.
- CHEN MY, HO CW, PU CE, WU FC (2014). Genetic Polymorphisms of 12 X-Chromosomal STR Loci in Taiwanese Individuals and Likelihood Ratio Calculations Applied to Case Studies of Blood Relationships. *Electrophoresis*. **35(12-13)**:1912-20.
- CHERNI L, PEREIRA L, GOIOS A, LOUESLATI BY, KHODJET EL KH, GOMES I, GUSMAO L, ALVES C, SLAMA A, AMORIM A, ELGAAIED AB (2005). Y-Chromosomal STR Haplotypes in Three Ethnic Groups and a Cosmopolitan Population from Tunisia. *Forensic Sci Int*. **152(1)**:95-9.
- CHIURILLO MA, MORALES A, MENDES AM, LANDER N, TOVAR F, FUENTES A, RAMIREZ JL (2003). Genetic Profiling of a Central Venezuelan Population Using 15 STR Markers That May be of Forensic Importance. *Forensic Sci Int*. **136(1-3)**:99-101.
- CHOUERY E, COBLE MD, STROUSS KM, SAUNIER JL, JALKH N, MEDLEJ-HASHIM M, AYOUB F, MEGARBANE A (2010). Population Genetic Data for 17 STR Markers from Lebanon. *Leg Med (Tokyo)*. **12(6)**:324-6.
- CHUN BW, SHIN SC, KIM YJ, KIM KS, CHOI DH, KIM KH, KIM JY, KANG HS (2005). Allele Frequencies and Haplotypes of the STR Loci of the PowerPlex Y-System in Southern Populations from Korea. *Forensic Sci Int*. **148(2-3)**:225-231.
- COBLE MD, HILL CR, BUTLER JM (2013). Haplotype Data for 23 Y-chromosome Markers in Four U.S. Population Groups. *Forensic Sci Int Genet*. **7(3)**: 66-8.
- CORTELLINI V, CERRI N, VERZELETTI A (2011). Genetic Variation at 5 New Autosomal Short Tandem Repeat Markers (D10S1248, D22S1045, D2S441, D1S1656, D12S391) in a Population-Based Sample from Maghreb Region. *Croat Med J*. **52(3)**:368-71.
- COUDRAY C, GUITARD E, KEYSER-TRACQUI C, MELHAOUI M, CHERKAOUI M, LARROUY G, DUQUOJON JM (2007). Population Genetic Data of 15 Tetrameric

- Short Tandem Repeats (STRs) in Berbers from Morocco. *Forensic Sci Int.* **167(1)**:81-6.
- DA FRÉ NN, RODENBUSCH R, GASTALDO AZ, HANSON E, BALLANTYNE J, ALHO CS (2015). Genetic Data and de Novo Mutation Rates in Father-Son Pairs of 23 Y-STR Loci in Southern Brazil Population. *Int J Legal Med.* **129(6)**:1221-3.
- DAI HL, WANG XD, LI YB, WU J, ZHANG J, ZHANG HJ, DONG JG, HOU YP (2004). Characterization and Haplotype Analysis of 10 Novel Y-STR Loci in Chinese Han Population. *Forensic Sci Int.* **145(1)**:47-55.
- DALE J (2017). Just the Facts 101 Textbook Key Facts From Genes to Genomes 2<sup>nd</sup> Edition.
- DALTON GC, MAIA FAS, MENDES CRBO, PAK HI, DE PAULA KAA, TRINDADE-FILHO A, OLIVEIRA SF (2009). Genetic Profile of Federal District of Brazil Based on 18 STR Autosomal Loci. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series.* **2(1)**:373-375.
- DAVIS C, GE J, SPRECHER C, CHIDAMBARAM A, THOMPSON J, EWING M, FULMER P, RABBACH D, STORTS D, BUDOWLE B (2013). Prototype PowerPlex® Y23 System: A Concordance Study. *Forensic Sci Int Genet.* **7(1)**: 204-8.
- DAVIS C, GE J, CHIDAMBARAM A, KING J, TURNBOUGH M, COLLINS M, DYM O, CHAKRABORTY R, EISENBERG AJ, BUDOWLE B (2011). Y-STR Loci Diversity in Native Alaskan Populations. *Int J Legal Med.* **125(4)**: 559-63.
- DE SOUZA GÓES AC, DE CARVALHO EF, GOMES I, DA SILVA DA, GIL EH, AMORIM A, GUSMÃO L (2005). Population and mutation analysis of 17 Y-STR loci from Rio de Janeiro (Brazil). *Int J Legal Med.* **119(2)**: 70-6.
- DECKER AE, KLINE MC, VALLONE PM, BUTLER JM (2007). The Impact of Additional Y-STR Loci on Resolving Common Haplotypes and Closely Related Individuals. *Forensic Science International: Genetics* **1**:215-217.
- DEL CASTILLO DM, PERONE C, DE QUERIOZ AR, MOURAO PH, DE SOUZA VACONCELLOS L, DO NASCIMENTO MA, JANUARIO JN (2009). Populational Genetic Data for 15 STR Markers in the Brazilian Population of Minas Gerais. *Leg Med (Tokyo).* **11(1)**:45-7.
- DEMETER SJ, KELEMEN B, SZEKELY G, POPESCU O (2010). Genetic Variation at 15 Polymorphic, Autosomal, Short Tandem Repeat Loci of Two Hungarian Populations in Transylvania, Romania. *Croat Med J.* **51(6)**:515-23.
- DEMİRÇİN S, SERDAR T (2010). Haplotype Analysis of 8 Y-STR loci in the Antalya Population. *Rom J Leg Med.* **1**:51-58.
- DENG Y, ZHU B, YU X, LI Y, FANG J, XIONG X, MU H, HUANG Y, SHI X (2007). Genetic Polymorphisms of 15 STR Loci in Chinese Dongxiang and Salar Ethnic Minority Living in Qinghai Province of China. *Leg Med (Tokyo).* **9(1)**:38-42.

- DENG YJ, YAN JW, YU XG, LI YZ, MU HF, HUANG YQ, SHI XT, SUN WM (2007). Genetic Analysis of 15 STR Loci in Chinese Han Population from West China. *Genomics Proteomics Bioinformatics*. **5(1)**:66-9.
- DENG YJ, ZHU BF, SHEN CM, WANG HD, HUANG JF, LI YZ, QIN HX, MU HF, SU J, WU J, ZHANG B, FAN SL (2011). Genetic Polymorphism Analysis of 15 STR Loci in Chinese Hui Ethnic Group Residing in Qinghai Province of China. *Mol Biol Rep*. **38(4)**:2315-22.
- DOBASHI Y, KIDO A, FUJITANI N, SUSUKIDA R, HARA M, OYA M (2005). Y-Chromosome STR Haplotypes in a Bangladeshi Population. *Leg Med (Tokyo)*. **7(2)**:122-6.
- DOGAN S, KOVACEVIC L, MARJANOVIC D (2013). Genetic Polymorphisms of 15 STR Loci within Turkish Student Population Living in Sarajevo, Bosnia and Herzegovina. *Coll Antropol*. **37(4)**:1313-9.
- DONG L, LIU XX, ZHANG HH, BO R, WEI G, ZHANG LS (2010). Genetic Data for 15 STR Loci in Uygur Ethnic Group of Northwest China. *Rom J Leg Med*. **18(1)**:59-62.
- DÖNBAK L (2002). Kısa Ardarda Tekrar Eden DNA Dizilerinin Adli Amaçlı DNA Çalışmalarındaki Yeri. *T Klin J Med Sci*. **22**: 233-238
- DÖNBAK L, BAJANOWSKI T, BRINKMANN B, HOHOFF C (2006). Y-STR Haplotypes in Populations from the Eastern Mediterranean Region of Turkey. *Int J Legal Med*. **120(6)**:395-6.
- DROZDZIOK K, KABIESZ J, NOWAK A, CHOWANIEC CZ, NOWICKA J (2009). The Upper Silesia (Poland) Population and Forensic Usefulness of 15 Autosomal STR Loci. *Forensic Science International Supplement Series*. **1(1)**:101-103.
- DUBEY B, MEGANATHAN PR, EAASWARKHANTH M, VASULU TS, HAQUE I (2009). Forensic STR Profile of Two Endogamous Populations of Madhya Pradesh, India. *Leg Med (Tokyo)*. **11(1)**:41-4.
- EASSWARKHANTH M, DUBEY B, RAMAKODI MP, NOOR S, HAQUE I (2009). Microsatellite Diversity Delineates Genetic Relationships of Shia and Sunni Muslim Populations of Uttar Pradesh, India. *Hum Biol*. **81(4)**:427-45.
- EASSWARKHANTH M, ROY S, HAQUE I (2007). Allele Frequency Distribution for 15 Autosomal STR Loci in Two Muslim Populations of Tamilnadu, India. *Legal Medicine* **9(6)**:332-335.
- EDELMANN J, HERING S, AUGUSTIN C, KALIS S, SZIBOR (2010). Validation of Six Closely Linked STRs Located in the Chromosome X Centromere Region. *Int J Legal Med*. **124(1)**:83-7.
- EDELMANN J, HERING S, MICHAEL M, LESSIG R, DEISCHEL D, MEIER-SUNDHAUSEN G, ROEWER L, PLATE I, SZIBOR R (2001). 16 X-Chromosome STR Loci Frequency Data from a German Population. *Forensic Sci Int*. **124(2-3)**:215-8.

- EDELMANN J, SZIBOR R (2003). The X-linked STRs DXS7130 and DXS6803. *Forensic Sci Int.* **136(1-3)**:73-5.
- EHLER E, MARVAN R, VANEK D (2010). Evaluation of 14 Y-Chromosomal Short Tandem Repeat Haplotype With Focus on DYS449, DYS456, and DYS458: Czech Population Sample. *Croat Med J.* **51(1)**:54-60.
- EKAP (2017). Erişim Adresi: [https://ekap.kik.gov.tr/EKAP/Default.aspx?ReturnUrl=%2fEKAP%2fYyenilhaleA.aspx]. Erişim Tarihi: 7/12/2017.
- EL OSSMANI H, BOUHRIF B, ABOUKHALID R, BOUABDILLAH M, GAZZAZ B, ZAOUI D, CHAFIK A, TALBI J (2010). Assessment of Phylogenetic Structure of Berber-Speaking Population of Azrou Using 15 STRs of Identifiler Kit. *Leg Med (Tokyo).* **12(1)**:52-6.
- ELMRGHNI S, COULSON-THOMAS YM, KADDURA M, DIXON RA, WILLIAMS DR (2012). Population Genetic Data for 17 Y STR Markers from Benghazi (East Libya). *Forensic Science International: Genetics.* **6(2)**:224-227.
- ERKOL Z, TUĞ A, ALAKOÇ YD, ELMA C, BÜKEN B, ÇETİNYÜREK A, ERKOL H (2007). STR data for the AmpFI STR Identifiler Loci from an Old Settlement in Northwestern Turkey. *JCRS.* **173(2-3)**:228-240.
- FADHLAOUI-ZID K, CHENNAKRISHNAIAH S, ZEMNI R, GRINBERG S, HERRERA RJ, BENAMMAR-ELGAAIED A (2012). Sousse, Tunisia: Tumultuous History and High Y-STR Diversity. *Electrophoresis* **33(23)**:3555-63.
- FAMILY TREE DNA (2016). What is an Autosomal DNA STR Test? What Will I Learn?. Erişim Adresi: [https://www.familytreedna.com/learn/test-types/autosomal-dna-str-test-will-learn/]. Erişim Tarihi: 28/06/2016
- FBI (2017). Combined DNA Index System (CODIS). Erişim Adresi: [https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis]. Erişim Tarihi: 23/11/2017.
- FERDOUS A, ALI ME, ALAM S, HASAN M, HOSSAIN T, AKHTERUZZAMAN S (2009). Forensic Evaluation of STR Data for the PowerPlex 16 System Loci in a Bangladeshi Population. *Leg Med (Tokyo).* **11(4)**:198-9.
- FERDOUS A, ALI ME, ALAM S, HASAN M, HOSSAIN T, AKHTERUZZAMAN S (2010). Allele Frequencies of 10 Autosomal STR Loci from Chakma and Tripura Tribal Populations in Bangladesh. *Molecular Biology International.* Volume 2010. 5 sayfa.
- FERDOUS A, EUNUS AM, HOSSAIN T, HANY U, DISSING J, AKHTERUZZAMAN S (2006). Genetic Data on 10 Autosomal STR Loci in the Bangladeshi Population. *Leg Med (Tokyo).* **8(5)**:297-9.
- FİLOGLU G, ABACI-KALFOĞLU E, ATASOY S (2002). Allele Frequencies for 10 STR loci in İstanbul (Turkey) Population. *J Forensic Sci.* **47(4)**:909-10.

- FONDEVILA M, JAMIE JC, SALAS A, LAREU MV, CARRACEDO (2003). Y-chromosome STR Haplotypes in Cordoba (Argentina). *Forensic Science International*. **137(2-3)**: 217-220.
- FORENSIC DNA CENTER (2017). Short Tandem Repeats (STRs). Erişim Adresi: [<http://www.forensicdnacenter.com/dna-str.html>]. Erişim Tarihi: 23/11/2017.
- FRANCES PADC, RODRIGUES EMR, FRAZAO GF, BORGES NDDR, SANTOS SEBD (2011). Allelic Frequencies and Statistical Data Obtained from 12 Codis STR Loci in an Admixed Population of the Brazilian Amazon. *Genet. Mol. Biol.* **34(1)**:35-39.
- FRANCEZ PAC, RAMOS LPV, PALHA TJBF, DOS SANTOS SEB (2011). Haplotype Diversity of 17 Y-str Loci in an Admixed Population From the Brazilian Amazon. *Genet Mol Biol.***35(1)**: 45-52.
- FRIDMAN C, DOS SANTOS PC, KOHLER P, GARCIA CF, LOPEZ LF, MASSAD E, GATTAS GJ (2008). Brazilian Population Profile of 15 STR Markers. *Forensic Sci Int Genet.* **2(2)**:e1-4.
- FRIGIS, PEREIRA F, PEREIRA L, YACOUBI B, GUSMAO L, ALVES C, KHODJET EL KH, CHERNI L, AMORIM A, EL GAAIED A (2006). Data for Y-Chromosome Haplotypes Defined by 17 STRs (AmpFLSTR YFfiler) in Two Tunisian Berber Communities. *Forensic Sci Int.* **160(1)**:80-3.
- FUJIHARA J, YUASA I, MURO T, IIDA R, TSUBOTA E, NAKAMURA H, IMAMURA S, YASUDA T, TAKESHITA H (2009). Allele Frequencies and haplotypes for 28 Y-STRs in Ovambo Population. *Legal Medicine.* **11(4)**:205-208.
- FUJII K, IWASHIMA Y, KITAYAMA T, NAKAHARA H, MIZUNO N, SEKIUCHI K (2014). Allele Frequencies for 22 Autosomal Short Tandem Repeat Loci Obtained by PowerPlex Fusion in a Sample of 1501 Individuals from the Japanese Population. *Leg Med (Tokyo).* **16(4)**:234-7.
- GAIBAR M, ESTEBAN E, HARICH N, KANDIL M, FERNANDEZ-SANTANDER A (2011). Genetic Differences Among North African Berber and Arab-Speaking Populations Revealed by Y-STR Diversity. *Ann Hum Biol.* **38(2)**:228-36.
- GALIBAR M, ESTEBAN ME, VIA M, HARICH N, KANDIL M, FERNANDEZ-SANTANDER A (2012). Usefulness of Autosomal STR Polymorphisms Beyond Forensic Purposes: Data on Arabic and Berber Speaking Populations from Central Morocco. *Ann Hum Biol.* **39(4)**:297-304.
- GAMERO JJ, ROMERO JL, GONZÁLEZ JL, CARVALHO M, ANJOS MJ, REAL FC, VIDE MC (2002). Y-chromosome STR Haplotypes in a Southwest Spain Population Sample. *Forensic Sci Int.* **125(1)**: 86-9.
- GAO S, QIAO K, RAKHA A, LAI J, LI S (2007). Allele Frequencies for 10 X-STR Loci in Nu Population of Yunnan, China. *Leg Med (Tokyo).* **9(5)**:284-6.
- GAO Y, HAN JT, SHEN CM, WU H, YUAN GL, ZHAO LJ, YAN JW, MENG HT, ZHANG YD, LIU WJ, WANG HD, WHITE RE, WEI X (2014). Structural Polymorphism Analysis of Chinese Mongolian Ethnic Group Revealed by a New

STR Panel: Genetic Relationship to Other Groups. *Electrophoresis*. **35(14)**:2008-2013.

GARCIA O, MARTIN P, GUSMAO L, ALBARRAN C, ALONSO S, DE LA RUA C, FLORES C, IZAQIRRE N, PENAS R, ANTONIO PEREZ J, URIARTE I, YURREBASOI, ALONSO A (2004). A Basque Country Autochthonous Population Study of 11 Y-Chromosome STR Loci. *Forensic Sci Int*. **145(1)**:65-8.

GAVIRIA A, IBARRA AA, JARAMILLO N, PALACIO OD, ACOSTA MA, BRION M, CARRACEDO A (2004). Nineteen Autosomal Microsatellite Data from Antioquia (Colombia). *Forensic Sci Int*. **143(1)**:69-71.

GENÉ M, BORREGO N, XIFRÓ A, PIQUÉ E, MORENO P, HUGUET E (1999). Haplotype Frequencies of Eight Y-chromosome STR Loci in Barcelona (North-East Spain). *Int J Legal Med*. **112(6)**: 403-5.

GHIANI ME, VONA G. (2002). Y-Chromosome-Specific Microsatellite Variation in a Population Sample from Sardinia (Italy). *Coll Antropol*.**26(2)**: 387-401.

GILL P (2002). Role of Short Tandem Repeat DNA in Forensic Casework in the UK: Past, Present and Future Perspectives. *BioTechniques* **32**:366-385

GILLESPIE JH (1998). Population Genetics A Concise Guide. The Johns Hopkins University Press. 85.

GOES AC, DA SILVA DA, FONSECA GEH, DA SILVA MT, PEREIRA RW, DE CARVALHO EF (2004). Allele Frequencies Data and Statistic Parameters for 16 STR Loci- D19S433, D2S1338, CSF1PO, D16S539, D7S820, D21S11, D18S51, D13S317, D5S818, FGA, Penta E, TH01, vWA, D8S1170, TPOX, D3S1358- in the Rio de Janeiro Population, Brazil. *Forensic Sci Int*. **140(1)**:131-2.

GOIS CC, MARTINS JA, PEREIRA GA, FRESCHI A, PANETO GG, ALVARENGA VLS, CICARELLI RMB, HIRATA MH, OLIVEIRA RN (2008). Genetic Population Data of 12 STR Loci of the PowerPlex®Y System in the State of São Paulo Population (Southeast of Brazil). *Forensic Science International*. **174(1)**: 81-86.

GOMES I, ALVES C, MAXZUD K, PEREIRA R, PRATA MJ, SANCHEZ-DIZ P, CARRACEDO A, AMORIM A, GUSMAO L (2007). Analysis of 10 X-STRs in Three African Populations. *Forensic Sci Int Genet*. **1(2)**:208-11.

GOMES V, SANCHEZ-DIZ P, ALVES C, GOMES I, AMORIM A, CARRACEDO A, GUSMAO L (2009). Population Data Defined by 15 Autosomal STR Loci in Karamoja Population (Uganda) Using AmpFISTR Identifiler Kit. *Forensic Sci Int Genet*. **3(2)**:e55-8.

GONÇALVES R, JESUS J, FERNANDES AT, BREHM A (2002). Genetic Profile of a Multi-Ethnic Population from Guine-Bissau (West African Coast) Using the New PowerPlex 16 System Kit. *Forensic Science International*. **129(1)**:78-80.

GONZALES-ANDRADE F, SANCHEZ-Q D, MARTINEZ-JARRETA B (2006). Genetic Analysis of the Amerindian Kichwas and Afroamerican Descendents Populations

from Ecuador Characterised by 15 STR-PCR Polymorphisms. *Forensic Sci Int.* **160(2-3)**:231-5.

GONZALES-HERRERA L, VEGA-NAVARRETE L, ROCHE-CANTO C, CANTO-HERRERA J, VIRGEN-PONCE D, MOSCOSO-CALOCA G, DELGADO-NAJAR E, QUINTANILLA-VEGA B, CERDA-FLORES RM (2010). Forensic Parameters and Genetic Variation of 15 Autosomal STR Loci in Mexican Mestizo Populations from the States of Yucatan and Nayarit. *The Open Forensic Science Journal.* **3(3)**:57-63.

GONZÁLEZ-ANDRADE F, ROEWER L, WILLUWEIT S, SÁNCHEZ D, MARTÍNEZ-JARRETA B (2009). Y-STR Variation Among Ethnic Groups From Ecuador: Mestizos, Kichwas, Afro-Ecuadorians and Waoranis. *Forensic Sci Int Genet.* **3(3)**: e83-91.

GONZÁLEZ-NEIRA A, GUSMÃO L, BRIÓN M, LAREU MV, AMORIM A, CARRACEDO A (2000). Distribution of Y-chromosome STR Defined Haplotypes in Iberia. *Forensic Sci Int.* **110(2)**: 117-26.

GOODWIN W, LINACRE A, HADI S (2007). An Introduction to Forensic Genetics. John Wiley&Sons Ltd.

GRATTAPAGLIA D, KALUPNIEK S, GUIMARÃES CS, RIBEIRO MA, DIENER PS, SOARES CN (2005). Y-chromosome STR Haplotype Diversity in Brazilian Populations. *Forensic Sci Int.* **149(1)**: 99-107.

GRIFFITHS AJF, WESSLER SR, LEWONTIN RC, GELBART WM, SUZUKI DT, MILLER JH (2005). An Introduction to Genetic Analysis 8<sup>th</sup> edition. W. H. Freeman&Co.

GRSKOVIĆ B, MRSIĆ G, VRDOLJAK A, MERKAS S, ANDELINOVIĆ S (2010). Population Genetic Analysis of Haplotypes Based on 17 Short Tandem Repeat Loci on Y Chromosome in Population Sample from Eastern Croatia. *Croat Med J.* **51(3)**:202-8.

GRSKOVIC B, ZIDKOVA A, STENZL V, POPOVIC M, PRIMORAC D, MRSIC G (2013). Analysis of 8 X-Chromosomal Markers in the Population of Central Croatia. *Croat Med J.* **54(3)**:238-47.

GRSKOVIC B, ZIDKOVA A, STENZL V, POPOVIC M, PRIMORAC D, MRSIC G (2013). Genetic Polymorphisms of Eight X-Chromosomal STR Loci in the Population of Japanese. *Croat Med J.* **54(3)**:238-247.

GU S, LI S (2006). X-Chromosome STRs Analysis of Ewenke Ethnic Population. *Forensic Sci Int.* **158(1)**:72-5.

GUO F (2015). Population Genetics for 17 Y-STR Loci in Mongolian Ethnic Minority from Liaoning Province, Northeast China. *Forensic Sci Int Genet.* **17**:153-154.

GUO F, ZHANG L, JIANG X (2015). Population Genetics of 17 Y-STR Loci in Xibe Ethnic Minority from Liaoning Province, Northeast China. *Forensic Sci Int Genet.* **16**:86-87.

- GUO H, YAN J, JIAO Z, TANG H, ZHANG Q, ZHAO L, HU N, LI H, LIU Y (2008). Genetic Polymorphisms for 17 Y-Chromosomal STRs Haplotypes in Chinese Hui Population. *Leg Med (Tokyo)*. **10(3)**:163-9.
- GURKAN C, DEMİRDOV DK, YAMACI RF, SEVAY H (2015). Population Genetic Data for 15 Autosomal STR Markers in Turkish Cypriots from Cyprus. *Forensic Sci Int Genet*. **14**:e1-3.
- GUSMÃO L, ALVES C, BELEZA S, AMORIM A (2002). Forensic Evaluation and Population Data on the New Y-STRs DYS434, DYS437, DYS438, DYS439 and GATA A10. *Int J Legal Med*. **116(3)**:139-47.
- GUSMAO L, BRION M, GONZALES-NEIRA A, LAREL M, CARRACEDO A (1999). Y Chromosome Specific Polymorphisms in Forensic Analysis. *Legal Medicine* **1**:55-60.
- GUSMAO L, CARRACEDO A (2003). Y-STR Database. Erişim Adresi: [<https://worldwide.promega.com/-/media/files/resources/profiles-in-dna/1101/the-us-ystr-database.pdf?la=en>]. Erişim Tarihi: 28/06/2016
- HAAS C, WANGENSTEEN T, GIEZENDANNER N, KRATZER A, BÄR W (2006). Y-chromosome STR Haplotypes in a Population Sample from Switzerland (Zurich area). *Forensic Sci Int*. **158(2-3)**: 213-8.
- HADI IMAD, ABDULLAH M, JABER A, YOKE C (2014). Genetic Variation of Twenty Autosomal STR Loci and Evaluate the Importance of These Loci for Forensic Genetic Purposes. *African Journal of Biotechnology*. **13(11)**:1210-1218.
- HALDER SK, AKHTERUZZAMAN S (2006). Allele Frequency of Three Autosomal STR Loci D16S539, D7S820 and D13S317 in a Bangladeshi Population Sample. *Biotechnology*. **5**:180-182.
- HALLENBERG C, NIELSEN K, SIMONSEN B, SANCHEZ J, MORLING N (2005). Y-Chromosome STR Haplotypes in Danes. *Forensic Sci Int*. **155(2-3)**:205-10.
- HALLENBERG C, SIMONSEN B, SANCHEZ J, MORLING N (2005). Y-Chromosome STR Haplotypes in Somalis. *Forensic Science International* **151(2-3)**:317-321.
- HALLENBERG C, TOMAS C, SIMONSEN B, MORLING N (2009). Y-chromosome STR haplotypes in males from Greenland. *Forensic Sci Int Genet*. **3(4)**:145-6.
- HAN GR, LEE YW, LEE HL, KIM SM, KU TW, KANG IH, LEE HS, HWANG JJ (2000). A Korean Population Study of the Nine STR Loci FGA, VWA, D3S1358, D18S51, D21S11, D8S1179, D7S820, D13S317 and D5S818. *Int J Legal Med*. **114(1-2)**:41-4.
- HARTL DL, RUVOLO M (2001). Genetics: Analysis of Genes and Genomes. Jones and Bartlett Publishers.
- HASHIYADA M, ITAKURA Y, NAQASHIMA T, NATA M, FUNAYAMA M (2003). Polymorphism of 17 STRs by Multiplex Analysis in Japanese Population. *Forensic Sci Int*. **133(3)**:250-3.

- HASHIYADA M, NAGASHIMA T, ITAKURA Y, SAKAI J, KANAWAKU Y, KANETAKE J, NATA M, FUNAYAMA M (2006). 12 Y-Chromosomal STR Haplotypes in Japanese. *Forensic Sci Int.* **158(2-3)**:204-12.
- HASHIYADA M, UMETSU K, YUASA I, TAMURA A, MATSUSUE A, SUZUKI K, KASHIMURA S, FUNAYAMA M (2008). Population Genetics of 17 Y-Chromosomal STR Loci in Japanese. *Forensic Sci Int Genet.* **2(4)**:e69-70.
- HAVAS D, JERAN N, EFREMOVSKA L, DORDEVIC D, RUDAN P (2007). Population Genetics of 15 AmpFISTR Identifiler Loci in Macedonians and Macedonian Romani (Gypsy). *Forensic Sci Int.* **173(2-3)**:220-4.
- HE J, GUO F (2013). Genetic Variation of Fifteen Autosomal STR Loci in a Manchu Population from Jilin Province, Northeast China. *Forensic Sci Int Genet.* **7(2)**:e45-6.
- HEDJAZI A, NIKBAKHT A, HOSSEINI M, HOSEINZADEH A, HOSSEINI SM (2013). Allele Frequencies for 15 Autosomal STR Loci in Fars Province Population, Southwest of Iran. *Leg Med (Tokyo).* **15(4)**:226-8.
- HEDMAN M, PALO JU, SAJANTILA A (2009). X-STR Diversity Patterns in the Finnish and Somali Population. *Forensic Sci Int Genet.* **3(3)**:173-8.
- HEDMAN M, PIMENOFF V, LUKKA M, SISTONEN P, SAJANTILA A (2004). Analysis of 16 Y STR Loci in the Finnish Population Reveals a local Reduction in the Diversity of Male Lineages. *Forensic Sci Int.* **142(1)**: 37-43.
- HEINIG J (2007). The Use and Significance of Y-STR Testing. Erişim Adresi: [<http://www.forensicdnacenter.com/resources/why-ystr-dna-testing.html>]. Erişim Tarihi: 27/06/2016.
- HERING S, AUGUSTIN C, EDELMANN J, HEIDEL , DRESSLER J, RODIG H, KUHLISH E, SZIBOR R (2006). DXS10079, DXS10074 and DXS10075 are STRs Located Within a 280-kb Region of Xq12 and Provide Stable Haplotypes Useful for Complex Kinship Cases. *Int J Legal Med.* **120(6)**:337-45.
- HERNANDEZ-GUTIERREZ S, HERNANDEZ-FRANCO P, MARTINEZ-TRIPP S, RAMOS-KURI M, RANGEL-VILLALOBOS H (2005). STR Data for 15 Loci in a Population Sample from the Central Region of Mexico. *Forensic Sci Int.* **151(1)**:97-100.
- HERRERA-PAZ EF, GARCIA LF, ARAGON-NIETO I, PAREDES M (2008). Allele Frequencies Distributions for 13 Autosomal STR Loci in 3 Black Carib (Garifuna) Populations of the Honduran Caribbean Coasts. *Forensic Sci Int Genet.* **3(1)**:e5-10.
- HILL CR, KLINE MC, COBLE MD, BUTLER JM (2008). Characterization of 26 Mini STR Loci for Improved Analysis of Degraded DNA Samples. *J Forensic Sci* **53(1)**:73-80.
- HONG SB, KIM SH, KIM KC, PARK MH, LEE JY, SONG JM, HAN MS, KIM W (2013). Korean Population Genetic Data and Concordance for the PowerPlex ESX 17, AmpFISTR Identifiler, and PowerPlex 16 Systems. *Forensic Sci Int Genet.* **7(3)**:e47-51.

- HOU QF, YU B, LI SB (2007). Genetic Polymorphisms of Nine X-STR Loci in Four Population Groups from Inner Mongolia, China. *Genomics Proteomics Bioinformatics* **5(1)**:59-65.
- HOU YP, ZHANG J, LI YB, WU J, ZHANG SZ, PRINZ M (2001). Allele Sequences of Six New Y-STR Loci and Haplotypes in the Chinese Han Population. *Forensic Sci Int.* **118(2-3)**:147-52.
- HSING-MEI H, RE-KUEN S, TAN-YIN Y, LI-CHIN T, NU-EN H, ROCKY TS, JAN-GOWTH C, YING-CHIN K, ADRIAN L, JAMES CL (2003). Screening of Y-chromosome STR Loci in Taiwanese Populations. *Forensic Science Journal.* **2**:69-76.
- HU SP (2006a). Genetic Polymorphism of 12 Y-Chromosomal STR Loci in the Minnan Han Chinese in Southeast China. *Forensic Science International* **159(1)**:77-82.
- HU SP (2006b). Polymorphism of Y-Chromosomal STR Haplotypes in the Chaoshan Han Chinese in South China. *Forensic Sci Int.* **158(1)**:80-5.
- HUANG S, ZHU Y, SHEN X, LE X, YAN H (2010). Genetic Variation Analysis of 15 Autosomal STR Loci of AmpFISTR Sinofiler PCR Amplification Kit in Henan (central China) Han Population. *Leg Med (Tokyo).* **12(3)**:160-1.
- HUNDERTMARK T, HERING S, EDELMANN J, AUGUSTIN C, PLATE I, SZIBOR R (2008). The STR Cluster DXS10148-DXS8378-DXS10135 Provides a Powerful Tool for X-Chromosomal Haplotyping at Xp22. *Int J Legal Med.* **122(6)**:489-92.
- HWA HL, CHANG YY, LEE JC, YIN HY, CHEN YH, TSENG LH, SU YN, KO TM (2009). Thirteen X-Chromosomal Short Tandem Repeat Loci Multiplex Data from Taiwanese. *Int J Legal Med.* **123(3)**:263-9.
- HWA HL, CHANG YY, LEE JC, YIN HY, TSENG LH, SU YN, KO TM (2011). Fourteen Non-CODIS Autosomal Short Tandem Repeat Loci Multiplex Data from Taiwanese. *Int J Legal Med.* **125(2)**:219-26.
- HWANG JH, LEE H, LEE YA, HAN MS, KIM W, JIN I, CHO NS (2007). Haplotypes for 12 Y-Chromosomal STR Loci in a Korean Population (the Central Region). *Forensic Sci Int.* **168(1)**:73-84.
- IIDA R, TSUBOTA E, SAWAZAKI K, MASUYAMA M, MATSUKI T, YASUDA T, KISHI K (2002). Characterization and Haplotype Analysis of the Polymorphic Y-STRs DYS443, DYS444 and DYS445 in a Japanese Population. *Int J Legal Med.* **116(3)**:191-4.
- ILLESCAS MJ, AZNAR JM, CARDOSO S, LOPEZ-OCEJA A, GAMARRA D, SANCHEZ-ROMERA JF, COLODRO L, ORDANA JR, DE PANCORBO MM (2011). Genetic Diversity of 10 X-STR Markers in a Sample Population from the Region of Murcia Spain. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series.* **3(1)**:e437-e438.

- ILLESCAS MJ, PEREZ A, AZNAR JM, VALVERDE L, CARDOSO S, ALGORTA J, DE PANCORBO MM (2012). Population Genetic Data for 10 X-STR Loci in Autochthonous Baques from Navarre (Spain). *Forensic Sci Int Genet.* **6(5)**:e146-8.
- ILLINOIS (2006). Population Genetics. Erişim Adresi: [<http://www.life.illinois.edu/ib/201/lectures/PopGen.pdf>]. Erişim Tarihi: 16/12/2015.
- IMAD HH, MUHANNED AK, AAMERA JO, CHEAH Y (2014). Analysis of Eleven Y-Chromosomal STR Markers in Middle and South of Iraq. *African Journal of Biotechnology* **13(38)**:3860-3871.
- IMMEL UD, ERHUMA M, MUSTAFA T, KLEIBER M, KLINTSCHAR M (2006). Y-Chromosomal STR Haplotypes in an Arab Population from Libya. *International Congress Series* **1288**:156-158.
- ISRAR M, SHADID AA, RAHMAN Z, SHAHZAD MS, ULLAH O, HUSNAIN T (2012). Punjabi Population Data for Seven X-Chromosome Short Tandem Repeat (X-STR) Loci Using a New Miniplex System. *African Journal of Biotechnology* **11(46)**:10513-10516.
- IWASA M, WIEGAND P, RAND S, SCHÜRENKAMP M, ATASOY S, BRINKMANN B (1997). Genetic Variation at Five STR loci in Subpopulations Living in Turkey. *Int J Legal Med.* **110(3)**:170-2.
- JAIME JC, FONDEVILLA M, SALAS A, LAREU MV, CARRACEDO A (2004). Nine Autosomal STRs Genotype Profiles in a Sample from Cordoba (Argentina). *Forensic Sci Int.* **139(1)**:81-3.
- JEDRZEJCZYK M, JACEWICZ, BERENT J (2009). Distribution of Chromosome X STR Markers DXS10135, DXS10074, DXS10101 and DXS10134 and Their Usefulness in Forensic Genetics. *Problems of Forensic Sciences.* **77**:89-97.
- JEDRZEJCZYK M, JACEWICZ R, BERENT J (2009). Distribution of Chromosome X STR Markers DXS10135, DXS10074 and DXS10134 and Their Usefulness in Forensic Genetics. *Problems of Forensic Sciences* **77**: 89-97.
- JERAN N, HAVAS D, IVANOVIC V, RUDAN P (2007). Genetic Diversity in Four Tribal Groups of Western India: a Survey of Polymorphism in 15 STR Loci and Their Application in Human Identification. *Coll Antropol.* **31(3)**:847-52.
- JOHNS M (2010). Population Genetics. Erişim Adresi: [<http://www.bios.niu.edu/johns/genetics/Population%20Genetics.ppt>]. Erişim Tarihi: 16/12/2015.
- KALFAOĞLU EA, YÜKSELOĞLU H (2002). İnsan Genomu, Suç ve Suçun Önlenmesi. *Deu Tip Fakültesi Dergisi Özel Sayısı* 71-80.
- KANG L, LI S (2006). X-Chromosome STR Polymorphism of Luoba Ethnic Group Living in Tibet (SW China). *Forensic Sci Int.* **156(1)**:88-90.
- KANG LL, LIU K, MA Y (2007). Y chromosome STR Haplotypes of Tibetan Living Tibet Lassa. *Forensic Sci Int.* **172(1)**:79-83.

- KARA U, YÜKSELOĞLU EH (2015). Hukukçular ve Genetikçiler için Temel Adli Genetik. Nobel Tıp Kitabevleri.
- KASHYAP VK, SITALAXIMI T, CHATTOPADHYAY P, TRIVEDI R (2004). DNA Profiling Technologies in Forensic Analysis. *Int J Hum Genet*, **4(1)**:11-30.
- KEE BP, LIAN LH, LEE PC, LAI TX, CHUA KH (2011). Genetic Data for 15 ST Loci in a Kadazan-Dusun Population from East Malaysia. *Genet. Mol. Res.* **10(2)**:739-743.
- KHODJET-EL-KHIL H, FADHLAOUI-ZID K, GUSMAO L, ALVES C, BENAMMAR-ELQAAIED A, AMORIM A (2012). Allele Frequencies for 15 Autosomal STR Markers in the Libyan Population. *Ann Hum Biol.* **39(1)**:80-3.
- KIDO A, FUJITANI N, HARA M, KIMURA H (2006). Genetic Data of 16 Y-Chromosomal Short Tandem Repeat Loci in Africans from South Africa. *Journal of Forensic Sciences* **51(6)**:1414-1416.
- KIDO A, HARA M, KAMEYAMA H, YAMAMOTO Y, SUSUKIDA R, TAKADA A, SAITO K, OYA M (2004). Population Genetics of 10 Y-Chromosomal STR Loci in Japanese Using Multiplexed PCR Amplification Kits, Y-PLEX 6 and Y-PLEX 5. *International Congress Series.* **1261**:307-309.
- KIM SH, KIM NY, HONG SB, CHO NS, KIM JJ, HAN MS, KIM W (2008). Genetic Polymorphisms of 16 Y Chromosomal STR Loci in Korean Population. *Forensic Science International: Genetics.* **2(2)**:e9-e10.
- KIM YJ, SHIN DJ, KIM JM, JIN HJ, KWAK KD, HAN MS, CHOI SK, KIM W (2001). Y-Chromosome STR Haplotype Profiling in the Korean Population. *Forensic Sci Int.* **115(3)**:231-7.
- KLUG WS, CUMMINGS MR, SPENCER CA, PALLADINO MA (2012). Concepts of Genetics. 10<sup>th</sup> Edition. Pearson Education. San Francisco.
- KONJHODZIC R, KUBAT M, SKAVIC J (2004). Bosnian Population Data for the 15 STR Loci in the Power Plex 16 Kit. *Int J Legal Med.* **118(2)**:119-21.
- KOVACEVIC L, FATUR-CERIC V, HADZIC N, CAKAR J, PRIMORAC D, MARJANOVIC D (2013). Haplotype Data for 23 Y-Chromosome Markers in a Reference Sample from Bosnia and Herzegovina. *Croat Med J.* **54(3)**:286-290.
- KOVATSI L, PARSONS TJ, JUST RS, IRWIN JA (2006). Genetic Variation for 15 Autosomal STR Loci (PowerPlex 16) in a Population Sample from Northern Greece. *Forensic Science International.* **159(1)**:61-63.
- KOVATSI L, SAUNIER JL, IRWIN JA (2009). Population Genetics of Y-chromosome STRs in a Population of Northern Greeks. *Forensic Sci Int Genet.* **4(1)**: e21-2.
- KOYAMA H, IWASA M, MAENO Y, TSUCHIMOCHI T, ISOBE I, YOSHIMI SN, JUN MO, MATSUMOTO T, HORII T, NAGAO M (2001). Y-Chromosomal STR Haplotype in the Japanese Population. *Forensic Science International* **124(2-3)**:221-223.

- KRAAIJENBRINK T, VAN DRIEM GL, OPGENORT JR, TULADHAR NM, DE KNIJFF P (2007). Allele Frequency Distribution for 21 Autosomal STR Loci in Nepal. *Forensic Sci Int.* **168(2-3)**:227-31.
- KRAVCHENKO SA, SLOMINSKY PA, BETS LA, STEPANOVA AV, MIKULICH AI, LIMBORSKA SA, LIVSHITS LA (2002). Polymorphism of STR Loci of the Y Chromosome in Three Populations of Eastern Slavs from Belarus, Russia, and Ukraine. *Russian Journal of Genetics.* **38(1)**:80-86.
- KRITHIKA S, TRIVEDI R, KASHYAP VK, VASULU TS (2007). Allele Frequency Distribution at 15 Autosomal STR Loci in Panggi, Komkar and Padam Sub Tribes of Adi, a Tibeto-Burman Speaking Population of Arunachal Pradesh, India. *Legal Medicine* **9(4)**:210-217.
- KRİMİNAL POLİS LABORATUVARLARI (2012). STR DNA Analiz Kitleri. Erişim Adresi: [<https://212.175.177.36/Duyurular/DmoIhaleDuyurulariEk/3669-1-Teknik%20%C5%9Earname.pdf>]. Erişim Tarihi: 23/12/2015.
- KUBAT M, SKAVIC J, BEHLULI I, NURAJ B, BEKTESHI T, BEHLULI M, KLARIC IM, PERICIC M (2004). Population Genetics of the 15 AmpFISTR Identifiler Loci in Kosovo Albanians. *Int J Legal Med.* **118(2)**:115-8.
- KUEI-CHIU C (2012). Microsatellite DNA: Population Genetics and Forensic Applications. *Tested Studies for Laboratory Teaching. Proceedings of the Association for Biology Laboratory Education* **33**:8-30
- KUZNIAR P, PLOSKI R (2004). STR Data for the Power Plex-16 loci in a Population from Central Poland. *Forensic Science International.* **139(2-3)**:261-263.
- LACAU H, BUKHARI A, GAYDEN T, LA SALVIA J, REQUEIRO M, STOJKOVIC O, HERRERA RJ (2011). Y-STR Profiling in Two Afghanistan Populations. *Leg Med (Tokyo).* **13(2)**:103-8.
- LAHMI R, VALLIAN S (2009). Genetic Variation of Informative Short Tandem Repeat (STR) Loci in an Iranian Population. *Iranian Journal of Biotechnology.* **7(3)**:137-141.
- LAQUINA A, EL HOUATE B, YAHIA H, AZEDDOUG H, BOULOUIZ R, CHBEL F (2011). Allele Frequencies and Population Data for 17 Y-STR Loci (The AmpFISTR Y-Filer) in Casablanca Resident Population. *Forensic Sci Int Genet.* **5(1)**:e1-3.
- LAUC LB, PERIĆ M, KLARIĆ IM, SIJACKI A, POPOVIĆ D, JANIĆIJEVIĆ B, RUDAN P (2005). Y Chromosome STR Polymorphisms in a Serbian Population Sample. *Forensic Sci Int.* **150(1)**: 97-101.
- LEAT N, BENJEDDOU M, DAVISON S (2004). Nine-Locus Y-chromosome STR Profiling of Caucasian and Xhosa Populations from Cape Town, South Africa. *Forensic Sci Int.* **144(1)**:73-5.
- LEE HY, OH JE, HAN GR, SHIN KJ (2003). Allele Frequencies and Haplotypes of Six New Y-Specific STR Loci in Koreans. *Forensic Sci Int.* **136(1-3)**:89-91.

- LEE HY, PARK MJ, JEONG CK, LEE SY, YOO JE, CHUNG U, CHOI JH, KIM CY, SHIN KJ (2004). Genetic Characteristics and Population Study of 4 X-Chromosomal STRs in Koreans: Evidence for a Null Allele at DXS9898. *Int J Legal Med.* **118(6)**:355-60.
- LEE MH, PARK SY, KIM DJ, KIM MJ, RYU HM, CHO YH (2010). Genetic Variation of Three Autosomal STR Loci D21S1435, D21S1411, and D21S1412 in Korean Population. *Mol Biol Rep.* **37(1)**:99-104.
- LEITE FP, CALLEGARI-JACQUES SM, CARVALHO BA, KOMMERS T, MATTE CH, RAIMANN PE, SCHWENGBER SP, SORTICA VA, TSUNETO LT, PETZLER ML, SALZANO FM, HUTZ MH (2008). Y-STR Analysis in Brazilian and South Amerindian Populations. *Am J Hum Biol.* **20(3)**: 359-63.
- LEITE FPN, MENEGASSI FJ, SCHWENGBER SP, RAIMANN PE, ALBUQUERQUE TK (2003). STR Data for 09 Autosomal STR Markers from Rio Grande Do Sul (southern Brazil). *Forensic Science International.* **132(3)**:223-224.
- LESSIG R, EDELMANN J, KRAWCZAK M (2001). Population Genetics of Y-chromosomal Microsatellites in Baltic Males. *Forensic Sci Int.* **118(2-3)**:153-7.
- LI C, LI L, ZHAO Z, LIN Y, QUE T, LIU Y, XUE J (2009). Genetic Polymorphism of 17 STR Loci for Forensic Use in Chinese Population from Shanghai in East China. *Forensic Sci Int Genet.* **3(4)**:e117-8.
- LI H, TANG H, ZHANG Q, JIAO Z, BAI J, CHANG S (2009). A Multiplex PCR for 4 X Chromosome STR Markers and Population Data for Beijing Han Ethnic Group. *Leg Med (Tokyo).* **11(5)**:248-50.
- LI J, LUO H, SONG F, ZHANG L, DENG C, YU Z, GAO T, LIAO M, HOU Y (2017). Validation of the Microreader 23sp ID System: A New STR 23-Plex System for Forensic Application. *Forensic Sci Int Genet* **27**:67-73
- LI JN, LUO HB, SONG F, HOU YP (2015). Genetic Polymorphisms of 22 Autosomal STR Loci in Chinese Han Population. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* **5**:e45-e47.
- LIL, MA T, XU J, YANG Y, YANG S, XIA M, SUN H, ZHAO X, PING Y, ZHOU H, XIE J, ZHAO Z, JIN L, LI S (2015). Genetic Analysis of 17 Y-STR Loci in Han Population from Gansu Province, Northwestern China. *Forensic Sci Int Genet.* **19**:134-135.
- LI L, YU G, LI S, JIN L, YAN S (2016). Genetic Analysis of 17 Y-STR Loci from 1019 Individuals of Six Han Populations in East China. *Forensic Sci Int Genet.* **20**:101-102.
- LI Y, HONG Y, LI X, YANG J, LI L, HUANG Y, WANG C, LI H, XU B (2015). Allele Frequency of 19 Autosomal STR Loci in the Bai Population from the Southwestern Region of Mainland China. *Electrophoresis.* **36(19)**2498-503.
- LIFE TECHNOLOGIES CORPORATION (2012). AmpFlSTR Sinofiler PCR Amplification Kit User Guide. Erişim Adresi:

- [<https://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/4384256E.pdf>]. Erişim Tarihi: 23/12/2015.
- LIFE TECHNOLOGIES (2012). AmpFISTR® Identifiler® PCR Amplification Kit. Erişim Adresi: [[https://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/cms\\_041201.pdf](https://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/cms_041201.pdf)].
- LIFE TECHNOLOGIES (2012). AmpFISTR® Yfiler® PCR Amplification Kit. [[https://www3.appliedbiosystems.com/cms/groups/applied\\_markets\\_support/documents/generaldocuments/cms\\_041477.pdf](https://www3.appliedbiosystems.com/cms/groups/applied_markets_support/documents/generaldocuments/cms_041477.pdf)]. Erişim Tarihi: 23/12/2015.
- LIFE TECHNOLOGIES (2015). AmpFISTR® Identifiler® Plus PCR Amplification Kit User Guide. Erişim Adresi: [[https://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/cms\\_076395.pdf](https://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/cms_076395.pdf)]. Erişim Tarihi: 23/12/2015.
- LIM EJ, LEE HY, SIM JE, YANG WI, SHIN KJ (2009). Genetic Polymorphism and Haplotype Analysis of 4 Tightly Linked X-STR Duos in Koreans. *Croat Med J.* **50(3)**:305-312.
- LIM S, XUE Y, PARKIN EJ, TYLER-SMITH C (2007). Variation of 52 New Y-STR Loci in the Y Chromosome Consortium Worldwide Panel of 76 Diverse Individuals. *Int J Legal Med.* **121**:124-127.
- LIU J, GUO L, QI R, LI SY, YIN JY, ZHANG W, SUN Z, TIAN X, GAO B (2013). Allele Frequencies of 19 Autosomal STR Loci in Manchu Population of China with Phylogenetic Structure Among Worldwide Populations. *Gene.* **529(2)**:282-7.
- LIU J, LI SY, YIN JY, ZHANG W, GAO B, GUO L, QI R (2011). Allele Frequencies of 6 Autosomal STR Loci in the Xibo Nationality with Phylogenetic Structure Among Chinese Populations. *Gene.* **487(1)**:84-7.
- LIU QL, LU DJ, LI XG, ZHAO H, ZHANG JM, LAI YK, CHEN YF (2011). Development of the Nine X-STR Loci Typing System and Genetic Analysis in Three Nationality Populations from China. *Int J Legal Med.* **125(1)**:51-8.
- LIU QL, LU DJ, QUAN L, CHEN YF, SHEN M, ZHAO H (2012). Development of Multiplex PCR System With 15 X-STR Loci and Genetic Analysis in Three Nationality Populations from China. *Electrophoresis* **33(8)**:1299-305.
- LIU QL, LU DJ, ZHU JZ, LU HL, LUO YM, FANG Q (2006). Fluorescent Multiplex Amplification of Three X-STR Loci. *Acta Genetica Sinica* **33(12)**:1053-1059.
- LJUBKOVIĆ J, STIPIŠIĆ A, SUTLOVIĆ D, DEFINIS-GOJANOVIĆ M, BUCAN K, ANDELINOVIĆ S (2008). Y-chromosomal Short Tandem Repeat Haplotypes in Southern Croatian Male Population Defined by 17 Loci. *Croat Med J.* **49(2)**: 201-6.
- LONGLI KANG, DONGYA YUAN, FENGYING YANG, KAI LIU, ZA XI (2007). Genetic Polymorphisms of 15 STR Loci in Two Tibetan Populations from Tibet Changdu and Naqu, China. *Forensic Science International.* **169(2-3)**:239-243.

- LOVRECIĆ L, RISTIĆ S, BRAJENOVIĆ B, KAPOVIĆ M, PETERLIN B (2005). Human Y-specific STR Haplotypes in the Western Croatian Population Sample. *Forensic Sci Int.* **149(2-3)**:257-61.
- LU DJ, LIU QL, ZHAO H (2011). Genetic Data of Nine non-CODIS STRs in Chinese Han Population from Guangdong Province, Southern China. *Int J Legal Med.* **125(1)**:133-7.
- LUCZAK S, ROGOLLA U, MALYARCHUK BA, GRZYBOWSKI T (2011). Diversity of 15 Human X Chromosome Microsatellite Loci in Polish Population. *Forensic Sci Int Genet.* **5(3)**:e71-7.
- LUO H, SONG F, ZHANG L, HOU Y (2015). Genetic Polymorphism of 23 Y-STR Loci in the Zhuang Minority Population in Guangxi of China. *Int J Legal Med.* **129(4)**:737-8.
- LYLE DP (2016). Do Identical Twins have different DNA?. Erişim Adresi: [<https://writersforensicsblog.wordpress.com/2014/03/05/do-identical-twins-have-different-dna/>] Erişim Tarihi: 14/12/2016.
- MAHFOUDH-LAHIANI N, REBAI A, MAKNI H (2006). Data for 10 Autosomal STR Markers in South Tunisian Population. *Forensic Sci Int.* **164(2-3)**:254-6.
- MAITY B, NUNGA SC, KASHYAP VK (2003). Genetic Polymorphism Revealed by 13 Tetrameric and 2 Pentameric STR Loci in Four Mongoloid Tribal Population. *Forensic Sci Int.* **132(3)**:216-22.
- MALYARCHUK BA, WOZNIAC M, CZARNY J, DERENKO MV, GRZYBOWSKI, MISCICKA-SLIWKA D (2007). Variation of 15 Autosomal Microsatellite DNA Loci in the Russian Population. *Molecular Biology.* **41(1)**:1-4.
- MALYARCHUK BA, WOZNIAC M, CZARNY J, DERENKO MV, GRZYBOWSKI T, MISCICKA-SLIWKA D (2007). Variation of 15 Autosomal Microsatellite DNA Loci in the Russian Population. *Molecular Biology* **41(1)**: 1-4.
- MARIAN C, ANGHEL A, BEL SM, FERENCZ BK, URSONIU S, DRESSLER M, POPESCU O, BUDOWLE B (2007). STR Data for the 15 AmpFISTR Identifier Loci in the Western Romanian Population. *Forensic Sci Int.* **170(1)**:73-5.
- MARINO M, SALA A, CORACH D (2006a). Genetic Analysis of the Populations from Northern and Mesopotamian Provinces of Argentina by Means of 15 Autosomal STRs. *Forensic Sci Int.* **160(2-3)**:224-30.
- MARINO M, SALA A, CORACH D (2006b). Genetic Attributes of 15 Autosomal STRs in the Population of Two Patagonian Provinces of Argentina. *Forensic Sci Int.* **160(1)**:84-8.
- MARINO M, SALA A, CORACH D (2006c). Population Genetic Analysis of 15 Autosomal STRs Loci in the Central Region of Argentina. *Forensic Sci Int.* **161(1)**:72-7.
- MARJANOVIC D, BAKAL N, POJSKIC N, KAPUR L, DROBNIC K, PRIMORAC D, BAJROVIC K, HADZISELMOVIC R (2006). Allele Frequencies for 15 Short

Tandem Repeat Loci in a Representative Sample of Bosnians and Herzegovinians. *Forensic Sci Int.* **156(1)**:79-81.

MARTIN P, GARCIA O, ALBARRAN C, GARCIA P, YURREBASO I, ALONSO A (2007). Allele Frequencies of Six MiniSTR Loci (D10S1248, D14S1434, D22S1045, D4S2364, D2S441 and D1S1677) in a Spanish Population. *Forensic Sci Int.* **169(2-3)**:252-4.

MARTINEZ B, CARABALLO L, GUSMAO L, AMORIM A, CARRACEDO A (2005). Autosomic STR Population Data in Two Caribbean Samples from Colombia. *Forensic Sci Int.* **152(1)**:79-81.

MARTINS JA, COSTA JC, PANETO GG, FIQUEIREDO RF, GUSMAO L, SANCHEZ-DIZ P, CARRACEDO A, CICARELLI RM (2010). Genetic Profile Characterization of 10 X-STRs in Four Populations of The Southeastern Region of Brazil. *Int J Legal Med.* **124(5)**:427-32.

MARTINS JA, DE FREITAS FR, YOSHIZAKI CS, PANETO GG, CICARELLI RM (2011). Genetic Data of 15 Autosomal STR Loci: an Analysis of the Araraquara Population Colonization (Sao Paulo, Brazil). *Mol Biol Rep.* **38(8)**:5397-403.

MARTINS JA, SILVA RH, FRESCHI A, PANETO GG, OLIVEIRA RN, CICARELLI RM (2010). X-Chromosome Genetic Variation in Sao Paulo State (Brazil) Population. *Ann Hum Biol.* **37(4)**:598-603.

MARTÍN P, GARCÍA-HIRSCHFELD J, GARCÍA O, GUSMÃO L, GARCÍA P, ALBARRÁN C, SANCHO M, ALONSO A (2004). A Spanish Population Study of 17 Y-chromosome STR Loci. *Forensic Sci Int.* **139(2-3)**: 231-5.

MASTANA S, SINGH PP (2002). Population Genetic Study of the STR Loci (HUMCSF1PO, HUMTPOX, HUMTH01, HUMLPL, HUMF13A01, HUMF13B, HSFESFPS and HUMVWA) in North Indians. *Ann Hum Biol.* **29(6)**:677-84.

MASTANA SS, MURRY B, SACHDEVA MP, DAS K, YOUNG D, DAS MK, KALLA AK (2007). Genetic Variation of 13 STR Loci in the Four Endogamous Tribal Populations of Eastern India. *Forensic Sci Int.* **169(2-3)**:266-73.

MATAMOROS M, PINTO Y, INDA FJ, GARCIA O (2008). Population Genetic Data for 15 STR Loci (Identifiler Kit) in Honduras. *Leg Med (Tokyo).* **10(5)**:281-3.

MATAMOROS M, YURREBASO I, GUSMAO L, GARCIA O (2009). Population Data for 12 Y-chromosome STR Loci in a Sample from Honduras. *Led Med (Tokyo).* **11(5)**:251-5.

MATER Y (2010). Popülasyon Genetiği, Moleküler Evrim ve Biyoinformatik Arasındaki İlişki. Erişim Adresi: [http://anibal.gyte.edu.tr/hebe/AblDrive/71167157/w/Storage/217\_2010\_2\_422\_71167157/Downloads/molekuler-evrim-ders-1-2.pdf?]. Erişim Tarihi: 16/12/2015.

MATSUSHITA H, NAKAMURA S, NAGAI T, SUGIE H, FURUKAWA M, KURIHARA K (2003). Genetic Analysis of 18 STR Loci on the X Chromosome in a Japanese Population. *International Congress Series.* **1239**:331-333.

- MELEZ IE (2013). Kan Lekesi Üzerinden Adli Genetiğe Giriş: Olay Yerinden Laboratuvara. Nobel Tıp Kitapevleri
- MELO MM, CARVALHO M, LOPES V, ANJOS MJ, SERRA DN, SEQUERIOS J, CORTE-REAL F (2010). Genetic study of 15 STRs loci of Identifiler system in Angola population. *Forensiz Sci Int Genet.* **4(5)**:e153-7.
- MENG HT, ZHANG LP, WU H, YANG CH, CHEN JG, WANG Y, YAN JW, WANG HD, ZHANG YD, LIU WJ, ZHU BF (2015). Genetic Diversities of 20 Novel Autosomal STRs in Chinese Xibe Ethnic Group and Its Genetic Relationships With Neighboring Populations. *Gene.* **557(2)**:222-8.
- MERCER COUNTY COMMUNITY COLLEGE (2016). Branches of Genetics. Erişim Tarihi: [[http://www.mccc.edu/~blinderl/documents/Ch1\\_slides.ppt](http://www.mccc.edu/~blinderl/documents/Ch1_slides.ppt)]. Erişim Tarihi: 01.09.2016
- MIZUNO N, NAKAHARA H, SEKIQUCHI K, YOSHIDA K, NAKANO M, KASAI K (2008). 16 Y Chromosomal STR Haplotypes in Japanese. *Forensic Sci Int.* **174(1)**:71-6.
- MONTELIUS K, KARISSON AO, HOLMLUND G (2008). STR Data for the AmpFISTR Identifiler Loci from Swedish Population in Comparison to European, as well as with Non-European Population. *Forensic Sci Int Genet.* **2(3)**:e49-52.
- NADEEM A, BABAR ME, HUSSAIN M, TAHIR MA (2009). Development of Pentaplex PCR and Genetic Analysis of X Chromosomal STRs in Punjabi Population of Pakistan. *Mol Biol Rep.* **36(7)**:1671-5.
- NAIR PS, GEETHA A, JAGANNATH C (2011). Y-Short Tandem Repeat Haplotype and Paternal Lineage of the Ezhava Population of Kerala, South India. *Croat Med J.* **52(3)**:344-350.
- NAKAMURA Y, MINAQUCHI K (2010). Sixteen X-Chromosomal STRs in Two Octaplex PCRs in Japanese Population and Development of 15-Locus Multiplex PCR System. *Int J Legal Med.* **124(5)**:405-14.
- NATA M, BRINKMANN B, ROLF B (1999). Y-Chromosomal STR Haplotypes in a Population from North West Germany. *Int J Legal Med.* **112(6)**:406-8.
- NATIONAL FOREST GENETICS LAB (NFGEL) (2006). What is a Genetic Marker? Why We Care About Genetics Vol 5. Erişim Adresi: [[https://www.fs.fed.us/NFGEL/documents/geneticfactsheets/Vol\\_5\\_print.pdf](https://www.fs.fed.us/NFGEL/documents/geneticfactsheets/Vol_5_print.pdf)]. Erişim Tarihi: 17/12/2015.
- NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE (2017). Forensic DNA: Mitochondrial DNA. Erişim Adresi: [<https://nij.gov/topics/forensics/evidence/dna/research/pages/mitochondrial.aspx>]. Erişim Tarihi: 02/04/2017.
- NATIONAL INSTITUTE OF STANDARDS AND TECHNOLOGY (2017). Overview of STR Fact Sheets. Erişim Adresi: [[http://strbase.nist.gov/str\\_fact.htm](http://strbase.nist.gov/str_fact.htm)] Erişim Tarihi: 18/08/2017.

- NAYAK BP, KHAJURIA H, GUPTA S (2015). Y-STR Polymorphism Among Khandayat Community of Odisha, India. *Egyptian Journal of Forensic Sciences*. **5(2)**:57-61.
- OGATA Y, YAMABA T, SAWAZAKI K, IIDA R, TSUBOTA E, TAKATSUKA H, MATSUKI T, YASUDA T, KISHI K (2005). Improvement of a Multiplex PCR System for DYS441, DYS442, DYS443, DYS444 and DYS445, and a Population Study in 340 Japanese Males. *Leg Med (Tokyo)*. **7(3)**:183-9.
- OKASHA S (2006). Erişim Adresi: [<http://plato.stanford.edu/entries/population-genetics/>] Erişim Tarihi: 01.09.2016.
- OMRAN GA, RUTTY GN, JOBLING MA (2008). Diversity of 17-Locus Y-STR Haplotypes in Upper (Southern) Egyptians. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* **1(1)**:230-232.
- OMRAN GA, RUTTY GN, JOBLING MA (2009). Genetic Variation of 15 Autosomal STR Loci in Upper (Southern) Egyptians. *Forensic Sci Int Genet*. **3(2)**:e39-44.
- OSSMANI HE, TALBI J, BOUCHARIF B, CHAFIK A (2009). Allele frequencies of 15 autosomal STR loci in the southern Morocco population with phylogenetic structure among worldwide populations. *Leg Med (Tokyo)*. **11(3)**:155-8.
- OTA M, DROMA Y, BASNYAT B, KATSUYAMA Y, ASAMURA H, SAKAI H, FUKUHSIMA H (2012). Allele Frequencies of 15 AmpFISTR Identifier Loci in the Napalese Population. *Forensic Science International* **169**:234-238.
- OZBAS-GERCEKER F, BOZMAN N, ARSLAN A, SERİN A (2013). Population Data for 17 Y-STRs in Samples from Southeastern Anatolia Region of Turkey. *Int J Hum Genet*. **13(2)**:105-111.
- OZKORKMAZ A, BARANSEL ISIR A, PEHLİVAN S, ÖZKORKMAZ GE (2009). Forensic Value of Ten Short Tandem Repeat Loci in Turkey Compared to Other Ethnic Groups. *BJMG*. **12(1)**:69-72.
- ÖZDAĞ H (2007). Popülasyon Genetiği. Erişim Adresi: [[http://ozdaglab.com/styled-21/downloads-3/files/Molekuler%20Genetik\\_Hafta13.pdf](http://ozdaglab.com/styled-21/downloads-3/files/Molekuler%20Genetik_Hafta13.pdf)]. Erişim Tarihi: 16/12/2015.
- PALHA TJ, RODRIGUES EM, DOS SANTOS SE (2010). Y-STR Haplotypes of Native American Populations From the Brazilian Amazon Region. *Forensic Sci Int Genet*. **4(5)**: e121-3.
- PALHA TJBF, RODRIGUES EMR, DOS SANTOS SEB (2007). Y-chromosomal STR Haplotypes in a Population from the Amazon Region, Brazil. *Forensic Science International*. **166(2-3)**: 233-239.
- PALO JU, PIRTTIMAA M, BENGIS A, JOHANSSON V, ULMANEN I, LUKKA M, UDD B, SAJANTILA A (2008). The Effect of Number of loci on Geographical Structuring and Forensic Applicability of Y-STR Data in Finland. *Int J Legal Med*. **122(6)**:449-56.

- PANDU G, GANDHI KPC, SHARM JD, CHAUBEY G, THANGARAJ K (2006). Genetic Profile of Nine STR Loci Among Goud and Padmashali Populations of Andhra Pradesh, India. *Forensic Science International*. **157(2-3)**:201-205.
- PAREDES M, GALINDO A, BERNAL M, AVILA S, ANDRADE D, VERGARA C, RINCON M, ROMERO RE, NAVARRETE M, CARDENAS M, ORTEGA J, SUAREZ D, CIFUENTES A, SALAS A, CARRACEDO A (2003). Analysis of the CODIS Autosomal STR Loci in Four Main Colombian Regions. *Forensic Sci Int*. **137(1)**:67-73.
- PARK H, RA EK, PARK SS, SEONG MW (2012). Detection of Very Large Off-ladder Alleles at the PentaE Locus in a 15 Locus Autosomal STR Database of 199 Korean Individuals. *Forensic Sci Int Genet*. **6(6)**:e189-91.
- PARK JH, HONG SB, KIM JY, CHONG Y, HAN S, JEON CH, AHN HJ (2013). Genetic Variation of 23 Autosomal STR Loci in Korean Population. *Forensic Sci Int Genet*. **7(3)**:e76-7.
- PARK MJ, LEE HY, YOO JE, CHUNG U, LEE SY, SHIN KJ (2005). Forensic Evaluation and Haplotypes of 19 Y-Chromosomal STR Loci in Koreans. *Forensic Sci Int*. **152(2-3)**:133-47.
- PARK SW, HWANG CH, CHO EM, PARK JH, CHOI BO, CHUNG KW (2009). Development of a Y-STR 12-plex PCR System and Haplotype Analysis in a Korean Population. *J Genet*. **88(3)**:353-8.
- PARKIN EJ, KRAAYENBRINK T, OPGENORT JR, VAN DRIEM GL, TULADHAR NM, DE KNIJFF P, JOBLING MA (2007). Diversity of 26-Locus Y-STR Haplotypes in a Nepalese Population Sample: Isolation and Drift in the Himalayas. *Forensic Sci Int*. **166(2-3)**:176-81.
- PARKIN EJ, KRAAYENBRINK T, VAN DRIEM GL, TSHERING OF GASELO K, DE KNIJFF P, JOBLING MA (2006). 26-Locus Y-STR Typing in a Bhutanese Population Sample. *Forensic Sci Int*. **161(1)**:1-7.
- PARYS-PROSZEK A, KUPIEC T, WOLANSKA-NOWAK P, BRANICKI W (2010). Genetic Variation of 15 Autosomal STR Loci in a Population Sample from Poland. *Leg Med (Tokyo)*. **12(5)**:246-8.
- PELOSO G, GRIGNANI P, PREVIDERE C (2004). Allele Distribution of Five X-Chromosome STR Loci in an Italian Population Sample. *International Congress Series*. **1261**:260-262.
- PENA JA, GARCIA-OBREGON S, PEREZ-MIRANDA AM, DE PANCORBO MM, ALFONSO-SANCHEZ MA (2006). Gene Flow in the Iberian Peninsula Determined from Y-Chromosome STR Loci. *Am J Hum Biol*. **18(4)**:532-9.
- PENG HB, RAJAB NSA, GIN OK, ALWI Z (2008). Y-chromosomal STR Variation in Malays of Kelantan and Minang. *Pertanika J Trop Agric Sci*. **31(1)**:135-140.
- PEPINSKI W, NIEMCUNOWICZ-JANICA A, SKAWRONSKA M, KOC-ZORAWSKA E, JANICA J, SOLTYSZEWSKI I (2004). Y-chromosome STR Haplotypes in a

- Population Sample of the Byelorussian Minority Living in the Northeastern Poland. *Forensic Sci Int.* **140(1)**:117-21.
- PEPINSKI W, SKAWRONSKA M, NIEMCUNOWICZ-JANICA A, KOC-ZORAWSKA E, JANICA J, SOLTYSZEWSKI I (2005). Polymorphism of Four X-Chromosomal STRs in a Polish Population Sample. *Forensic Sci Int.* **151(1)**:93-5.
- PEREIRA R, GOMES I, AMORIM A, GUSMAO L (2007). Genetic Diversity of 10 X Chromosome STRs in Northern Portugal. *Int J Legal Med.* **121(3)**:192-7.
- PÉREZ-LEZAUN A, CALAFELL F, SEIELSTAD M, MATEU E, COMAS D, BOSCH E, BERTRANPETIT J (1997). Population Genetics of Y-chromosome Short Tandem Repeats in Humans. *Journal of Molecular Evolution.* **45(3)**: 265-270.
- PEREZ-MIRANDA AM, HERRERA RJ (2005). Genetic Data on 13 STR Loci in the Andalusian (South Spain) Population. *Leg Med (Tokyo).* **7(3)**:201-3.
- PERIĆ M, KLARIĆ IM, LAUC LB, JANIĆIJEVIĆ B, DORDEVIĆ D, EFREMOVSKA L, RUDAN P. (2005). Population Genetics of 8 Y Chromosome STR Loci in Macedonians and Macedonian Romani (Gypsy). *Forensic Sci Int.* **154(2-3)**: 257-61.
- PESTONI C, CAL ML, LAREU MV, RODRÍGUEZ-CALVO MS, CARRACEDO A (1998). Y Chromosome STR Haplotypes: Genetic and Sequencing Data of the Galician Population (NW Spain). *Int J Legal Med.* **112(1)**: 15-21.
- PIATEK J, JACEWICZ R, OSSOWSKI A, PARAFINIUK M, BERENT J (2008). Population Genetics of 15 Autosomal STR Loci in the Population of Pomerze Zachodnie (NW Poland). *Forensic Sci Int Genet.* **2(3)**:e41-3.
- PICO A, CASTILLO A, VARGAS C, AMORIM A, GUSMAO L (2008). Genetic Profile Characterization and Segregation Analysis of 10 X-STRs in a Sample from Santander, Colombia. *Int J Legal Med.* **122(4)**:347-51.
- PLOSKI R, WOZNIAK M, PAWLOWSKI R, MONIES DM, BRANICKI W, KUPIEC T, KLOOSTERMAN A, DOBOSZ T, BOSCH E, NOWAK M, LESSIG R, JOBLING MA, ROEWER L, KAYSER M. (2002). Homogeneity and Distinctiveness of Polish Paternal Lineages Revealed by Y Chromosome Microsatellite Haplotype Analysis. *Hum Genet.* **110(6)**: 592-600.
- POETSCH M, PETERSMANN H, REPENNING A, LIGNITZ E (2005). Development of Two Pentaplex Systems With X-Chromosomal STR Loci and Their Allele Frequencies in a Northeast German Population. *Forensic Sci Int.* **155(1)**:71-6.
- PONTES ML, CAINÉ L, ABRANTES D, LIMA G, PINHEIRO MF (2007). Allele Frequencies and Population Data for 17 Y-STR Loci (AmpFISTR Y-Filer) in a Northern Portuguese Population Sample. *Forensic Sci Int.* **170(1)**: 62-7.
- PROJIC P, SKARO V, SAMIJA I, POJSKIC N, DURMIC-PASIC A, KOVACEVIC L, BAKAL N, PRIMORAC D, MARJANOVIC D (2007). Allele Frequencies for 15 Short Tandem Repeat Loci in Representative Sample of Croatian Population. *Croat Med J.* **48(4)**:473-477.

- PROMEGA CORPORATION (2015). GenePrint STR Systems (Silver Stain Detection) Technical Manual. Erişim Adresi: [<https://www.promega.com/-/media/files/resources/protocols/technical-manuals/101/geneprint-str-systems-protocol.pdf>]. Erişim Tarihi: 17/03/2015.
- PROMEGA CORPORATION (2016). PowerPlex 16 System Technical Manual. Erişim Adresi: [<https://www.promega.com/-/media/files/resources/protocols/technical-manuals/101/powerplex-16-system-protocol.pdf>]. Erişim Tarihi: 17/12/2016
- PROMEGA CORPORATION (2017). PowerPlex Y23 System for Use on the Applied Biosystems Genetic Analyzers. Erişim Adresi: [<https://www.promega.com/-/media/files/resources/protocols/technical-manuals/101/powerplex-y23-system-protocol.pdf?la=en>]. Erişim Tarihi: 01/11/2017.
- QINGBO L, SHENGBIN L (2006). Patterns of Genetic Polymorphism at the 10 X-Chromosome STR Loci in Mongol Population. *Forensic Science International*. **158(1)**:76-79.
- QIU-HONG W, HUA W, TSUTOMU F, SHENG-GUO F (2004). Which Genetic Marker for Which Conservation Genetics Issue?. *Electrophoresis* **25**:2165-2176
- QUINTANA-MURCI L, BIGHAM A, ROUBA H, BARAKAT A, MCELREAVEY K, HAMMER M (2004). Y-Chromosomal STR Haplotypes in Berber and Arabic-Speaking Populations from Morocco. *Forensic Sci Int*. **140(1)**:113-5.
- RAKHA A, YU B, HADI S, SHENG-BIN L (2009). Population Genetic Data on 15 Autosomal STRs in a Pakistani Population Sample. *Leg Med (Tokyo)*. **11(6)**:305-7.
- RAMEL C (1997). Mini- and Microsatellites. *Environmental Health Perspectives* **105(Suppl 4)**:781-789.
- RANGEL-VILLALOBOS H, JALOMA-CRUZ AR, SANDOVAL-RAMÍREZ L, VELARDE-FÉLIX JS, GALLEGOS-ARREOLA MP, FIGUERA LE (2001). Y-Chromosome Haplotypes for Six Short Tandem Repeats (STRs) in a Mexican Population. *Arch Med Res*. **32(3)**:232-237.
- REBALA K, WYSOCKA J, KAPINSKA E, CYBULSKA L, MIKULICH AI, TSYBOVSKY IS, SZCZERKOWSKA Z (2007). Belarusian Population Genetic Database for 15 Autosomal STR Loci. *Forensic Science International* **173(2-3)**:235-237.
- REGUEIRO M, CARRIL JC, PONTES ML, PINHEIRO MF, LUIS JR, CAEIRO B. Allele Distribution of 15 PCR-Based Loci in the Rwanda Tutsi Population by Multiplex Amplification and Capillary Electrophoresis. *Forensic Sci Int*. **143(1)**:61-3.
- REICHERT M, PAWLOWSKI R (2009). Population Genetics of Six MiniSTR Loci (D1S1677, D2S441, D4S2364, D10S1248, D14S1434, D22S1045) in a Polish Population. *Leg Med (Tokyo)*. **11(3)**:147-8.
- RERKAMNUAYCHOKE B, RINTHACHAI T, SHOTIVARANON J, JOMSAWAT U, SIRIBOONPIPUTTANA T, CHAIATCHANARAT K, PASOMSUB E, CHANTRATITA W (2006). Thai Population Data on 15 Tetrameric STR Loci-D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539,

D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818 and FGA. *Forensic Sci Int.* **158(2-3)**:234-7.

REY M, GUTIERREZ A, SCHROEDER B, USAQUEN W, CARRACEDO A, BUSTOS I, GIRALDO A (2003). Allele Frequencies for 13 STR's from Two Colombian Populations: Bogota and Boyaca. *Forensic Sci Int.* **136(1-3)**:83-5.

RIBEIRO RODRIGUES EM, LEITE FP, HUTZ MH, PALHA TDE J, RIBEIRO DOS SANTOS AK, DOS SANTOS SE (2008). A Multiplex PCR for 11 X Chromosome STR Markers and Population Data from a Brazilian Amazon Region. *Forensic Sci Int Genet.* **2(2)**:154-8.

ROBINO C, GIOLITTI A, GINO S, TORRE C (2006). Development of Two Multiplex PCR Systems for the Analysis of 12 X-Chromosomal STR Loci in a Northwestern Italian Population Sample. *Int J Legal Med.* **120(5)**:315-8.

ROBINO C, VARACALLI S, GINO S, CHATZIKYRIAKIDOU A, KOUVATSI A, TRIANTAPHYLIDIS C, DI GAETANO C, CROBU F, MATULLO G, PIAZZA A, TORRE C (2004). Y-chromosomal STR Haplotypes in a Population Sample From Continental Greece and the Islands of Crete and Chios. *Forensic Sci Int.* **145(1)**:61-4.

ROBLEDO R, PIRAS I, BEGGS W, CALO C (2009). Analysis of 31 STR Loci in the Genetic Isolate of Carloforte (Sardinia, Italy). *Genet Mol Biol.* **32(3)**:462-465.

ROCABADO O, TABOADA P, INDA FJ, YURREBASO I, GARCIA O (2009). Population Genetic Data for 15 STR Loci (Identifiler Kit) in Bolivia. *Leg Med (Tokyo).* **11(6)**:302-4.

RODIG H, GRUM M, GRIMMECKE HD (2007). Population Study and Evaluation of 20 Y-Chromosome STR Loci in Germans. *Int J Legal Med.* **121(1)**:24-7.

RODRIGUES EMR, PALHA TDJBF, SANTOS SEBD (2007). Allele Frequencies Data and Statistic Parameters for 13 STR Loci in a Population of the Brazilian Amazon Region. *Forensic Science International.* **168(2-3)**:244-247.

RODRIGUEZ A, ARRIETA G, SANOU I, VARGAS MC, GARCIA O, YURREBASO I, PEREZ JA, VILLALTA M, ESPINOZA M (2007). Population Genetic Data for 18 STR Loci in Costa Rica. *Forensic Sci Int.* **168(1)**:85-8.

ROEWER L (2009). Y Chromosome STR Typing in Crime Casework. *Forensic Sci Med Pathol.* **5**:77-84.

ROEWER L, KRÜGER C, WILLUWEIT S, NAGY M, RODIG H, KOKSHUNOVA L, ROTHÄMEL T, KRAVCHENKO S, JOBLING MA, STONEKING M, NASIDZE I (2007). Y-chromosomal STR Haplotypes in Kalmyk Population Samples. *Forensic Sci Int.* **173(2-3)**:204-9.

ROEWER L, WILLUWEIT S, KRÜGER C, NAGY M, RYCHKOV S, MOROZOWA I, NAUMOVA O, SCHNEIDER Y, ZHUKOVA O, STONEKING M, NASIDZE I (2008). Analysis of Y Chromosome STR Haplotypes in the European part of Russia

Reveals High Diversities but Non-Significant Genetic Distances Between Populations. *Int J Legal Med.* **122(3)**: 219-23.

ROMERO RE, BRICEÑO I, DEL PILARLIZARAZO R, WILLUWEIT S, ROEWER L, GÓMEZ A (2008). A Colombian Caribbean Population Study of 16 Y-chromosome STR Loci. *Forensic Science International: Genetics.* **2(2)**: e5-e8.

ROSA A, ORNELAS C, BREHM A, VILLEMS R (2006). Population Data on 11 Y-Chromosome STRs from Guine-Bissau. *Forensic Sci Int.* **157(2-3)**:210-7.

ROSSI E, ROLF B, SCHÜRENKAMP M, BRINKMANN B (1998). Y-Chromosome STR Haplotypes in an Italian Population Sample. *Int J Legal Med.* **112(1)**:78-81.

ROY S, EAASWARKHANTH M, DUBEY B, HAQUE I (2008). Autosomal STR Variations in Three Endogamous Populations of West Bengal, India. *Legal Medicine* **10(6)**:326-332.

RUBI-CASTELLANOS R, ANAYA-PALAFIX M, MENA-ROJAS E, BAUTISTA-ESPANA D, MUNOZ-VALLE JF, RANGEL-VILLABOS H (2009). Genetic Data of 15 Autosomal STRs (Identifiler Kit) of Three Mexican Mestizo Population Samples from the States of Jalisco (West), Puebla (Center), and Yucatan (Southeast). *Forensic Sci Int Genet.* **3(3)**:e71-6.

RUITBERG CM, REEDER DJ, BUTLER JM (2001). STRBase: a Short Tandem Repeat DNA Database for the Human Identity Testing Community. *Nucleic Acids Research* **29(1)**:320-322.

RUSTAMOV A, GÜMÜŞ G, KARABULUT HG, ELHAN AH, KADIKIRAN A, BÖKESÖY I (2004). Y-STR Polymorphism in Central Anatolian Region of Turkey. *Forensic Sci Int.* **139(2-3)**:227-30.

RÜSTEMOĞLU A (2014). Genom Organizasyonu ve STR Analizleri. Erişim Adresi: [[http://www.bingol.edu.tr/documents/kongre\\_bildiri\\_kitapcigi.pdf](http://www.bingol.edu.tr/documents/kongre_bildiri_kitapcigi.pdf)]. Erişim Tarihi: 23/12/2015.

SACCHETTI L, CALCAGNO G, COTO I, TINTO N, VUTTARIELLO E, SALVATORE F (1999). Efficiency of Two Different Nine-Loci Short Tandem Repeat Systems for DNA Typing Purposes. *Clinical Chemistry* **45**:2 178-183.

SAHOO S, KASHYAP VK (2002). Genetic Variation at 15 Autosomal Microsatellite Loci in the Three Highly Endogamous Tribal Populations of Orissa, India. *Forensic Sci Int.* **130(2-3)**:189-93.

SALAZAR-FLORES J, ZUNIGA-CHIQUETTE F, RUBI-CASTELLANOS R, ALVAREZ-MIRANDA JL, ZETINA-HERNANDEZ A, MARTINEZ-SEVILLA VM, GONZALEZ-ANDRADE F, CORACH D, VULLO C, ALVAREZ JC, LORENTE JA, SANCHEZ-DIZ P, HERRERA RJ, CERDA-FLORES RM, MUNOZ-VALLE JF, RANGEL-VILLALOBOS H (2015). Admixture and Genetic Relationships of Mexican Mestizos Regarding Latin American and Caribbean Populations Based on 13 CODIS-STRs. *Homo.* **66(1)**:44-59.

SAMPLE & ASSAY TECHNOLOGIES (2013). Investigator Argus X-12 Handbook. Erişim Adresi:

[<https://www.google.com.tr/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=1&cad=rja&uact=8&ved=0ahUKEwjymNbhs4zYAhUTkRQKHUR2DHIQFggsMAA&url=http%3A%2F%2Fwww.qiagen.com%2Fus%2Fresources%2Fdownload.aspx%3Fid%3D5e39e292-638d-4e03-9bf9-142c80106466%26lang%3Den&usg=AOvVaw1Np4cFirue3w9gyUY5H9Oy>].  
Erişim Tarihi: 18/08/2017.

- SÁNCHEZ C, BARROT C, XIFRÓ A, ORTEGA M, DE ARANDA IG, HUGUET E, CORBELLA J, GENÉ M (2007). Haplotypes Frequencies of 16 Y-chromosome STR Loci in the Barcelona Metropolitan Area Population Using Y-Filer Kit. *Forensic Sci Int.* **172(2-3)**: 211-7.
- SAO-BENTO M, CARVALHO M, ANDRADE L, LOPES V, SERRA A, GAMERO JJ, CORTE-REAL F, VIDE MC, ANJOS MJ (2008). STR Data for the 15 AmpFISTR Identifiler Loci in the Brazilian Population of Sao Paulo State. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series.* **1(1)**:367-369.
- SCHMIDD, ANSLINGER K, ROLF B (2005). Allele Frequencies of the ACTBP2 (=SE33), D18S51, D8S1132, D12S391, D2S1360, D3S1744, D5S2500, D7S1517, D10S2325 and D21S2055 loci in a German Population Sample. *Forensic Sci Int.* **151(2-3)**:303-5.
- SCHMIDT U, MEIER N, LUTZ S (2003). Y-Chromosomal STR Haplotypes in a Population Sample from Southwest Germany (Freiburg Area). *Int J Legal Med.* **117(4)**:211-7.
- SCHOSKE R, VALLONE PM, KLINE MC, REDMAN JW, BUTLER JM (2004). High-throughput Y-STR Typing of U.S. Populations With 27 Regions of the Y Chromosome Using Two Multiplex PCR Assays. *Forensic Sci Int.* **139(2-3)**: 107-21.
- SCHWENGBER SP, KOMMERS T, MATTE CH, RAIMANN PE, CARVALHO BA, LEITE FP, MEDEIROS MA, SOUZA LF, CASTRO CS, CHASSOT FG, BONATTO SL (2009). Population Data of 17 Y-STR Loci From Rio Grande do Sul State (South Brazil). *Forensic Sci Int Genet.* **4(1)**: e31-3.
- SECURIGENE (2016). Autosomal DNA profiling. Erişim Adresi: [<https://www.securigene.com/dna-testing/autosomal-dna-profiling/>]. Erişim Tarihi: 28/06/2016.
- SEONG KM, YOO SY, HWANG JH, KIM SH, CHUNG KW, CHO NS (2011). Population Genetic Polymorphisms of 17 Y-Chromosomal STR loci in South Koreans. *Forensic Sci Int Genet.* **5(5)**:e122-3.
- SERİN A, CANAN H, ALPER B, SERTDEMİR Y (2011). Haplotype Frequencies of 17 Y-Chromosomal Short Tandem Repeat Loci from the Çukurova Region of Turkey. *Croat Med J.* **52(6)**:703-708.
- SHEN CM, WANG HD, LIU WJ, FAN SL, YANG G, QIN HX, XIE T, LI SB, YAN JW, ZHU BF (2013). Allelic Polymorphic Investigation of 21 Autosomal Short Tandem Repeat Loci in a Chinese Bai Ethnic Group. *Leg Med (Tokyo).* **15(2)**:109-13.
- SHEPARD EM, HERRERA RJ (2006). Iranian STR Variation at the Fringes of Biogeographical Demarcation. *Forensic Sci Int.* **158(2-3)**:140-8.

- SHEWALE JG (2003). Y-Short Tandem Repeat Multiplex Systems - Y-PLEX™ 6 and Y-PLEX™ 5. Erişim Adresi: [<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26256728>]. Erişim Tarihi: 07/03/2017. *Forensic Sci Rev.* **15(2)**:115-35.
- SHEWALE JG, NASIR H, SCHNEIDA E, GROSS AM, BUDOWLE B, Sinha SK (2004). Y-Chromosome STR System, Y-PLEXTM 12, for Forensic Casework: Development and Validation *J Forensic Sci.* **49(6)**:1278-90.
- SHI M, BAIR, WAN L, YU X, CHANGL L (2008). Population Genetics for Y-Chromosomal STRs Haplotypes of Chinese Tujia Ethnic Group. *Forensic Science International: Genetics* **2(4)**:e65-e68.
- SHI M, LIU Y, ZHANG J, BAI R, LV X, MA S (2015). Analysis of 24 Y Chromosomal STR Haplotypes in a Chinese Han Population Sample from Henan Province, Central China. *Forensic Sci Int Genet.* **17**:83-86.
- SHIMADA I, BRINKMANN B, TUYEN NQ, HOHOFF C (2002). Allele Frequency Data for 16 STR Loci in the Vietnamese Population. *Int J Legal Med.* **116(4)**:246-8.
- SHIMADA I, RAND S, BRINKMANN B, HOHOFF C (2002). Kurdish Population Data for 11 STR Loci (ACTBP2, CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, vWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D13S317 and D21S11). *Int J Legal Med.* **116(5)**:301-3.
- SHIN KJ, KWON BK, LEE SS, YOO JE, PARK MJ, CHUNG U, LEE HY, HAN GR, CHOI JH, KIM CY (2004). Five Highly Informative X-Chromosomal STRs in Koreans. *Int J Legal Med.* **118(1)**:37-40.
- SHIN SH, YU JS, PARK SW, MIN GS, CHUNG KW (2005). Genetic Analysis of 18 X-Linked Short Tandem Repeat Markers in Korean Population. *Forensic Sci Int.* **147(1)**:35-41.
- SHRIVASTAVA P, JAIN T, GUPTA U, TRIVEDI VB (2015). Genetic Polymorphism Study on 12 X-STR Loci of Investigator Argus X STR Kit in Bhil Tribal Population of Madhya Pradesh, India. *Leg Med (Tokyo).* **17(3)**:214-7.
- SHRIVASTAVA P, JAIN T, GUPTA U, TRIVEDI VB (2016). Genetic Variation at 15 Autosomal STR Loci in Bhil Tribal Population of Central India. *Ann Hum Biol.* **43(1)**:81-4.
- SHRIVASTAVA P, JAIN T, TRIVEDI VB (2015). Genetic Polymorphism Study at 15 Autosomal Locus in Central Indian Population. *Shrivastava et al. SpringerPlus* **4**:566.
- SILVA BC, DE VARGAS WE, DA COSTA AVR, MALTA FS, DE CASTRO AM, DE SOUZA FAC, DE PAULA F, LOURO ID (2011). Genetic Diversity and Statistical Parameters of 15 Autosomal STR Loci in the Pomeranian Subpopulation of Espirito Santo State, Brazil. *Mol Biol Rep.* **38(5)**:3013-6.
- SILVA DA, CROUSE CA, CHAKRABORTY R, GOES AC, CARVALHO EF (2004). Statistical Analyses of 14 Short Tandem Repeat Loci in Brazilian Populations from Rio De Janeiro and Mato Grosso Do Sul States for Forensic and Identity Testing Purposes. *Forensic Sci Int.* **139(2-3)**:173-6.

- SILVA R, MOURA-NETO RS (2004). Genetic Diversity and Admixture Data on 11 STRs (F13B, TPOX, CSF1PO, F13A01, D7S820, LPL, TH01, vWA, D13S317, FESFPS, and D16S539) in a Sample of Rio De Janeiro European-Descendants Population, Brazil. *Forensic Sci Int.* **142(1)**:51-3.
- SIM JE, LEE HY, YANG WI, SHIN KJ (2010). Population Genetic Study of Four Closely-Linked X-STR Trios in Koreans. *Mol Biol Rep.* **37(1)**:333-7.
- SINGH A, TRIVEDI R, KASHYAP VK (2006). Genetic Polymorphism at 15 Tetrameric Short Tandem Repeat Loci in Four Aboriginal Tribal Populations of Bengal. *J Forensic Sci.* **51(1)**:183-7.
- SOARES-VIEIRA JA, BILLERBECK AEC, IWAMURA SM, MENDONCA BB, GUSMÃO L, OTTO PA (2008). Population and mutation analysis of Y-STR loci in a sample from the city of São Paulo (Brazil). *Genet. Mol. Biol.* **31(3)**: 651-656.
- SOLTYSZEWSKI I, PEPINSKI W, SPOLNICKA M, KARTASINSKA E, KONARZEWSKA M, JANICA J (2007). Y-Chromosomal Haplotypes for the AmpFISTR Y Filer PCR Amplification Kit in a Population Sample from Central Poland. *Forensic Science International.* **168(1)**: 61-67.
- SOLTYSZEWSKI I, PLOCIENNICZAK A, FABRICIUS HA, KORNIENKO I, VODOLAZHISKY D, PARSON W, HRADIL R, SCHMITTER H, IVANOV P, KUZNIAR P, MALYARCHUK BA, GRZYBOWSKI T, WOŹNIAK M, HENKE J, HENKE L, OLKHOVETS S, VOITENKO V, LAGUŠ V, FICEK A, MINÁRIK G, DE KNIJFF P, REBAŁA K, WYSOCKA J, KAPIŃSKA E, CYBULSKA L, MIKULICH AI, TSYBOVSKY IS, SZCZERKOWSKA Z, KRAJEWSKI P, PLOSKI R (2008). Analysis of forensically used autosomal short tandem repeat markers in Polish and neighboring populations. *Forensic Sci Int Genet.* **2(3)**:205-11.
- SOTAK M, PETREJCIKOVA E, BERNASOVSKA J, BERNASOVSKY I, SOVICOVA A, BORONOVA I, SVICKOVA P, BOZIKOVA A, GABRIKOVA D (2008). Genetic Variation Analysis of 15 Autosomal STR loci in Eastern Slovak Caucasian and Romany (Gypsy) Population. *Forensic Sci Int Genet.* **3(1)**:e21-5.
- SOUTO L, ALVES C, GUSMAO L, FERREIRA E, AMORIM A, CORE-REAL F, VIEIRA DN (2005). Population Data on 15 Autosomal STRs in a Sample from East Timor. *Forensic Sci Int.* **155(1)**:77-80.
- SOUTO L, GUSMAO L, FERREIRA E, AMORIM A, CORTE-REAL F, VIEIRA DN (2006). Y-Chromosome STR Haplotypes in East Timor: Forensic Evaluation and Population Data. *Forensic Sci Int.* **156(2-3)**:261-5.
- STANCIU F, STOIAN IM, POPESCU OR (2009a). Comprehensive STR Data for the AmpFISTR Identifiler from Transylvania (NW Romania). *Leg Med (Tokyo).* **11(1)**:48-50.
- STANCIU F, STOIAN IM, POPESCU OR (2009b). Population Data for 15 Short Tandem Repeat Loci from Wallachia Region, South Romania. *Croat Med J.* **50(3)**:321-5.
- STEPANOV VA, MELNIKOV AV, LASH-ZAVADA AY, KHARKOV VN, BORINSKAYA SA, TYAZHELOVA TV, ZHUKOVA OV, SCHNEIDER YV, SHILNIKOVA IN, PUZYREV VP, RYBAKOVA AA, YANKOVSKY NK (2010).

- Genetic Variability of 15 Autosomal STR Loci in Russian Populations. *Leg Med (Tokyo)*. **12(5)**:256-8.
- STEPHAN W, CHO S (1994). Possible Role of Natural Selection in the Formation of Tandem-Repetitive Noncoding DNA. *Genetics* **136**:333-341.
- STERLINKO H, PAJNIC IZ, BALAZIC J, KOMEL R (2001). Human Y-specific STR Haplotypes in a Slovenian Population Sample. *Forensic Sci Int*. **120(3)**:226-8.
- SUN K, ZHAO S, TIAN H, ZHANG S, LI C (2013). Development of the 16 X-STR Loci Typing System and Genetic Analysis in a Shanghai Han Population from China. *Electrophoresis* **34(20-21)**:3008-15.
- SUNNUCKS P (2000). Efficient Genetic Markers for Population Biology. *Trends Ecol Evol*. **15(5)**:199-203.
- SZCZERKOWSKA Z, KAPINSKA E, WYSOCKA J, CYBULSKA L (2004). Northern Polish Population Data and Forensic Usefulness of 15 Autosomal STR Loci. *Forensic Sci Int*. **144(1)**:69-71.
- SZIBOR R (2007). X-chromosomal markers: Past, present and future. *Forensic Science International: Genetics* **1**:93-99.
- SZIBOR R, KRAWEZAK M, HERING S, EDELMANN J, KUHLISCH E, KRAUSE D (2003). Use of X-Linked Markers for Forensic Purposes. *Int J Legal Med* **117**:67-74
- TANG JP, HOU YP, LI YB, WU J, ZHANG J, ZHANG HJ (2003). Characterization of Eight Y-STR Loci and Haplotypes in a Chinese Han Population. *International Journal of Legal Medicine*. **117(5)**:263-270.
- TANG JS, WONG HY, SYN CK, TAN-SIEW WF, CHOW ST, BUDOWLE B (2006). Population Study of 11 Y-Chromosomal STR Loci in Singapore Chinese. *Forensic Sci Int*. **158(1)**:65-71.
- TARIQ MA, ULLAH O, RIAZUDDIN SA, RIAZUDDIN S (2008). Allele Frequency Distribution of 13 X-Chromosomal STR Loci in Pakistani Population. *Int J Legal Med*. **122(6)**:525-8.
- TARLYKOV PV, ZHOLDYBAYEVA EV, AKILZHANOVA AR, NURKINA ZM, SABITOV ZM, RAKHYPBEKOV TK, RAMANCULOV EM (2013). Mitochondrial and Y-Chromosomal Profile of the Kazakh Population from East Kazakhstan. *Croat Med J*. **54(1)**:17-24.
- TAVARES CC, GUSMAO L, DOMINGUES C, DOMINGUES P, SILVA DA, AQUINO J, PEIXE C, AMORIM A, DE CARVALHO EF (2008). Population Data for Six X-Chromosome STR Loci in a Rio de Janeiro (Brazil) Sample: Usefulness in Forensic Casework. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*. **1(1)**:164-166.
- TAYEBI K, ABADA F, IHZMAD H, AMZAZI S (2014). Genetic Ancestry of a Moroccan Population as inferred from Autosomal STRs. *Meta Gene* **2**:427-438.

- TENAGLIA M, SCOLLO A, TRIPALDI R, GRAPPIOLO I, PERICHON AM (2004). Genetic Data on Nine STRs (CSF1PO, TPOX, TH01, F13A01, FESFPS, vWA, D16S539, D7S820 and D13S317) and Two VNTRs (D1S80 and D17S5) in Rosario Population, Santa Fe Argentine. *Forensic Science International*. **141(2-3)**:185-187.
- TENG Y, ZHANG FX, SHEN CM, WANG F, WANG HD, YAN JW, LIU JL (2012). Genetic Variation of New 21 Autosomal Short Tandem Repeat Loci in a Chinese Salar Ethnic Group. *Mol Biol Rep*. **39(2)**:1465-70.
- TERALI K, ZORLU T, BULBUL O, GURKAN C (2014). Population Genetics of 17 Y-STR Markers in Turkish Cypriots from Cyprus. *Forensic Sci Int Genet*. **10**:e1-3.
- THANGARAJ K, CHAUBEY G, REDDY AG, SINGH VK, SINGH L (2007). Autosomal STR Data on the Enigmatic Andaman Islanders. *Forensic Science International* **169(2-3)**:247-251.
- THANGARAJ K, CHAUBEY G, SINGH VK, REDDY AG; PAVATE PP, SINGH L (2006). Genetic Profile of Nine Autosomal STR Loci Among Halakki and Kunabhi Populations of Karnataka, India. *J Forensic Sci*. **51(1)**:190-2.
- THIELE K, LÖFFLER S, LÖFFLER J, GÜNTNER F, NITSCHKE K, EDELMANN J, LESSIG R (2008). Population Data of Eight X-Chromosomal STR Markers in Ewe Individuals from Ghana. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*. **1(1)**:167-169.
- TIE J, WANG X, SUZUKI Y, TSUKAMOTO S, OSHIDO S (2004). Polymorphisms of Six Y-Chromosome STRs in a Chinese Population. *Leg Med (Tokyo)*. **6(1)**:41-6.
- TILLMAR A (2010). Populations and Statistics in Forensic Genetics. Erişim Adresi: [<http://liu.diva-portal.org/smash/get/diva2:309703/FULLTEXT01.pdf>]. Erişim Tarihi: 27/05/2016.
- TILLMAR AO, MOSTAD P, EGELAND T, LINDBLUM B, HOLMLUND G, MONTELIUS K (2008). Analysis of Linkage and Linkage Disequilibrium for Eight X-STR Markers. *Forensic Sci Int Genet*. **3(1)**:37-41.
- TOKDEMİR M, TUNÇEZ FT (2017). Genetic Polymorphisms of 17 Y-STR Loci in Eastern Turkey Population. *Gene Reports*. **6**:15-18.
- TOKDEMİR M, TUNÇEZ FT, VİCDANLI NH (2016). Population Genetic Data for 15 Autosomal STR Markers in Eastern Turkey. *Gene*. **586(1)**:36-40.
- TONG D, CHEN Y, OU X, CHEN W, LIU S, ZHANG Y, SUN H (2013). Polymorphism Analysis and Evaluation of 19 STR Loci in the Han Population of Southern China. *Ann Hum Biol*. **40(2)**:191-6.
- TORFANELLI S, BOSCHI I, BERTONERI S, COIA V, TAGLIOLI L, FRANCESCHI MG, DESTRO-BISOL G, PASCALI V, PAOLI G (2003). Variation at 16 STR Loci in Rwandans (Hutu) and Implications on Profile Frequency Estimation in Bantu-Speakers. *Int J Legal Med*. **117(2)**:121-6.
- TOSCANINI U, GUSMAO L, BERARDI G, AMORIM A, CARRACEDO A, SALAS A, RAIMONDI E (2008). Y chromosome Microsatellite Genetic Variation in Two

- Native American Populations From Argentina: Population Stratification and Mutation Data. *Forensic Science International: Genetics*. **2(4)**: 274-280.
- TOSCANINI U, GUSMAO L, BERARDI G, RAIMONDI E (2009). Genetic Data of 10 X-STR in Two Native American Populations of Argentina. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*. **2**:405-406.
- TRIKI-FENDRI S, ALFADHLI S, AYADI I, KHARRAT N, AYADI H, REBAI A (2010). Genetic Structure of Kuwaiti Population Revealed by Y-STR Diversity. *Ann Hum Biol*. **37(6)**:827-35.
- TRIKI-FENDRI S, SANCHEZ-DIZ P, REY-GONZALEZ D, AYADI I, ALFADHLI S, REBAI A, CARRACEDO (2013). Population Genetics of 17 Y-STR Markers in West Libya (Tripoli Region). *Forensic Sci Int Genet*. **7(3)**:e59-61.
- TROVOADA MJ, ALVES C, GUSMAO L, ABADE A, AMORIM A, PRATA MJ (2001). Evidence for Population Sub-Structuring in Sao Tome e Principe as Inferred from Y-Chromosome STR Analysis. *Ann Hum Genet*. **65(Pt 3)**:271-83.
- TSAI LC, YUEN TY, HSIEH HM, LIN M, TZENG CH, HUANG NE, LINACRE A, LEE JC (2002). Haplotype Frequencies of Nine Y-Chromosome STR Loci in the Taiwanese Han Population. *Int J Legal Med*. **116(3)**:179-83.
- TUĞ A, ERKOL Z, ÇETİNYÜREK A, DOĞAN ALAKOÇ Y, ELMA C, BÜKEN B, ERKOL H (2010). Allele Distribution Data for 16 Short Tandem Repeat Loci in Bolu. *Turk J Med Sci*. **40(4)**:659-664.
- TURRINA S, ATZEIR, DE LEO D. (2006). Y-chromosomal STR Haplotypes in a Northeast Italian Population Sample Using 17plex Loci PCR Assay. *Int J Legal Med*. **120(1)**: 56-9.
- TURRINA S, CARATTI S, FERRIAN M, DE LEO D (2015). Haplotype Data and Mutation Rates for the 23 Y-STR Loci of PowerPlex Y 23 System in a Northeast Italian Population Sample. *Int J Legal Med*. **129(4)**: 725-8.
- TURRINA S, FERRIAN M, CARATTI S, DE LEO D (2014). Evaluation of Genetic Parameters of 22 Autosomal STR Loci (PowerPlex Fusion System) in a Population Sample from Northern Italy. *Int J Legal Med*. **128(2)**:281-3.
- U.S. NATIONAL LIBRARY OF MEDICINE (2017). Help me understand Cells and DNA. Erişim Adresi: [<https://ghr.nlm.nih.gov/primer/basics/gene>]. Erişim Tarihi: 13/04/2017.
- U.S. NATIONAL LIBRARY OF MEDICINE (2017). Mitochondrial DNA. Erişim Adresi: [<https://ghr.nlm.nih.gov/mitochondrial-dna>]. Erişim Tarihi: 13/04/2017.
- UCHIHI R, YAMAMOTO T, USUDA K, YOSHIMOTO T, TANAKA M, TOKUNAGA S, KURIHARA R, TOKUNAGA K, KATSUMATA Y (2003). Haplotypes Analysis With 14 Y-STR Loci Using 2 Multiplex Amplification and Typing Systems in 2 Regional Populations in Japan. *Int J Legal Med*. **117(1)**:34-8.

- UGARKOVIC D, PLOHL M (2002). Variation in Satellite DNA Profiles: Causes and Effects. *The EMBO Journal* **21**:5955-5959.
- ULKÜER U, KURTULUŞ-ULKÜER M, ELMA C, KESİCİ T, MENEVŞE S (2004). Short Tandem Repeat (STR) Polymorphisms in Turkish Population. *J Genet.* **83(2)**: 197-9.
- UNIVERSITY OF ARIZONA (2000). What is a Short Tandem Repeat Polymorphism (STR)?.  
Erişim Adresi:  
[[http://www.biology.arizona.edu/human\\_bio/activities/blackett2/str\\_description.html](http://www.biology.arizona.edu/human_bio/activities/blackett2/str_description.html)].Erişim Tarihi.:02/08/2016.
- VALVERDE L, KÖHNEMANN S, ROSIQUE M, CARDOSO S, ZARRABEITIA M, PFEIFFER H, DE PANCORBO MM (2012). 17 Y-STR Haplotype Data for a Population Sample of Residents in the Basque Country. *Forensic Sci Int Genet.* **6(4)**:e109-11.
- VANEK D, HRADIL R, BUDOWLE B (2001). Czech Population Data on 10 Short Tandem Repeat Loci of SGM Plus STR System Kit Using DNA Purified in FTA Cards. *Forensic Sci Int.* **119(1)**:107-8.
- VAQAITSEVA KV, KHARKOV VN, CHERPINSKAYA KV, KHITRINSKAYA IY, STEPANOV VA (2015). Genetic Variability of X-Linked STR Markers in Siberian Populations. *Mol Biol (Mosk).* **49(2)**:305-12.
- VESELINOVIC IS, ZGONJANIN DM, MALETIN MP, STOJKOVIC O, DJURENDIC-BRENESEL M, VUKOVIC RM, TASIC MM (2008). Allele Frequencies and Population Data for 17 Y-chromosome STR loci in a Serbian Population Sample From Vojvodina Province. *Forensic Sci Int.* **176(2-3)**: e23-8.
- VIEIRA TC, GIGONZAC MA, SILVA DM, RODOVALHO RG, SANTOS GS, DA CRUZ AD (2014). Y-STR Haplotype Diversity and Population Data for Central Brazil: Implications for Environmental Forensics and Paternity Testing. *Genet Mol Res.* **13(2)**: 3404-10.
- VIEIRA TC, SILVA DM, GIGONZAC MA, FERREIRA VL, GONÇALVES MW, DA CRUZ AD (2013). Allelic Frequencies and Statistical Data Obtained from 15 STR Loci in a Population of the Goiás State. *Genet Mol Res.* **12(1)**:23-7.
- WANG CW, CHEN DP, CHEN CY, LU SC, SUN CF (2003). STR Data for the AmpFISTR SGM Plus and Profiler Loci from Taiwan. *Forensic Sci Int.* **138(1-3)**:119-22.
- WANG HD, LIAO SX, SHEN CM, LIU WJ, YUAN GL, ZHANG YD, YANG G, YAN JW, QIN HX, XIE T (2013). Allelic diversity distributions of 21 new autosomal short tandem repeat loci in Chinese Ningxia Han population. *Forensic Sci Int Genet.* **7(3)**:e78-9.
- WANG HD, SHEN CM, LIU WJ, ZHANG YD, YANG G, YAN JW, QIN HX, ZHU BF (2013). Allelic Frequency Distributions of 21 Non-Combined DNA Index System STR Loci in a Russian Ethnic Minority Group from Inner Mongolia, China. *J Zhejiang Univ Sci B.* **14(6)**:533-540.

- WANG R, LIU L, ZHAO J, PENG C (2008). Genetic Distribution on 15 STR Loci from a Population of Southern Liaoning in Northeast of China. *Forensic Sci Int Genet.* **2(2)**:e25-6.
- WANG W, JIA H, WANG Q, CAI Z, WEI L, WANG D, BITTLES AH (2003). STR Polymorphisms of Forensic Loci in the Northern Han Chinese Population. *J Hum Genet.* **48(7)**:337-41.
- WANG X, SAWAQUCHI T (2006). Analysis of Y-STR Loci in a Population Sample from Northeast China. *J Forensic Sci.* **51(1)**:195-8.
- WANG X, SAWAQUCHI T, SAWAQUCHI A (2003). Analysis of STR Polymorphisms in the Northeast Chinese Population. *Forensic Sci Int.* **132(2)**:161-3.
- WANG ZY, YU RJ, WANG F, LI XS, JIN TB (2005). Genetic Polymorphisms of 15 STR Loci in Han Population from Shaanxi (NW China). *Forensic Sci Int.* **147(1)**:89-91.
- WEBER-LEHMANN J, SCHILLING E, GRADL G, RICHTER DC, WIEHLER J, ROLF B (2014). Finding the Needle in the Haystack: Differentiating “Identical” Twins in Paternity Testing and Forensics by Ultra-Deep Next Generation Sequencing. *Forensic Science International: Genetics* **9**:42-46.
- WHITTLE MR, ROMANO NL, NEGREIROS VA (2004). Updated Brazilian Genetic Data, Together with Mutation Rates on 19 STR Loci, Including D10S1237. *Forensic Sci Int.* **139(2-3)**:207-10.
- WIEGAN P, BERGER B, EDELMANN J, PARSON W (2003). Population Genetic Comparisons of Three X-Chromosomal STRs. *Int J Legal Med.* **117(1)**:62-5.
- WIEGAND P, KLINTSCHAR M (2002). Population Genetic Data, Comparison of the Repeat Structure and Mutation Events of Two Short STRs. *International Journal of Legal Medicine.* **116(5)**:258-261.
- WOZNIAK M, DERENKO M, MALYARCHUK B, DAMBUEVA I, GRZYBOWSKI T, MISCICKA-SLIWKA D (2006). Allelic and Haplotypic Frequencies at 11 Y-STR Loci Buryats from South-East Siberia. *Forensic Sci Int.* **164(2-3)**:271-5.
- WU FC, HO CW, PU CE, HU KY, WILLWUET S, ROEWER L, LIU DH (2011a). Population Genetics of 17 Y-Chromosomal STR Loci in Yakutia. *Int J Legal Med.* **125(1)**:39-43.
- WU FC, HO CW, PU CE, HU KY, WILLUWEIT S, ROEWER L, LIU DH (2011b). Y-Chromosomal STRs Haplotypes in the Taiwanese Paiwan Population. *Int J Legal Med.* **125(1)**:39-43.
- WU JF, XIA L, LIU YX, ZHANG X, LI C, LI ML (2012). The High Incidence of STR D21S1446 Homozygosity in Han and She Populations Living in South Eastern China. *J Assist Reprod Genet.* **29(4)**:337-341.
- WU W, HAO H, LIU Q, SU Y, ZHENG X, LU D (2009). Allele Frequencies of Seven X-Linked STR Loci in Chinese Han Population from Zhejiang Province. *Forensic Sci Int Genet.* **4(1)**:e41-2.

- WU W, PAN L, HAO H, ZHENG X, LIN J, LU D (2011). Population Genetics of 17 Y-STR Loci in a Large Chinese Han Population from Zhejiang Province, Eastern China. *Forensic Sci Int Genet.* **5(1)**:e11-3.
- WU YM, ZHANG XN, ZHOU Y, CHEN ZY, WANG XB (2008). Genetic Polymorphisms of 15 STR Loci in Chinese Han Population Living in Xi'an City of Shaanxi Province. *Forensic Sci Int Genet.* **2(2)**:e15-8.
- YADAV B, RAINA A, DOGRA TD (2010). Genetic Polymorphisms for 17 Y-Chromosomal STR Haplotypes in Jammu and Kashmir Saraswat Brahmin Population. *Leg Med (Tokyo).* **12(5)**:249-55.
- YAN J, TANG H, LIU Y, JING Y, JIAO Z, ZHANG Q, GAO J, SHANG L, GUO H, YU J (2007). Genetic Polymorphisms of 17 Y-STRs Haplotypes in Chinese Han Population Residing in Shandong Province of China. *Leg Med (Tokyo).* **9(4)**:196-202.
- YANG B, GU M, WANG G, LI X, LIU Y, YANG W (2006). Population Data for 11 Y-Chromosome STRs in Northeast China Han. *Forensic Sci Int.* **164(1)**:65-71.
- YANG Y, YUAN W, GUO F, JIANG X (2014). Population Data of 17 Y-STR Loci in Nanyang Han Population from Henan Province, Central China. *Forensic Sci Int Genet.* **13**:145-6.
- YANG YR, JING YT, ZHANG GD, FANG XD, YAN JW (2014). Genetic Analysis of 17 Y-Chromosomal STR Loci of Chinese Tujia Ethnic Group Residing in Youyang Region of Southern China. *Leg Med (Tokyo).* **16(3)**:173-5.
- YANMEI Y, TAO G, YUBAO Z, CHUNJIE X, BIFENG C, SHI L, BINGYING X, QIANG J, QINYONG Z, WEN Z, SHENGJUN L, SHENGJIE N (2010). Genetic Polymorphism of 11 Y-Chromosomal STR Loci in Yunnan Han Chinese. *Forensic Sci Int Genet.* **4(2)**:e67-9.
- YASIN SR, HAMAD MM, ELKARMI AZ, JARAN AS (2005). African Jordanian Population Genetic Database on Fifteen Short Tandem Repeat Genetic Loci. *Croat Med J.* **46(4)**:587-592.
- YE Y, GAO J, FAN G, LIAO L, HOU Y (2015). Population Genetics for 23 Y-STR Loci in Tibetan in China and Confirmation of DYS448 Null Allele. *Forensic Sci Int Genet.* **16**:e7-e10.
- YEUNG SM, WONG LM, CHEUNG BK, TO KY (2006). Allele Frequencies and Haplotypes of 12 Y-STR Loci for the Local Chinese Population in Hong Kong. *Forensic Sci Int.* **162(1-3)**:55-63.
- YONG RY, LEE LK, YAP EP (2006). Y-Chromosome STR Haplotype Diversity in Three Ethnic Populations in Singapore. *Forensic Sci Int.* **159(2-3)**:244-57.
- YOO SY, CHO NS, PARK MJ, SEONG KM, HWANG JH, SONG SB, HAN MS, LEE WT, CHUNG KW (2011). A Large Population Genetic Study of 15 Autosomal Short Tandem Repeat Loci for Establishment of Korean DNA Profile Database. *Mol Cells.* **32(1)**:15-9.

- YOSHIDA K, TAKAHASHI K, KASAI K (2003). Allele Frequencies of 15 STR Loci Using AmpFISTR Identifiler Kit in a Korean Population. *J Forensic Sci.* **50(3)**:718-9.
- YU B, ZHANG H, LI S (2005). X-Chromosome STRs Polymorphisms of Han Ethnic Group from Northwest China. *Forensic Science International* **153(2-3)**:269-271.
- YUAN GL, SHEN CM, WANG HD, LIU WJ, YANG G, YAN JW, QIN HX, XIE T, RAN H, YUAN J, LIU Z, ZHU B (2012). Genetic Data Provided by 21 Autosomal STR Loci from Chinese Tujia Ethnic Group. *Mol Biol Rep.* **39(12)**:10265-71.
- YUAN JY, WANG XY, SHEN CM, LIU WJ, YAN JW, WANG HD, PU HW, WANG YL, YANG G, ZHANG YD, MENG HT, JING H, ZHU BF (2014). Genetic Profile Characterization and Population Study of 21 Autosomal STR in Chinese Kazak Ethnic Minority Group. *Electrophoresis.* **35(4)**:503-10.
- YUAN L, GE J, LU D, YANG X (2012). Population Data of 21 Non-CODIS STR Loci in Han Population of Northern China. *Int J Legal Med.* **126(4)**:659-64.
- YUAN L, LIU H, LIAO Q, XU X, CHEN W, HAO S (2016). Genetics Analysis of 38 STR Loci in Uygur Population from Southern Xinjiang of China. *Int J Legal Med.* **130(3)**:687-8.
- YUAN L, OU Y, LIAO Q, GUI J, BAI X, GE J, YE J, ZHANG L (2014). Population Genetics Analysis of 38 STR Loci in the She Population from Fujian Province of China. *Leg Med (Tokyo).* **16(5)**:314-8.
- YUNIS JJ, GARCIA O, CUERVO AG, GUIO E, PINEDA CR, YUNIS EJ (2005). Population Data for PowerPlex 16 in Thirteen Departments and the Capital City of Colombia. *J Forensic Sci.* **50(3)**:685-702.
- ZAHAROVA B, ANDONOVA S, GLISSEN A, CASSIMAN JJ, DECORTE R, KREMENSKY I (2001). Y-Chromosomal STR Haplotypes in Three Major Population Groups in Bulgaria. *Forensic Sci Int.* **124(2-3)**:182-6.
- ZALAN A, VÖLGYI A, JUNG M, PETERMAN O, PAMJAV H (2007). Hungarian Population Data of Four X-Linked Markers: DXS8378, DXS7132, HPRTB, and DXS7423. *Int J Legal Med.* **121(1)**:74-7.
- ZALAN A, VÖLGYI A, BRABETZ W, SCHLEINITZ D, PAMJAV H (2008). Hungarian Population Data of Eight X-Linked Markers in Four Linkage Groups. *Forensic Sci Int.* **175(1)**:73-8.
- ZARRABEITA MT, ALONSO A, MARTIN J, GONZALEZ-GAY MA, MARTIN-ESCUADERO JC, DE PANCORBO MM, SANZ P, RUIZ-CABELLO F, RIANCHO JA (2006). Study of Six X-Linked Tetranucleotide Microsatellites: Population Data from Five Spanish Regions. *Int J Legal Med.* **120(3)**:147-50.
- ZARRABEITIA MT, AMIGO T, SANUDO C, DEPANCORBO MM, RIANCHO JA (2002). Sequence Structure and Population Data of Two X-linked Markers: DXS7423 and DXS8377. *Int J Legal Med.* **116(6)**:368-71.

- ZARRABEITIA MT, PINHEIRO F, DE PANCORBO MM, CAINE L, CARDOSO S, GUSMAO L, RIANCHO JA (2009). Analysis of 10 X-Linked Tetranucleotide Markers in Mixed and Isolated Populations. *Forensic Sci Int Genet.* **3(2)**:63-6.
- ZARRABEITIA MT, RIANCHO JA, GUSMÃO L, LAREU MV, SAÑUDO C, AMORIM A, CARRACEDO A (2003). Spanish Population Data and Forensic Usefulness of a Novel Y-STR set (DYS437, DYS438, DYS439, DYS460, DYS461, GATA A10, GATA C4, GATA H4). *Int J Legal Med.* **117(5)**: 306-11.
- ZASTERA J, ROEWER L, WILLUWEIT S, SEKERKA P, BENESOVA L, MINARIK M (2010). Assembly of a Large Y-STR Haplotype Database for the Czech Population and Investigation of Its Substructure. *Forensic Sci Int Genet.* **4(3)**:e75-8.
- ZENG X, RAKHA A, LI S (2009). Genetic Polymorphisms of 10 X-Chromosome STR Loci in Chinese Daur Ethnic Minority Group. *Leg Med (Tokyo).* **11(3)**:152-4.
- ZHANG H, JIANG J, ZHANG J, WU J, DU H, YAN J, SHEN Y, HOU Y (2007). Analysis of 15 STR loci in Chinese Population from Sichuan in West China. *Forensic Sci Int.* **171(2-3)**:222-5.
- ZHANG H, YUN L, LI Y, ZHANG J, WU J, YAN J, HOU Y (2008). Haplotype of 12 Y-STR Loci of the PowerPlex Y-System in Sichuan Han Ethnic Group in West China. *Forensic Sci Int.* **175(2-3)**:244-9.
- ZHANG L (2015). Population Data for 15 Autosomal STR Loci in the Bouyei Ethnic Minority from Guizhou Province, Southwest China. *Forensic Sci Genet.* **17**:108-109.
- ZHANG L (2015). Population Data for 15 Autosomal STR Loci in the Dong Ethnic Minority from Guizhou Province, Southwest China. *Forensic Sci Genet.* **16**:237-238.
- ZHANG L, ZHAO Y, GUO F, LIU Y, WANG B (2015). Population Data for 15 Autosomal STR Loci in the Miao Ethnic Minority From Guizhou Province, Southwest China. *Forensic Sci Int Genet.* **16**:e3-e4.
- ZHANG S, ZHANG Z, ZHAO S, ZHAO Z, LI C (2013). Genetic Polymorphisms in 12 Autosomal STRs in a Shanghai Han Population from China. *Electrophoresis.* **34(4)**:613-7.
- ZHANG S, ZHAO S, ZHU R, LI C (2012). Genetic Polymorphisms of 12 X-STR for Forensic Purposes in Shanghai Han Population from China. *Mol Biol Rep.* **39(5)**:5705-7.
- ZHANG X, HEWITZ GM (2003). Nuclear DNA Analyses in Genetic Studies of Populations: Practice, Problems and Prospects. *Molecular Ecology* **12**:563-584.
- ZHANG XH, ZHANG WB, FAN XH (2014). Genetic Polymorphism of 15 Y Chromosomal STR Loci and Haplotypes of Henan Han Population. *Hereditas.* **151(6)**:201-8.
- ZHANG Y, LEE J (2007). Genetic Polymorphism of Y-chromosomal STR Loci in South Korean Population. *Forensi Sci Int.* **173(2-3)**:225-30.

- ZHANG Y, ZHANG H, CUI Y, CUI H, XU Q, SUN S, SUN L, LEE J (2007). Population Genetics for Y-Chromosomal STRs Haplotypes of Chinese Korean Ethnic Group in Northeastern China. *Forensic Sci Int.* **173(2-3)**:197-203.
- ZHANG YD, TANG XL, MENG HT, WANG HD, JIN R, YANG CH, YAN JW, YANG G, LIU WJ, SHEN CM, ZHU BF (2015). Genetic Variability and Phylogenetic Analysis of Han Population from Guanzhong Region of China Based on 21 Non-CODIS STR Loci. *Sci Rep.* **5**:8872.
- ZHAO Z, ZHANG J, WANG H, LIU Z, LIU M, ZHANG Y, SUN L, ZHANG H (2015). Mutation Rate Estimation for 15 Autosomal STR Loci in a Large Population from Mainland China. *Meta Gene* **5**:150-156.
- ZHENG L, SUN H, WANG J, LI S, BAI J, JIN Y, YU Y, CHEN F, JIN L, FU S (2009). Y Chromosomal STR Polymorphism in Northern Chinese Populations. *Biol Res.* **42(4)**:497-504.
- ZHU B, LI X, WANG Z, WU H, HE Y, ZHAO J, LIU Y (2005). Y-STRs Haplotypes of Chinese Mongol Ethnic Group Using Y-PLEX 12. *Forensic Sci Int.* **153(2-3)**:260-3.
- ZHU B, LIU S, CI D, HUANG J, WANG Y, CHEN L, ZHU J, XU Y, ZHAO Q, LI S, LIU Y (2006). Population Genetics for Y-Chromosomal STRs Haplotypes of Chinese Tibetan Ethnic Minority Group in Tibet. *Forensic Science International.* **161(1)**:78-83.
- ZHU B, SHEN C, QIAN G, SHI R, DANG Y, ZHU J, HUANG P, XU Y, ZHAO Q, MA J, LIU Y (2006). Genetic Polymorphisms for 11 Y-STRs Haplotypes of Chinese Yi Ethnic Minority Group. *Forensic Sci Int.* **158(2-3)**:229-33.
- ZHU B, SHEN C, XUN X, YAN J, DENG Y, ZHU J, LIU Y (2007). Population Genetic Polymorphisms for 17 Y-Chromosomal STRs Haplotypes of Chinese Salar Ethnic Minority Group. *Leg Med (Tokyo).* **9(4)**:203-9.
- ZHU B, WU Y, SHEN C, YANG T, DENG Y, XUN X, TIAN Y, YAN J, LI T (2008). Genetic Analysis of 17 Y-Chromosomal STRs Haplotypes of Chinese Tibetan Ethnic Group Residing in Qinghai Province of China. *Forensic Sci Int.* **175(2-3)**:238-43.
- ZHU B, YAN J, SHEN C, LI T, LI Y, YU X, XIONG X, MU H, HUANG Y, DENG Y (2008). Population Genetic Analysis of 15 STR Loci of Chinese Tu Ethnic Minority Group. *Forensic Sci Int.* **174(2-3)**:255-8.
- ZHU BF, PAN F, SHEN CM, YAN JW, WANG HD, GUO JX, WANG YL, MENG HT, LIU WJ, ZHANG YD, LIU R, JING H, XU P (2013). Population Genetics and Forensic Efficiency of Twenty-one Novel Microsatellite Loci of Chinese Yi Ethnic Group. *Electrophoresis.* **34(24)**:3345-51.
- ZHU BF, SHEN CM, WANG HD, YANG G, YAN JW, QIN HX, GUO JX, HUANG JF; JING H, LIU XS (2011). Genetic Diversities of 21 Non-CODIS Autosomal STRs of a Chinese Tibetan Ethnic Minority Group in Lhasa. *Int J Legal Med.* **125(4)**:581-5.

- ZHU BF, WANG ZY, YANG CH, LI XS, ZHU J, YANG G, HUANG P, LIU Y (2005). Y-Chromosomal STR Haplotypes in Chinese Uigur Ethnic Group. *Int J Legal Med.* **119(5)**:306-9.
- ZHU BF, ZHANG YD, LIU WJ , MENG HT, YUAN GL, LV Z, DONG N, LI Q, YANG CH, ZHANG YH, HOU YL, QIAN L, FAN SL, XU P (2014). Genetic Diversity and Haplotype Structure of 24 Y-Chromosomal STR in Chinese Hui Ethnic Group and its Genetic Relationships with Other Populations. *Electrophoresis* **35(14)**:1993-2000.
- ZHU BF, ZHANG YD, LIU WJ, MENG HT, YUAN GL, LV Z, DONG N, YANG CH, ZHANG YH, HOU YL, QIAN L, FAN SL, XU P (2014). Genetic Diversity and Haplotype Structure of 24 Y-Chromosomal STR in Chinese Hui Ethnic Group and its Genetic Relationships with other Populations. *Electrophoresis* **35(14)**:1993-2000.
- ZHU BG, YANG G, SHEN CM, QIN HX, FAN SL, DENG LB, CHEN F, CHEN LP, WANG HD, WANG ZY, LUCAS R, LIAN ZM (2010). Population Genetic Analysis of 15 Autosomal STR Loci in the Russian Population of Northeastern Inner-Mongolia, China. *Mol Biol Rep.* **37(8)**:3889-95.
- ZHU Y, LU S, XIE Z, CHEN Y, YOU J (2009). Genetic Analysis of 15 STR Loci in the Population of Zhejiang Province (Southeast China). *Forensic Sci Int Genet.* **3(4)**:e139-40.
- ZUNIGA J, ILZARBE M, ACUNHA-ALONZO V, ROSETTI F, HERBERT Z, ROMERO V, ALMECIGA I, CLAVIJO O, STERN JN, GRANADOS J, FRIDKIS-HARELI M, MORRISON P, AZOCAR J, YUNIS EJ (2006). Allele Frequencies for 15 Autosomal STR Loci and Admixture Estimates in Puerto Rican Americans. *Forensic Sci Int.* **164(2-3)**:266-70.

## ÖZGEÇMİŞ

### I-Bireysel Bilgiler

Adı: Arlene Joanna

Soyadı: Kohler

Doğum yeri ve tarihi: 03.07.1991, Pasadena/ Los Angelos

Uyruğu: Türk

Medeni Durumu: Bekar

İletişim adresi ve telefonu: [arlenejoanna@yahoo.com](mailto:arlenejoanna@yahoo.com), 05343860597

### II- Eğitimi

2014/-	Ankara Üniversitesi Adli Bilimler Enstitüsü Adli Biyoloji Yüksek Lisans Programı (Tezli)
2014/2017	Anadolu Üniversitesi Fotoğrafçılık ve Kameramanlık Ön Lisans Programı
2010/2014	Akdeniz Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü

### III-Ünvanları

Biyolog

### IV- Mesleki Deneyim

### V- Üye Olduğu Bilimsel Kuruluşlar

### VI- Bilimsel Etkinlikler

#### Seminer ve Dersler

- Ankara Üniversitesi, Adli Bilimler Enstitüsü'nde "Adli Fotoğrafçılık" adlı semineri verdim.

#### Projeler

-" Türkiye'de Yapılan Popülasyon Genetiği Çalışmalarının Çeşitliliği İncelenerek, Diğer Ülkelere Ait Popülasyon Genetiği Çalışmaları Açısından Farklılıklarının ve Öneminin Vurgulanması" konulu tez projemi tamamladım.

## **VII- Diğer Bilgiler**

### **Kongreler, Toplantılar ve Paneller**

-Beypazarı Adli Bilimler Günleri Ankara 26-27 Mayıs 2015

-Uluslararası Antropoloji Kongresi Ankara 9-11 Nisan 2015

-1. Uluslararası Adli Toksikoloji Kongresi Ankara 29-30 Kasım 2014

-1. Uluslararası Adli Biyoloji ve Genetik Kongresi Ankara 27-28 Kasım 2014

-5. Ulusal Tıp Günleri Kastamonu 17-19 Ekim 2014

### **Eğitim Programı Haricinde Kurslar**

- İşaret Dili Kursu

