

**T.C.
FIRAT ÜNİVERSİTESİ
TIP FAKÜLTESİ
ADLI TIP ANABİLİM DALI**

**ELAZIĞ VE ÇEVRE İLLERİN POPULASYONUNA AİT 15 STR
LOKUSLARI İÇİN ALEL FREKANSLARI DAĞILIMININ
İNCELENMESİ**

**UZMANLIK TEZİ
Dr. Nazif Harun VİCDANLI**

**TEZ DANIŞMANI
Prof. Dr. Mehmet TOKDEMİR**

**ELAZIĞ
2013**

DEKANLIK ONAYI

Prof. Dr. İrfan ORHAN

DEKAN

Bu tez Uzmanlık Tezi standartlarına uygun bulunmuştur.

Prof. Dr. Mehmet TOKDEMİR
Adli Tıp Anabilim Dalı Başkanı

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

Prof. Dr. Mehmet TOKDEMİR
Danışman

Uzmanlık Tezi Değerlendirme Jüri Üyeleri

Prof. Dr. Mehmet TOKDEMİR

Doç. Dr. Dilara KAMAN

Yrd. Doç. Dr. Abdurrahim TÜRKOĞLU

TEŞEKKÜR

Bu tez çalışmamızı, proje olarak destekleyen Sayın Rektörümüz Prof. Dr. Kutbeddin DEMİRDAĞ, Fırat Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi Rektör Danışmanı Sayın Prof.Dr. Hanefi GÜLDEMİR ve diğer yetkililere,

Uzmanlık eğitimim süresince iyi bir uzmanlık eğitimi almam için her türlü destek ve katkılarını esirgemeyen Sayın Hocam Adli Tıp Anabilim Dalı Başkanı Prof.Dr. Mehmet TOKDEMİR'e ve Yrd.Doç.Dr. Abdurrahim TÜRKOĞLU'na,

Diğer çalışma arkadaşlarıma Dr.Selma DÜZER, Dr.Turgay BÖRK, Dr.Ferhat Turgut TUNÇEZ ve Dr.Burhan YAPRAK'a, anabilim dalı sekreterimiz İnci HOROZ' a,

Tabî ki sevgili nişanlım S.Selcen GÖKTÜRK ve aileme teşekkürlerimi sunmayı bir borç bilirim.

ÖZET

Çalışmamızda, Elazığ ve çevre illerin (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarına ait 15 Short Tandem Repeat (STR) lokusları allel frekanslarının dağılımının incelenmesi amaçlanmaktadır. Bu çalışmanın Elazığ ve çevre illere ait popülasyonların gen havuzunun frekansları diğer bölgesel ve yurtdışı gen havuzları frekansları ile genetik değerlendirme kriterleri doğrultusunda benzerlik ve farklılıkların belirlenmesine katkı sağlayacağı düşünülmüştür. Ayrıca belirlecek genotip verilerinin allel dağılım frekansları, kişileri ayırt etme gücü adli bilimlerle ilgili çalışmalarda önemli bir veri kaynağı olacaktır.

Bu çalışma Fırat Üniversitesi Tıp Fakültesi Adli Tıp Anabilim Dalı DNA laboratuvarında aralarında akrabalık bağı bulunmayan Elazığ ve Çevre İllerin (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) yerli halk popülasyonlarında her ilden 50 birey olmak üzere toplam 250 bireyden alınan biyolojik örnekler üzerinde yapıldı. Alınan örneklerden RTA Kan Kiti ile genomik DNA'lar elde edildi. Elde edilen izole DNA'ların Amp F / STR İdentifiler PCP Amplification Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) kullanılarak istenilen lokuslara ait gen bölgeleri çoğaltıldı. PCR ürünlerinin ABI 310 sekans cihazında elektroforezleri yapıldı ve GeneMapper Software Version 3.2 programında sonuçlar analiz edildi. Elde edilen sonuçlar PowerStarts v.1.2'de ve Arlequin Software 3.11 programlarında değerlendirildikten sonra gözlenen allel sıklıkları, popülasyonlara ait diğer istatistiksel veriler ile popülasyonların kendi aralarındaki genetik uzaklık durumu belirlendi.

Türkiye'de 15 STR lokuslarına (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA) ait benzer çalışmalar yapılmış olup, Elazığ ve çevre illerini birlikte değerlendiren çalışma yapılmamıştır. Bu çalışmada ayırtılma gücü değerleri; en yüksek Elazığ'da D2S1338 (0,960), Malatya'da D2S1338 (0,953), Bingöl'de D2S1338 (0,964), Tunceli'de D18S51 (0,952) ve Diyarbakır'da D18S51 (0,962) lokuslarında, en düşük ise Elazığ'da TPOX (0,808), Malatya'da CSF1PO (0,829), Bingöl'de TPOX (0,863), Tunceli'de D5S818 (0,833) ve Diyarbakır'da D5S818 (0,817) lokuslarında belirlenmiştir. Ayrıca popülasyonların kendi aralarında ikili gruplar şeklinde değerlendirildiğinde en uzak genetik ilişkinin Elazığ ve Tunceli arasında olduğu görülmüştür.

Sonu olarak, bu alıřmanın 15 STR lokusları allel frekansları elde edilerek, bu veriler ile daha nce yapılan alıřmaların karřılařtırılmasına ve poplasyonların filogenetik iliřkilerinin deęerlendirilmesine yarar saęlayacaęı dřnlmektedir.

Anahtar Kelimeler: Kısa ardıřık tekrar dizileri, Allel, Elazıę ve evre illeri

ABSTRACT

INVESTIGATION OF THE DISTRIBUTION OF ALLELE FREQUENCIES FOR 15 STR LOCI OF THE POPULATION OF ELAZIG AND NEIGHBORING PROVINCES

The purpose of this study is to examine the distribution of 15 STR loci allele frequencies of the populations of the city Elazig and surrounding cities (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır). It's considered that, this study will contribute in determining the similarities and differences toward the gene pool frequencies of the population of the city Elazig and surrounding cities, and the other regional and foreign gene pool frequencies and their overall evaluation criteria. The allele distribution frequencies of the genotype data which also will be determined, constitute an important data resource for studies related with forensic science in being able to identify persons.

This study was performed at the Firat University, Medical Faculty, Forensic Medicine Department, DNA Laboratory on 250 individuals in total, biological samples were obtained from these individuals who weren't relatives, and were members of the populations of the city Elazig and surrounding cities (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır), 50 individuals participated from each of these cities. A RTA Blood Kit and genomic DNA's were derived from the samples. The gene regions of the required loci of the isolated DNA's, were multiplied with the use of Amp F / STR Identifier PCP Amplification Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). The electrophoresis of PCR items was carried out with the ABI 310 sequence instrument, and the results were analyzed with GeneMapper Software Version 3.2. The results obtained were evaluated with PowerStarts v.1.2 and Arlequin Software 3.11, and after that the examined allele densities, other statistic data of the populations and the genetic distances of the populations inter se were determined.

Similar studies were carried out on 15 STR loci in Turkey (D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA), but there wasn't a study which evaluated Elazig and surrounding cities together. The continuity force values of this study; the highest loci determined in Elazig D2S1338 (0,960), in Malatya D2S1338

(0,953), in Bingöl D2S1338 (0,964), in Tunceli D18S51 (0,952), and in Diyarbakır D18S51 (0,962), the lowest loci determined in Elazığ TPOX (0,808), in Malatya CSF1PO (0,829), in Bingöl TPOX (0,863), in Tunceli D5S818 (0,833), and in Diyarbakır D5S818 (0,817). It's also observed that, the most distant genetic relation exists between Elazığ and Tunceli when the populations were inter evaluated in duos.

As a result, it's considered that obtaining allele frequencies of 15 STR loci will utilise the comparison of these data and previous studies, and the evaluation of the phylogenic relations.

Key words: Short tandem repeat, Allele, Elazığ and surrounding cities

İÇİNDEKİLER

BAŞLIK SAYFASI	i
ONAY SAYFASI	ii
TEŞEKKÜR	iii
ÖZET	iv
ABSTRACT	vi
İÇİNDEKİLER	viii
TABLO LİSTESİ	xi
ŞEKİL LİSTESİ	xii
KISALTMALAR LİSTESİ	xii
1. GİRİŞ	1
1.1. DNA Molekülünün Yapısı	3
1.2. Populasyon Genetiği	4
1.3. Hardy-Weinberg Kanunu	5
1.4. Populasyon Dengesini Bozan Etmenler	6
1.4.1. Göç	6
1.4.2. İzolasyon Ayrılma	6
1.4.3. Mutasyon	6
1.4.4. Doğal Seçilim	6
1.4.5. Genetik Sürüklenme	7
1.4.6. Eş Seçimi	7
1.5. Genetik Varyasyonlar	7
1.6. Genetik Polimorfizm	8
1.6.1. Mikrosatellitler	10
1.6.2. STR (Short Tandem Repeats) Lokusları	10
1.6.2.1. STR Lokuslarının Adlandırılması	12
1.6.2.2. Birleşik DNA İndeks Sistemi (CODİS)	13
1.7. Mikrosatellit (STR) Lokusları	13
1.7.1. D8S1179 Lokusu	13
1.7.2. D21S11 Lokusu	14
1.7.3. D7S820 Lokusu	14
1.7.4. CSF1PO Lokusu	14

1.7.5. D3S1358 Lokusu	14
1.7.6. THO1 Lokusu	14
1.7.7. D13S317 Lokusu	15
1.7.8. D16S539 Lokusu	15
1.7.9. D2S1338 Lokusu	15
1.7.10. D19S433 Lokusu	15
1.7.11. vWA Lokusu	15
1.7.12. TPOX Lokusu	16
1.7.13. D18S51 Lokusu	16
1.7.14. D5S818 Lokusu	16
1.7.15. FGA Lokusu	16
2. GEREÇ VE YÖNTEM	18
2.1. İncelenen STR Lokusları ve Çalışma Grupları	18
2.2. Araştırmada Kullanılan Cihazlar	18
2.3. DNA İzolasyonu	18
2.4. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)	19
2.5. Elektroforez ve Tiplendirme	19
3. BULGULAR	20
3.1. D8S1179 Lokusu	20
3.2. D21S11 Lokusu	21
3.3. D7S820 Lokusu	22
3.4. CSF1PO Lokusu	23
3.5. D3S1358 Lokusu	24
3.6. THO1 Lokusu	25
3.7. D13S317 Lokusu	26
3.8. D16S539 Lokusu	27
3.9. D2S1338 Lokusu	27
3.10. D19S433 Lokusu	28
3.11. vWA Lokusu	29
3.12. TPOX Lokusu	30
3.13. D18S51 Lokusu	31
3.14. D5S818 Lokusu	32
3.15. FGA Lokusu	33

4. TARTIŞMA	54
5. KAYNAKLAR	77
6. ÖZGEÇMİŞ	87

TABLO LİSTESİ

Tablo 1.	Lokuslara Ait Bilgi İçerikleri	17
Tablo 2.	Elazığ Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Çifti Paneli	35
Tablo 3.	Malatya Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Çifti Paneli	36
Tablo 4.	Tunceli Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Çifti Paneli	37
Tablo 5.	Bingöl Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Çifti Paneli	38
Tablo 6.	Diyarbakır Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Çifti Paneli	39
Tablo 7.	Elazığ Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Frekansları	40
Tablo 8.	Malatya Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Frekansları	41
Tablo 9.	Tunceli Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Frekansları	42
Tablo 10.	Bingöl Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Frekansları	43
Tablo 11.	Diyarbakır Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Frekansları	44
Tablo 12.	15-STR Lokuslarında Allellerin İllere Göre Görülme Sayıları	45
Tablo 13.	Elazığ İl Populasyonuna Ait 15-STR Lokusu İstatistiksel Parametreleri	48
Tablo 14.	Malatya İl Populasyonuna Ait 15-STR Lokusu İstatistiksel Parametreleri	49
Tablo 15.	Tunceli İl Populasyonuna Ait 15-STR Lokusu İstatistiksel Parametreleri	50
Tablo 16.	Bingöl İl Populasyonuna Ait 15-STR Lokusu İstatistiksel Parametreleri	51
Tablo 17.	Diyarbakır İl Populasyonuna Ait 15-STR Lokusu İstatistiksel Parametreleri	52
Tablo 18.	İllerin Populasyonlarının Karşılaştırma Parametreleri (Fst Değerleri)	53

ŞEKİL LİSTESİ

Şekil 1. Hücrede DNA'nın Yapısı	4
Şekil 2. İnsan genomundaki polimorfik alanlar	9
Şekil 3. STR Locus allellerinin adlandırmasının örnek şeması	12
Şekil 4. STR Lokusları ve Kromozom Üzerindeki Pozisyonları	13

KISALTMALAR LİSTESİ

A	: Adenin
Bç	: Baz çifti
C	: Sitozin
DNA	: Deoksiribonükleik asit
G	: Guanin
p	: Kromozomun kısa kolu
PCR	: Polimeraz zincir reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction)
q	: Kromozomun uzun kolu
RFLP	: Parçacık uzunluk polimorfizmi (Restriction Fragment Length Polymorphism)
SNP	: Tek nükleotid polimorfizmi (Single Nucleotide Polymorphism)
STR	: Kısa ardışık tekrar dizileri, mikrosatellitler (Short Tandem Repeats)
T	: Timin
VNTR	: Değişken sayıda tekrar eden dizinler, minisatellitler (Variable Number of Tandem Repeats)

1. GİRİŞ

İnsanlar her zaman kökenleri hakkında bilgi sahibi olmak istemişlerdir. Geçmişten günümüze tarihçiler, arkeologlar ve paleontologlar günümüz insan popülasyonlarının kökeni hakkındaki araştırmaların sonucunda çeşitli bulgular elde etmişlerdir. Ardından dilbilimciler ve günümüzde de moleküler biyoloji ile ilgilenenler giderek artan bir şekilde insanın kökeni ile ilgilenmektedirler. Bunun nedeni sahip olduğumuz DNA'ların bize atalarımızdan geçmesi, başlangıçtan bu yana mutasyonların birikmesi ve sonuçta günümüz insanların DNA'ları arasında farklılıkların saptanmasıdır. Bu farklılıklar, o insanın genetik geçmişinin tarihine ve akrabalıklarına ışık tutacak kayıtları içermektedir. Moleküler teknikler bu kayıtları değerlendirmeye olanak sağlamakta ve yol göstermektedir. Bu da insanların genetik farklılıklarının öğrenilmesine yönelik ilgide ve bu amaçla yapılan çalışmalarda artışa yol açmıştır (1).

Doğadaki canlıların hemen hemen hepsinde genetik materyal Deoksiribonükleik asit (DNA)'dir. Hücre içinde bulunduğu yerin hacmine göre boyutu çok uzun olan DNA moleküllerinin; o bölgeye sığabilmesi için son derece sıkı bir şekilde paketlenmeleri gerekir. İnsan hücrelerinde bulunan DNA; 46 kromozomda paketlenmiş, yaklaşık üç milyar baz çiftinden oluşan ve uzunluğu bir metreden fazla olan bir moleküldür (2).

Moleküler Genetik alanında 1980'li yıllarda gerçekleştirilen ilerlemeler, polimorfik özelliklerin direkt olarak DNA düzeyinde incelenmesine olanak tanımıştır. İnsan genomunda bulunan yaklaşık 3 milyar baz çifti, her biri farklı lokuslar da yer alan 50.000-100.000 geni kodlamaktadır. Genlerin çoğu "allel" olarak bilinen birkaç farklı formda bulunabilmektedir (3, 4).

Toplumlarda normal kişilerde genomik DNA'nın tek baz çiftlik pozisyonunda farklı alternatiflerinin (allel) bulunmasına "polimorfizm" denir (5).

Bir popülasyonda mevcut olan mutant veya varyant genler %1'den fazla sıklıkta bulunuyorsa, buna "genetik polimorfizm" denir. Genetik polimorfizm ardışık mutasyonlar sonucu meydana gelir. Bu doğal farklılıklar kuşaktan kuşağa Mendel yasalarına göre aktarılırlar. Allel sayısı arttıkça o gen için polimorfizm de artar (5-7).

Genlerin çoğu “allel” olarak bilinen birkaç farklı formda bulunabilmektedir. Bu şekilde polimorfizm gösteren bir gen için her birey, biri anneden diğeri babadan aktarılan iki farklı allel taşıyabilirken, bir popülasyon örneği aynı gen için çok sayıda allele sahip olabilmektedir. Genetik polimorfizm, adli amaçlı DNA analizlerinin temelini oluşturmaktadır (4).

Alec Jeffreys’in 1985 yılında DNA molekülünde minisatellit denilen polimorfizm şeklini keşfetmesinden sonra adli bilimlerde DNA kullanımı hızla gelişmiştir. DNA baz dizini üzerinde yapılan çalışmalar DNA’nın çok yüksek oranda polimorfizme sahip olduğunu belirlemişlerdir (8, 9).

Gelişen teknoloji ile birlikte hukuki problemlerin çözümünde kullanılacak araçlardan biri de DNA profilleridir. DNA çok güçlü bir araç olup, canlı varlıkların hepsi her hücresinde DNA bulundurur. Bu yüzden pek çok adli olayda DNA delillerinden yararlanılabilmektedir (9).

Deoksiribonükleik Asit (DNA) molekülünün baz dizisinin tümü protein üretiminden sorumlu değildir. Protein kodlayan kısım tüm genomun %3’ü kadardır. Geri kalan kısım ise protein kodlamaz. Kodlama yapmayan bölgelerin fonksiyonlarının ne olduğu henüz tam olarak bilinmemektedir. Aşırı değişkenlik gösteren bu bölgelerin polimorfizmlerinin nedeni delesyon, inversiyon, nokta mutasyonları ve ardışık tekrar eden dizilerdir (9, 10).

Bütün insanlar aynı tip tekrarlara sahiptir, ancak tekrar sayıları bireyler arasında farklılıklar göstermektedir. Bu tür polimorfizm, ardışık tekrar eden dizi sayısının büyüklüğüne göre mikrosatellitler (STR=Short Tandem Repeat) ve minisatellitler (VNTR=Variable Number of Tandem Repeat) olarak ikiye ayrılırlar (9,10).

Değişken sayıdaki tekrarlayan (VNTR) 6-100 baz çifti uzunluğundaki tekrar dizilerine “minisatellit DNA dizileri” denilmektedir. Polimorfik özelliklerinden dolayı DNA analizlerinde tanı amaçlı (babalık testi, adli tıp, kalıtsal hastalıklarda mutant allelerin tespiti) olarak kullanılabilirlerdir (11, 12).

Mikrosatellitler (STR) yapısal olmayan DNA bölgelerinde 2-7 baz çifti tekrar dizilerinden meydana gelen kısa ve ardışık tekrarlayan DNA dizileridir (13, 14).

Short Tandem Repeats (STR) lokusları aracılığıyla genotipin belirlenmesi 4 basamaktan oluşmaktadır. Bu basamaklar, DNA izolasyonu PCR, Elektroforez, Verilerin elde edilmesi ve değerlendirilmesi şeklinde sıralanabilir (15).

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illerinde (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) yaşayan ve aralarında akrabalık bağı bulunmayan her ilden 50 kişi olmak üzere toplam 250 bireyin 15 STR lokusuna ait genotipler belirlenmiştir. Genotip verilerin allel frekansları, heterozigotluk (h), homozigotluk (H) oranları, dışlama gücü (PE), ayırım gücü (PD), uyuşma olasılığı (PM), polimorfik bilgi içeriği (PIC), tipik babalık indeksi (TPI), p-value değeri, gözlenen (H_o) ve beklenen (H_e) değerleri, Hardy-Weinberg (HW) dengesine uyumlu olup olmadığına bakılmıştır ve daha önce Türkiye’de çalışılmış popülasyonlara ait verilerle karşılaştırılıp, sonuçlar değerlendirilerek farklılıklar ve benzerlikler incelenmiştir. Bu çalışmanın yerel popülasyonlarda yapılmış ve yapılacak çalışmalarla karşılaştırılmasına, ayrıca popülasyonların DNA verisi oluşturulduğunda, DNA profilinin değişiminin saptanmasına ve popülasyonların orijini ile yapısı hakkında yorumlara katkı sağlayacağı söylenebilir.

1. 1. DNA Molekülünün Yapısı

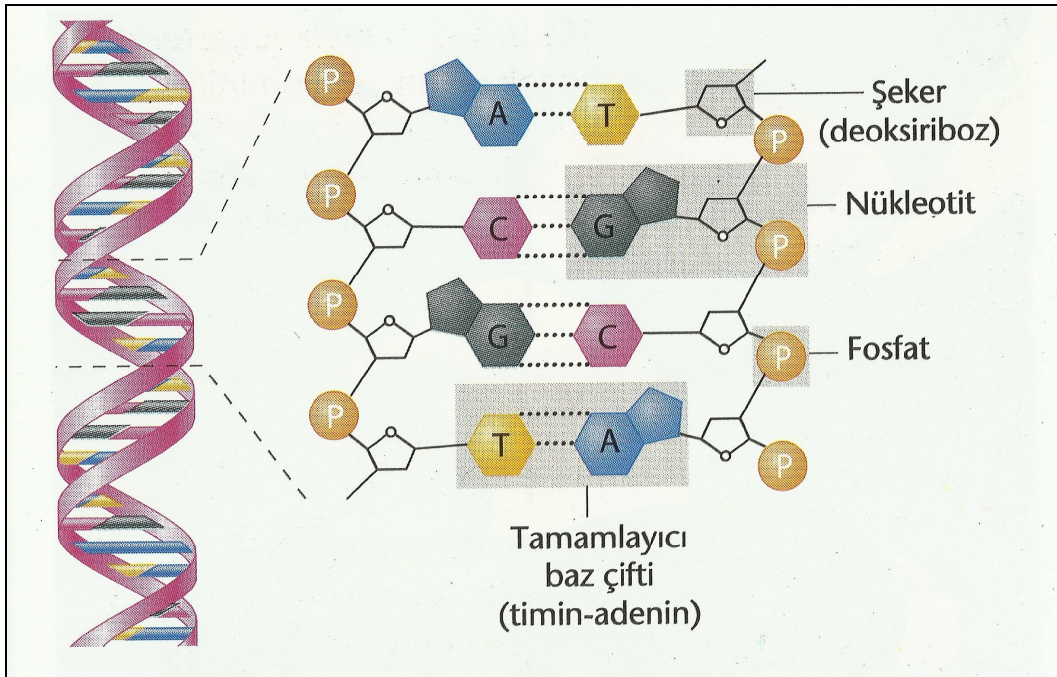
Deoksiribonükleik Asit (DNA) uzun, merdivene benzeyen ve çift sarmal oluşturan bir moleküldür. Sarmalın her bir ipliği, “nükleotit” adı verilen alt birimler tarafından meydana getirilen doğrusal bir molekülden oluşur. DNA’da dört farklı tip nükleotit vardır. Her bir DNA nükleotidinde, dört azotlu bazdan A (Adenin), G (Guanin), T (Timin) yada C (Sitozin) bir tanesi bulunur (Şekil 1). 1953’de James Watson ve Francis Crick DNA’nın iki ipliğinin birbirinin tam olarak doğru bir tamamlayıcısı olduğunu, dolayısıyla sarmaldaki merdiven basamaklarının her zaman ya $A=T$ yada $G=C$ baz çiftlerinden oluştuğunu saptamışlardır. Adeninle timin ve guaninle sitozin arasındaki bu tamamlayıcı (Complementary) ilişki genetik işlev için önemlidir. Bu ilişki, hem DNA replikasyonu hem de gen ifadesi için temel olarak hizmet görür. Her iki durumda da DNA iplikleri tamamlayıcı moleküllerin sentezi için kalıp olarak davranır (16).

Deoksiribonükleik Asit (DNA)’ in hücre çekirdeğinde paketlenmesinin ilk basamağı “nükleozom” oluşumudur. DNA molekülünün lizin ve arjininden zengin bazik histon proteinleri ile bağlanmasıyla “kromatin” yapısı oluşur. Çok hücreli

organizmanın her hücresi genellikle aynı genetik materyal içerir. Hücresel genleri içeren DNA molekülleri, hücrelerdeki en büyük makromoleküllerdir ki bunlar hücrenin bölünme evresinde kompleks katmanlarla kromozom denilen yapılara dönüşürler (17, 18).

Ökaryotlarda çekirdekdeki DNA, farklı kromozomlar arasında bölünmüştür (17). Her kromozom çok uzun bir doğrusal DNA molekülünden meydana gelmiştir. Kromozomlar, DNA paketlenmesiyle ilgili proteinlere ek olarak; gen ifadesi, aynı DNA yapımı ve onarımı için gerekli olan birçok başka proteini de içerir (17-19).

Deoksiribonükleik Asit (DNA), RNA ve protein arasındaki ilişki birbiri içine geçmiştir. DNA, RNA'nın, RNA ise polipeptidin sentezini ve dizisini belirler. DNA ve RNA'nın sentez ve metabolizmasında özgül proteinler yer almaktadır. Bu bilgi akışı moleküler biyolojinin "santral doğması" olarak adlandırılır. Genetik bilgi, DNA'da kod (genetik kod) aracılığı ile saklanır. Bu kodlar polipeptidlerin amino asit dizilerini belirleyen ve birbirlerine komşu olan baz dizileridir (18).



Şekil 1. Hücrede DNA'nın Yapısı (16).

1.2. Populasyon Genetiği

Populasyon genetiği, kalıtımın bireyler üzerinde değil bireylerin meydana getirdiği gruplar üzerinde çalışan genetik koludur. Gruplar içerisindeki genetik varyasyon paternlerini, bu paternlerin zamanla nasıl değiştiğini inceler. Populasyon

genetiđi, bireylerden ziyade gruplara ve tek bir çiftleşmenin sonucundaki genotip dağılımlarına değil ardışık jenerasyonlardaki allel ve genotip frekanslarının ölçülmesine ağırlık verir (20).

Populasyon, ortak gen setleri taşıyan, aynı coğrafyada yaşayan ve bir fiil yada potansiyel olarak birbirleriyle eşleşebilen bireylerden oluşur. Bu bireyler tarafından ortak şekilde paylaşılan allellerin hepsi populasyonun gen havuzunu meydana getirir. Bu populasyonda tek bir gen lokusunu incelediğimiz zaman, bu lokustaki allelerin dağılımının farklı genotipe sahip bireylerin oluşmasına neden olduğu bulunur. Gen havuzundaki allel sıklıklarının hesaplanması, populasyondaki farklı genotiplerin sıklıkları ve kuşaklar boyunca bu sıklıkların nasıl değiştiğinin belirlenmesi populasyon genetiğinin temelini oluşturmaktadır (16).

1.3. Hardy Weinberg Kanunu

Farklı koşullar altında bir populasyondaki gen havuzuna ne olacağını tanımlamak için matematik modeller ve denklemler geliştirilmektedir. Rasgele çiftleşmenin gen ve genotipik frekanslara etkisini sonsuz büyüklükteki bir populasyonda tanımlayan bir eşitlikler takımı olan “Hardy-Weinberg Kanunu” böyle bir modeldir. Bu tip modeller olabildiğince basittir ve gerçekte sağlanması olası olmayan aşağıdaki bazı varsayımları kabul ederler (16, 20);

- a. Bütün genotiplerin sahibi olan bireyler eşit hayatta kalma oranına ve eşit üreme başarılarına sahiptir, yani seçim yoktur.
- b. Yeni alleller oluşturacak veya mevcut hiçbir alleli diğerine dönüştürecek mutasyonlar bulunmaz.
- c. Populasyonunun içine veya dışına bireylerin göçü olmaz.
- d. Populasyon sınırlı büyüklüğe sahiptir, başka bir ifade ile populasyon örnekleme hataları ve rasgele etkilerin gözardı edilebileceği kadar büyüktür.
- e. Populasyondaki bireyler rasgele eşleşirler.

Hardy-Weinberg Kanunu'na göre yukarıdaki bu varsayımlara uygun olarak populasyon hakkında iki tahminde bulunulur:

- a. Gen havuzunda bulunan allellerin frekansı zaman içinde değişmez.
- b. Bir jenerasyon devam eden rasgele eşleşmenin sonrasında, genotip frekansları allel frekanslarından tahmin edilebilir.

Populasyonları dinamikdir; doğum-ölüm oranlarındaki değişmelerle, göçle ve diğer populasyonlar ile karışarak büyüebilir yada küçülebilir (17).

1.4. Populasyonun Dengesini Bozan Etmenler

Hardy-Weinberg kuralına göre populasyona ait gen havuzunda mutasyon, göç, seleksiyon, izolasyon görülmediği müddetçe gen havuzunun gen frekansı değişmez. Ancak, genellikle populasyondaki genlerin frekansı değişir. Populasyonda genlerin frekansının değişmesine etki eden faktörler; göç, izolasyon, mutasyon, doğal seçim, genetik sürüklenme ve eş seçimidir (21).

1.4.1. Göç

Populasyon dışına göçler populasyondaki gen frekansını azaltır. Populasyon içine göçler ise populasyondaki gen frekansını artırır (21).

1.4.2. İzolasyon (Ayrılma)

Gen frekanslarının değişmesinde ve evrimde rol oynayan en önemli etmendir. Bir populasyonun diğer populasyonlarla genetik alışverişinin kesilmesine izolasyon denir. Populasyonları birbirinden ayıran en önemli etken coğrafi izolasyonlardır. Örneğin, bir adanın üzerinde yaşadığı canlılarla birlikte iki ayrı parçaya ayrılması coğrafi izolasyon olarak isimlendirilir. Coğrafi izolasyon sonucu oluşan populasyonlar arasında gen alışverişi olmazsa populasyonlar yavaş yavaş farklı hâle gelir (21).

1.4.3. Mutasyon

Mutasyon, DNA'da meydana gelen değişiklikler sonucu oluşur. Mutasyonlar çoğu zaman zararlıdır. Zararlı olan mutasyonlar, populasyona ait gen frekansının azalmasına neden olur. Örneğin, normal bir gen mutasyonla hemofili genine dönüşebilir. Bu zararlı mutasyon, hemofili genine sahip olan bireylerin yaşama olasılığını azaltır ve zamanla populasyondan elenmesine neden olur. Böylece populasyonun gen frekansı azalır (21).

1.4.4. Doğal Seçim

Aynı türün bireyleri arasında meydana gelen varyasyonlar sonucunda çevreye daha iyi uyum yapabilen bireyler seçilir, uyum yapamayanlar ise populasyondan elenir. Böylece, istenmeyen özellikte olan genlerin frekansının azalması sonucu kararsız populasyonlar zamanla kararlı hâle geçer (21).

1.4.5. Genetik Sürüklenme

Populasyonlarda eşlerin seçimi ve çiftleşme büyük ölçüde şansa dayanır. Populasyona ait gen havuzundaki frekans daha çok şansa bağlı olaylarla değişir.

Genetik sürüklenme; göç, afet, iklim vb. etkenlerin etkisiyle bir populasyondan ayrılan küçük populasyonların gen havuzunda şansa bağlı olarak meydana gelen değişikliklerdir. Küçük populasyonlarda şansa bağlı olayların gen frekansının değişmesindeki etkisi çok daha fazladır. Bu nedenle, bir populasyondan ayrılan küçük populasyondan ilerleyen zaman içerisinde, bağlı olduğu populasyondan farklı gen frekansı oluşabilir. Örneğin, kahverengi göz renginin baskın olduğu bir insan populasyonundan ayrılan mavi göz genine sahip küçük bir insan populasyonu içerisinde zamanla mavi göz renginin yaygın olması bu populasyonun gen frekansının bağlı olduğu populasyondan farklılaştığını gösterir.

Genetik sürüklenme ile uyum yeteneği az olan veya zararlı olan bazı genlerin frekansı populasyonda yükselebilir. Bunun yanında bazı yararlı genlerin frekansı da populasyonda azalabilir veya tamamen yok olabilir. Genetik sürüklenme, bazı kalıtsal olan hastalıklar yönünden çekinik olan genlerin homozigot hâlde populasyonda etkisini ortaya çıkarmaya ve bu şekilde populasyonda zararlı olan genlerin frekansında artışa neden olması yönünden de önemlidir (21).

1.4.6. Eş Seçimi

Populasyonda, şansa bağlı olmayan çiftleşmelerin ve farklı üreme yeteneklerinin oluşması Hardy-Weinberg eşitliğini bozan bir durumdur. Populasyonlardaki bireylerin çiftleşmek için rastgele eş seçiminin yanı sıra geliştirdikleri bazı özel nitelikler vardır. Bu durum populasyonu oluşturan bireylerin bir zaman sonra köken aldıkları populasyondan farklı davranış şekillerinin ortaya çıkmasına neden olabilir. Bu davranış şekilleri yaşam mücadelesinde beslenme, korunma, yavrularına bakma vb. farklı yeteneklerin ortaya çıkmasını sağlayabilir. Bireylerin belli özelliklere göre eşlerini seçerek çiftleşmeleri belirli genlerin frekansının populasyonda artmasına neden olur (21).

1.5. Genetik Varyasyonlar

İnsan genomunun yalnızca % 3'ünü protein kodlayan genler yani ekzonlar, geri kalan % 97'sini ise intronlar ile görevi bilinmeyen veya tespit edilmemiş DNA oluşturur. İnsan DNA'sı bireyden bireye yapısal farklılık gösterebilmektedir. Bu

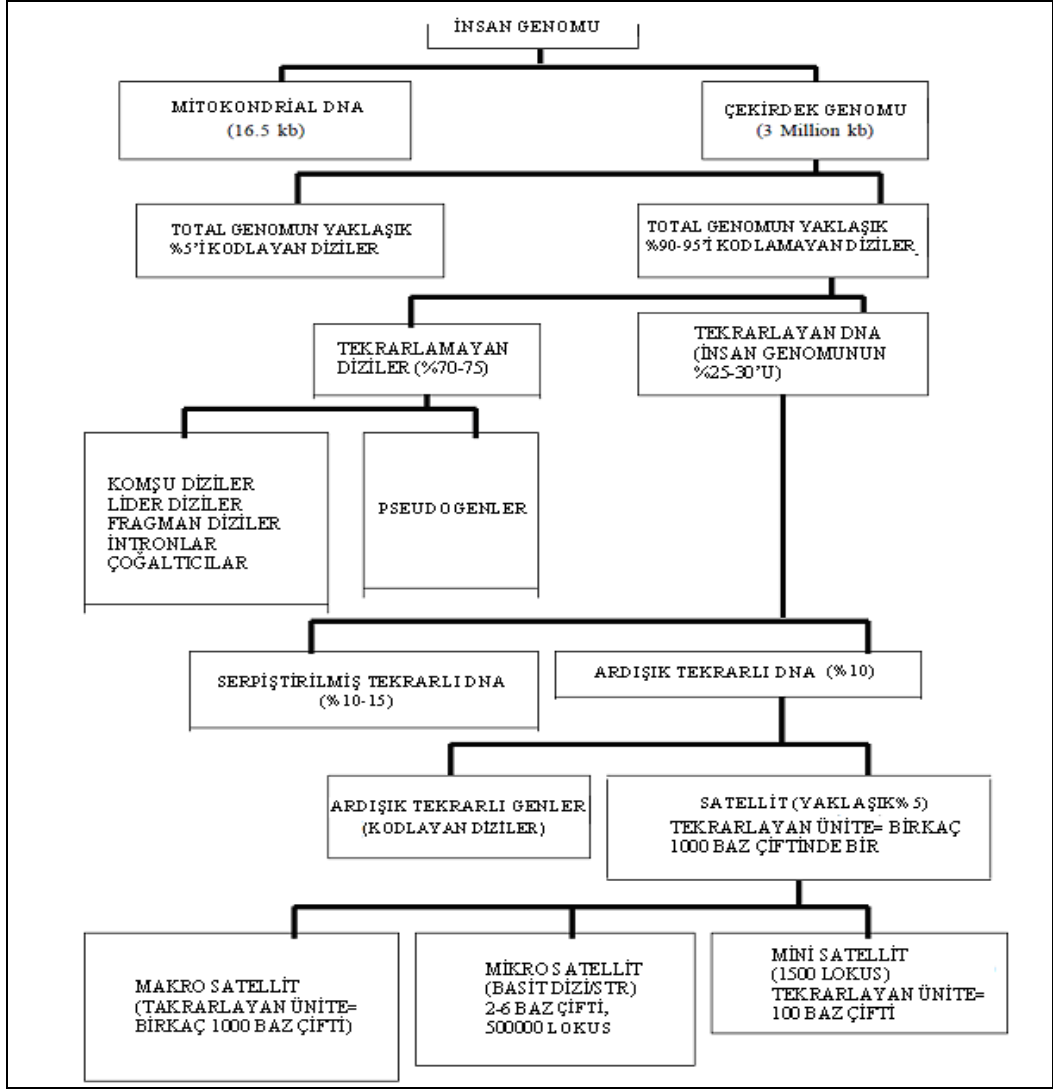
farklılıkların çoğu kodlayıcı olmayan bölgelerde olup kodlayıcı bölgelerde de olabilir ve bu olay bir proteinde saptanabilir, bir farklılık olarak ifade edilir veya sessiz kalır. Bu yapısal farklılıkların yaygın bir şekli, baz çiftlerinin bir ile yüzlerce defa ard arda değişken tekrarıdır (Tandem Repeat). DNA yapısında meydana gelen bu değişiklikler; bireylerin anatomik, fizyolojik, ilaçlara olumlu veya olumsuz yanıtları, kalıtsal hastalıklar, kanser, enfeksiyon gibi hastalıklara yatkınlıklardan ve genetik olarak belirlenen fenotipik çeşitlilikten sorumludur (12, 22).

Mutasyon terimi dar anlamda değişikliğe uğramış bir gen ile ortaya çıkan fenotipik değişim ifadesi için kullanılır. Gen mutasyonunda; bir genin bir allel şeklinden başka bir allel şekline farklılaşması söz konusudur. Böyle bir değişme tek bir gen içinde olduğu ve bir kromozom bölgesine ait olduğu için gen veya nokta mutasyonu diye isimlendirilir. Kalıtsal değişimin bir diğer şekli olan kromozom mutasyonunda bütün kromozomun veya kromozom parçalarının değişmesi söz konusudur. Genom mutasyonları, kromozom setlerinin veya setlerin parçalarının eklenmesi veya kaybına bağlı olarak kromozom sayısındaki değişiklikleri kapsar. Ekstranükleik mutasyonlar stoplazmanın komponentleri olan DNA, plastid ve mitokondrilerde meydana gelir (20).

1.6.Genetik Polimorfizm

Polimorfizm bir popülasyonda ya da popülasyonlar arasında bir genin alelleri veya bir kromozomun homologlarıyla birleşen çeşitli fenotipik formların varlığı yani bir lokusta bir alelden fazlasının bulunmasıdır. Bununla birlikte bir toplumun genetik yapısındaki farklılıkların (varyasyonların) varlığı ve birden fazlasının birlikteliği “genetik polimorfizm” olarak isimlendirilir (12, 23).

Her genomda DNA da kopma ve eklemeleriyle karakterize tek baz değişiklikleri vardır. Sağlıklı toplumlarda bu değişiklikler kodlanmış protein işlevinde herhangi bir değişikliğe neden olmayan noktalarda veya DNA'nın kodlayıcı olmayan bölgelerinde olur (24).



Şekil 2. İnsan genomundaki polimorfik alanlar (23).

İnsan genomundaki polimorfik alanlar iki şekilde gösterilmiştir.(Şekil 2)

- A. Protein kodlayan bölgedeki polimorfizm
- B. Protein kodlamayan bölgedeki polimorfizm

1-Çeşitli sayıda tekrar eden diziler (VNTR: Variable Number Of Tandem Repeats)

- 1.1. Makrosatellitler
- 1.2. Minisatellitler
- 1.3. Mikrosatellitler

2-Tek nükleotid polimorfizmi (SNP: Single Nucleotide Polymorphism)

Birçok plazma proteini polimorfizm gösterir. Protein kodlayan bölgelerdeki polimorfizm gösteren plazma proteinleri arasında; α 1-antitripsin, haptoglobin, transferin, serüloplasmin, apolipoproteinler ve immünoglobulinler bulunmaktadır. Bu

tür polimorfizm çözümlenmelerinin genetik, antropolojik ve klinik olarak önem taşıdığı belirlenmiştir (24, 25).

Belirli restriksiyon endonükleaz kesilme bölgelerindeki değişimlerden oluşan RFLP'ler (Restriction Fragment Length Polymorphism) tek nükleotid polimorfizmi (SNP) olarak bilinir ve genel polimorfizm sınıflandırılmasının küçük alt grubunu oluşturur (17, 26). Tek baz değişikliği içeren lokuslarda gözlenen toplam allel sayısı az olduğundan bireyleri ayırım güçleri sınırlıdır. Bu tip polimorfizm daha çok kalıtsal hastalıkların tanısında önemlidir (4).

Variable Number Of Tandem Repeats (VNTR) lokuslarındaki polimorfizm, bireyler arasında belli bir baz diziliminin ard arda tekrarlanma sıklığındaki varyasyonlardan köken almaktadırlar. Değişik VNTR lokuslarında, tekrarlanan baz diziliminin uzunluğu farklı olmaktadır. Bu lokuslarda tekrarlanan dizilim 2-30 veya daha fazla sayıda baz çiftine sahiptir. Bu lokuslar, çok sayıda allele sahip olduklarından bireyleri ayırım güçleri yüksektir. Adli örneklerin analizinde yaygın olarak VNTR lokusları kullanılabilir (3, 4, 8, 27, 28).

1.6.1. Mikrosatellitler

Yapısal olmayan DNA bölgelerinde 2-7 baz çifti tekrar dizilerini içeren kısa ardışık tekrarlı DNA dizileri mikrosatellit diye isimlendirilir (13, 14).

Mikrosatellitlerin genom içinde kodlayıcı ve düzenleyici fonksiyonları olduğu düşünülmektedir (29). Tekrar biriminin daha kısa olması nedeniyle daha çok polimorfizm içermeleri bakımından özel bir öneme sahiptirler. Ayrıca satellit lokusları için temelde etken mutasyon mekanizması olan replikasyon kayması (replication slippage), tekrar birimi daha kısa olan bölgelerde diğer lokuslara göre daha fazla oluşmaktadır (30, 31).

1.6.2. STR (Short Tandem Repeats) Lokusları

Yapısal olmayan polimorfik bölgelere ait allellerin mutasyonları biriktirebilme özellikleri, evrimle hızının hesaplanması ve gen göçünün izlemi için daha tutarlı bilgi oluşturacağından STR (Short Tandem Repeats) gibi bölgeler filogenetik çalışmalarda ve insan yayılım modellerinin oluşturulmasında bilgi kaynağı olarak tercih edilir (32).

Devam eden çalışmalarla, özellikle kısa aralıklarla tekrarlanan baz dizilimi içeren STR lokuslarının PCR ile çoğaltılarak incelenebileceğinin gösterilmesi, adli

amaçlı DNA analizinde yeni bir dönemin açılmasına sebep olmuştur. Genomda belirlenen STR sayılarının fazla oluşu, yüksek oranda polimorfizm göstermeleri ve inceleme kolaylığı STR'lerin adli seroloji çalışmalarında ideal markerler (belirteçler) olmasını sağlamıştır. STR'lerin tekrarlanan ünitesindeki baz sayısı minisatellitlerden az olduğu için bu lokuslara mikrosatellitler de denilmektedir. Bu bölgeler insan genomu boyunca dağılmış olup, her 6-10 kb'da bir görüldüğü saptanmıştır (3, 33-35).

Short Tandem Repeats (STR) lokusları tekrarlanan ünite sayısında ve baz çifti olarak uzunluğundan kaynaklanan varyasyonların yanı sıra bazen homojen tekrar ünitelerinde nokta mutasyonları veya insersiyon/delesyonlardan kaynaklanan baz dizilim farklılıkları da göstermektedir. Bu açıdan STR'leri üç grupta incelemek mümkündür;

- a) Basit STR'ler: Baz sayısı ve baz dizilim sırası aynı olan tekrar ünitelerini içerirler. Örn: Hum CD4 (Human recognition/surface antigene gene), Hum FES/FPS (Human C-fes/fpsproto-oncogene), Hum TH01 (Human tyrosine hydroxylase gene), Hum F13A01 (Human coagulation factor XIII a subunit gene), Hum F13B (Human coagulation factor XIII b subunit gene)
- b) Bileşik STR'ler: Baz dizilim sırası birbirinden farklı olan iki veya daha fazla sayıda tekrar ünitelerinden oluşurlar. Örn: Hum vWFA31 (Human von Willebrand factor gene)
- c) Kompleks STR'ler: Baz dizilimi ve baz sayısı farklı olan birkaç tekrar bloğu içerirler. Örn: D21S11 (3, 36, 37).

Günümüzde STR lokusları, klinik ve temel bilimlerde doku kültüründe, tür identifikasyonunda, kemik iliği transplantasyonuna yönelik analizlerde, kromozom haritalanmasında, çeşitli hastalıklardan sorumlu genlerin incelenmesinde ve popülasyon genetiği çalışmalarında kullanılmaktadır. Adli serolojide ise, STR lokuslarından babalık tayini ve biyolojik materyallerden adli amaçlı kimliklendirme çalışmalarında faydalanılmaktadır (3, 27, 38-41).

Yapılan çalışmalarla 50-100 pg DNA örneğiyle STR analizi yapılabileceği saptanmıştır. Adli seroloji çalışmalarında ileri düzeyde parçalanmış ve DNA içeriği 100 ng'dan az olan biyolojik materyallerin kimliklendirilmesi gerekebilmektedir.

Diğer tüm yöntemlerle sonuç alınamayan materyallerde STR lokusları ile güvenilir sonuçlar elde edilebilmektedir (3, 27, 42, 43).

Adli tıpta babalık tayininde ve kriminal incelemelerde beş ile on altı ayrı STR lokusunun birlikte çalışılması tercih edilir. Böylece STR lokuslarının bireyleri ayırma gücü daha da artmaktadır (44).

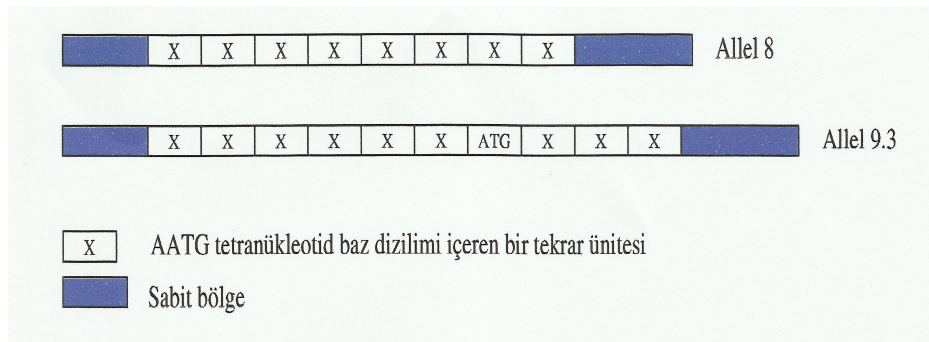
Short Tandem Repeats (STR) lokuslarının analizi genel olarak beş temel basamaktan oluşmaktadır:

1. Adli örneklerden DNA'nın ekstraksiyon ve izolasyonu,
2. Çalışılacak STR lokuslarının PCR ile çoğaltılması,
3. Çoğaltılan STR lokus allellerinin elektroforez ile ayrımı,
4. Allellerin görünür hale getirilmesi,
5. Sonuçların değerlendirilmesi (3).

1.6.2.1. STR Lokuslarının Adlandırılması

Short Tandem Repeats (STR) lokus alleleri, içerdikleri tekrar ünitesi sayısına göre isimlendirilmektedir. Bir allel ard arda tekrarlanan sekiz tane ünite içeriyorsa "allel 8" olarak adlandırılır. Bir ünitesindeki baz çifti sayısı standart tekrar ünitesinde eksik olan allellerde, tam olarak tekrarlanan ünitelerin sayısı ve eksik baz içeren ünitedeki baz sayısı yazılarak isimlendirme yapılır. Bu iki değer birbirinden ondalık nokta ile ayrılır. Örneğin, dört baz çiftlik tekrar üniteleri içeren bir STR lokusunun 9.3 alleli, allel 10'ndan yedinci tekrar ünitesinde Adenin kaybından dolayı bir baz çifti daha kısadır ve bu nedenle 9.3 olarak isimlendirilmiştir (3) (Şekil 3).

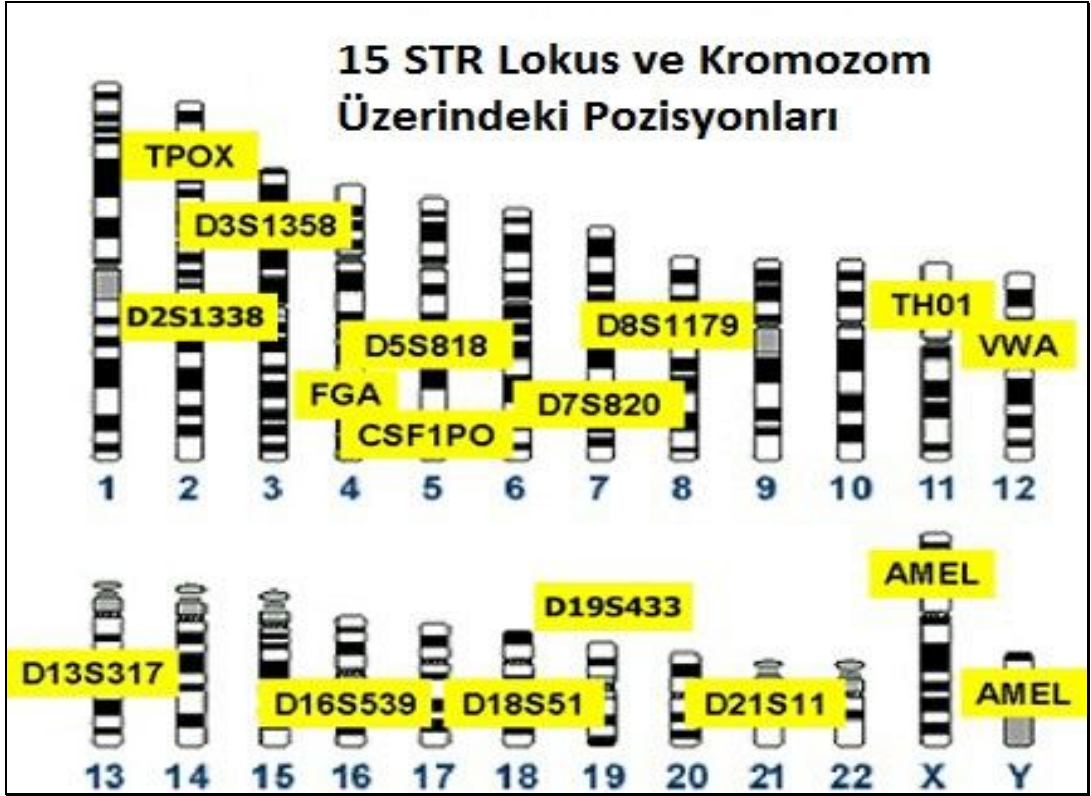
Short Tandem Repeats (STR) lokusu proteini kodlayan genle bağlantısı yoksa "D#, S#" şeklinde adlandırılır ve ilk tanımlandığı şekil temel alınır (45).



Şekil 3. STR Locus allellerinin adlandırmasının örnek şeması (3).

1.6.2.2. Birleşik DNA İndeks Sistemi (CODİS)

Aynı sayıda ve aynı gen bölgelerinin çalışılmasının pratik uygulamalardaki hedefi DNA bankalarıdır. Bu standardın sağlanabilmesi için ABD’de 1997 yılında CODIS (Combined DNA Index System) adıyla bir DNA veri bankası oluşturulmaya başlanmıştır. CODIS sistemi içinde FBI tarafından belirlenen STR lokusları yer almaktadır. Bu lokuslar D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, Amelogenin, D5S818, FGA lokuslarıdır. ABD’de 50 eyaletten elde edilen DNA profilleri ulusal veri bankasında toplanır. CODIS sisteminde DNA analizi sonucunda elde edilen barkotlar bilgisayar tarafından karşılaştırılır ve değerlendirilir. CODIS sisteminde yüksek polimorfizm içeren, DNA sarmal bölgelerindeki STR lokuslarının kromozomlar üzerindeki yerleri gösterilmiştir (22, 46-48) (Şekil 4).



Şekil 4. STR Lokusları ve Kromozom Üzerindeki Pozisyonları (49).

1.7. Mikrosatellit (STR) Lokusları

1.7.1. D8S1179 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 8. Kromozomun uzun kolu üzerinde (8q24.13) yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,14 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 8-19 tekrarlar arasında toplam 12 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini

[TCTA][TCTG] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 123-170 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 50) (Tablo 1).

1.7.2. D21S11 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 21. Kromozomun uzun kolu üzerinde (21q21.1) yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,14 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 24-38 tekrarlar arasında toplan 24 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [TCTA][TCTG] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 184-239 baz çifti arasındadır (Tablo 1) (22, 23, 48, 51).

1.7.3. D7S820 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 7. kromozomun uzun kolu üzerinde (7q21.11) yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,19 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 6-15 tekrarlar arasında toplam 10 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [GATA] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 255-291 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 52) (Tablo 1).

1.7.4. CSF1PO Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 5. Kromozomun uzun kolu üzerinde (5q33.1) insan c-CSF için proto-onkogeni-1 reseptör geni 6.intron bölümünde yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,16 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 6-15 tekrarlar arasında toplam 10 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [AGAT] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 304-341 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 53) (Tablo 1).

1.7.5. D3S1358 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 3. Kromozomun kısa kolu üzerinde (3p21.31) yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,12 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 12-19 tekrarlar arasında toplam 8 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [TCTA][TCTG] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 111-140 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 54) (Tablo 1).

1.7.6. TH01 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 11. Kromozomun kısa kolu üzerinde (11p15.5) 1. intron insan tirozin hidroksilaz geninde yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,01 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 4-13,3 tekrarlar arasında toplam 10 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [AATG] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 111-140 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 55) (Tablo 1).

1.7.7. D13S317 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 13. Kromozomun uzun kolu üzerinde (13q31.1) yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,14 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 8-15 tekrarlar arasında toplam 8 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [TATC] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 216-244 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 56) (Tablo 1).

1.7.8. D16S539 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 16. Kromozomun uzun kolu üzerinde (16q24.1) yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,11 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 5-15 tekrarlar arasında toplam 9 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [GATA] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 252-292 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 57) (Tablo 1).

1.7.9. D2S1338 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 2. Kromozomun uzun kolu üzerinde (2q35) yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,12 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 15-28 tekrarlar arasında toplam 14 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [TGCC][TTCC] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 307-358 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 58) (Tablo 1).

1.7.10. D19S433 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 19. Kromozomun uzun kolu üzerinde (19q12) yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,11 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 9-17,2 tekrarlar arasında toplam 15 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [AAGG][AAAG][TAGG] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 101-135 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 59) (Tablo 1).

1.7.11. vWA Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 12. Kromozomun kısa kolu üzerinde (12p13.31) von willebrand factor geni 40. intronda yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,17 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 11-24 tekrarlar arasında toplam 14 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [TCTA][TCTG] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 154-206 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 60) (Tablo 1).

1.7.12. TPOX Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 2. Kromozomun kısa kolu üzerinde (2p25.3) 10. intron insan troid peroksidaz geninde yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,01 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 6-13 tekrarlar arasında toplam 8 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [AATG] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 222-249 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 61) (Tablo 1).

1.7.13. D18S51 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 18. Kromozomun uzun kolu üzerinde (18q21.33) yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,22 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 7-27 tekrarlar arasında toplam 23 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [AGAA] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 262-345 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 62) (Tablo 1)

1.7.14. D5S818 Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 5. Kromozomun uzun kolu üzerinde (5q23.2) yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,11 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 7-16 tekrarlar arasında toplam 10 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [AGAT] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 134-172 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 63) (Tablo 1).

1.7.15. FGA Lokusu

Tetranükleotid tekrarlı bir lokus olup, 5. Kromozomun uzun kolu üzerinde (4q31.3) insan α -fibrinojen geninin 3. intron bölgesinde yerleşiktir. Mutasyon oranı % 0,28 olarak bulunmuştur. Şimdiye kadar 17-51,2 tekrarlar arasında toplam 28 farklı alleli tanımlanmıştır. Tekrar dizini [TTTC][CTTT][TTCC] şeklindedir. Bu allellerin fragman uzunluğu 304-341 baz çifti arasındadır (22, 23, 48, 64) (Tablo 1).

Tablo 1. Lokuslara Ait Bilgi İçerikleri

Kromozom Yerleşimi	Baz Büyüklüğü	Tekrar Dizisi	Mutasyon Oranı (%)	Primer Dizisi	Tekrar Alelleri	
D8S1179	8q24.13	123-170 bp	[TCTA][TCTG]	0,14	5'-TTTTGTATTTCATGTGTACATTTCG-3' 5'-CGTAGCTATAAATTAGTTCATTTTCA-3'	8-9-10-11-12-13-14-15-16-17-18-19
D21S11	21q21.1	184-239 bp	[TCTA][TCTG]	0,14	5'-GTG AGT CAA TTC CCC AAG-3' 5'-GTT GTA TTA GTC AAT GTT CTC C-3'	24-24,2-25-26-27-28-28,2-29-29,2-30-30,2-31-31,2-32-32,2-33-33,2-34,2-35-35,2-36-37-38
D7S820	7q21.11	255-291 bp	[GATA]	0,19	5'-TGTCATAGTTTAGAACGAACAACTAACG-3' 5'-CTGAGGTATCAAAAACCTCAGAGG-3'	6-7-8-9-10-11-12-13-14-15
CSF1PO	5q33.1	304-341 bp	[AGAT]	0,16	5'-AACCTGAGTCTGCCAAGGACTAGC-3' 5'-TTCCACACACCACTGGCCATCTTC-3'	6-7-8-9-10-11-12-13-14-15
D3S1358	3p21.31	111-140 bp	[TCTA][TCTG]	0,12	5'-ACT GCA GTC CAA TCT GGG T-3' 5'-ATG AAA TCA ACA GAG GCT TG-3'	12-13-14-15-16-17-18-19
THO1	11p15.5	163-201 bp	[AATG]	0,01	5'-GTGGGCTGAAAAGCTCCCATTAT-3' 5'-ATTCAAAGGGTATCTGGGCTCTGG-3'	4-5-6-7-8-9-9,3-10-11-13,3
D13S317	13q31.1	216-244 bp	[TATC]	0,14	5'-ACAGAAGTCTGGGATGTGGA-3' 5'-GCCCAAAAAGACAGACAGAA-3'	8-9-10-11-12-13-14-15
D16S539	16q24.1	252-292 bp	[GATA]	0,11	5'-GATCCCAAGCTCTTCTCTT-3' 5'-ACGTTTGTGTGTCATCTGT-3'	5-8-9-10-11-12-13-14-15
D2S1338	2q35	307-358 bp	[TGCC][TTCC]	0,12	5'-CAGTGGATTTGGAAAACAGAAATG-3' 5'-TCAGTAAGTTAAAGGATTGCAGG-3'	15-16-17-18-19-20-21-22-23-24-25-26-27-28
D19S433	19q12	101-135 bp	[AAGG][AAAG][TAGG]	0,11	5'-CCTGGGCAACAGAATAAGAT-3' 5'-TAGGTTTTTAAGGAACAGGTGG-3'	9-10-11-12-12,2-13-13,2-14-14,2-15-15,2-16-16,2-17-17,2
vWA	12p13.31	154-206 bp	[TCTA][TCTG]	0,17	5'-CCCTAGTGGATAAGAATAATC-3' 5'-GGACAGATGATAAATACATAGGATGGATGG-3'	11-12-13-14-15-16-17-18-19-20-21-22-23-24
TPOX	2p25.3	222-249 bp	[AATG]	0,01	5'-ACTGGCACAGAACAGGCACTTAGG-3' 5'-GGAGGAACTGGGAACACACAGGT-3'	6-7-8-9-10-11-12-13
D18S51	18q21.33	262-345 bp	[AGAA]	0,22	5'-CAA ACC CGA CTA CCA GCA AC-3' 5'-GAG CCA TGT TCA TGC CAC TG-3'	7-9-10-10,2-11-12-13-13,2-14-14,2-15-16-17-18-19-20-21-22-23-24-25-26-27
D5S818	5q23.2	134-172 bp	[AGAT]	0,11	5'-GGGTGATTTTCTCTTTGGT-3' 5'-TGATTCCAATCATAGCCACA-3'	7-8-9-10-11-12-13-14-15-16
FGA	4q31.3	304-341 bp	[TTTC][CTTT][TTCC]	0,28	5'-GCCCCATAGGTTTTGAACCTCA-3' 5'-TGATTTGTCTGTAATTGCCAGC-3'	17-18-19-20-21-22-23-24-25-26-26,2-27-28-29-30-30,2-31,2-32,2-33-34,2-43,2-44,2-45,2-46,2-47,2-48-50,2-51,2

2. GEREÇ VE YÖNTEM

2.1. İncelenen STR Lokusları ve Çalışma Grupları

Bu çalışma kapsamında incelemeye alınan Elazığ İli ve çevre illerin (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) birbirleriyle akrabalık bağı bulunmayan yerli halk popülasyonlarına ait her ilden 50 birey olmak üzere toplam 250 bireye çalışmanın amacı ve yöntemi hakkında bilgi verilip, bireylerden araştırmada yer almaları hususunda alınan izinler dahilinde EDTA'lı tüpe 1cc kan örneği alınarak Fırat Üniversitesi Hastanesi Adli Tıp Anabilim Dalı Başkanlığı bünyesinde kurulu olan DNA Laboratuvarında çalışılmıştır. Çalışmamıza dahil olan bireylere ait incelenen 15 STR Lokusları ise; D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA'dır.

2.2. Araştırmada Kullanılan Cihazlar

Bu çalışma esnasında kullanılan cihazlar; ABI PRISM 310 Genetik Analizör, Applied Biosystems GeneAmp PCR System 9700 Thermal-Cycler, Eppendorf Vortex3 ve termal şeykır, Nü ve 120 Laminar Flow, Sigma Santrifüj ile Isoterm Pipetlerdir.

2.3. DNA İzolasyonu

1. 1,5 ml'lik bir mikrosantrifüj tüpü içerisine 200 mikrolitre kan örneği, 20 mikrolitre Proteinaz K ve 250 mikrolitre solüsyon B (Binding Buffer) konulup vortekslendikten sonra 65°C'de 15 dakika Termal şeykır'da inkübe edildi.
2. Tüp içerisine 200 mikro litre etanol (%96-100) eklenip vortekslendikten sonra karışım, spin filtreli kolon yerleştirilmiş yeni bir toplama tüpüne aktarıldı.
3. Karışımın aktarıldığı toplama tüpü 6000 x g'de 1 dakika santrifüj edildi ve spin filtreli kolon yeni bir toplama tüpüne yerleştirildi.
4. Filtre üzerine 700 mikrolitre W1 (Wash Buffer 1) eklenip 6000 x g'de 1 dakika santrifüj edildi ve spin filtreli kolon yeni bir toplama tüpüne konuldu.
5. Filtre üzerine 700 mikrolitre W2 (Wash Buffer 2) eklenip 10000 x g'de 30 saniye santrifüj edildi ve toplama tüpündeki sıvı atıldı.
6. Toplama tüpü 14000 x rpm'de 30 saniye santrifüj yapıldı ve spin filtreli kolon yeni bir 1,5 mikrolitrelik tüpe aktarıldı.

7. Daha önceden 70°C'ye ısıtılmış 200 mikrolitre Solusyon E (Elotion Buffer) toplama tüpünde filtre üzerine eklendi ve oda sıcaklığında 3 dakika inkübe edildi.
8. Toplama tüpü 14000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildikten sonra spin filtreli kolon atıldı ve elde edilen DNA örneği çalışılmak üzere +4°C'de bekletildi.

2.4. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

İzole edilen DNA örneklerinde her bir lokus, o lokusa spesifik olan primerler ile uygun PCR protokollerinde çoğaltılmıştır.

Deoksiribonükleik asit ürünlerinin, Amp F / STR İdentifiler PCP Amplification Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) ile uygun protokol kullanılarak amplifikasyonları sağlandı. Her bir örnek için PCR tüpüne 10,5 mikrolitre PCR Reaction Mix, 5,5 mikrolitre Primer Set, 0,5 mikrolitre Taq Gold DNA Polymerase ve 10 mikrolitre dilüsyon yapılmış olan DNA örneği konularak miks hazırlandı ve aşağıdaki PCR protokolüne göre her bir DNA örneğine Thermal-Cyclers (PCR Cihazı)'da PCR işlemi uygulandı.

Çalışmamızdaki STR lokusları için uygulanan PCR protokolü:

- Başlangıç denatürasyonu 95°C'de 3 dakika,
- Denatürasyon 94°C'de 1 dakika, Primerlerin bağlanması 59°C'de 1 dakika, Primerlerin uzaması 72°C'de 1 dakika (28 döngü),
- Sonlanma basamağı 60°C'de 10 dakika,

2.5. Elektroforez ve Tiplendirme

Elde edilen PCR ürünlerini tiplendirmek için ABI 310 Genetik Analiz cihazında yürütülerek, analiz edilip pik değerleri çıkartıldı. Genetik analiz cihazına konulmadan önce 310 sekans tüplerine; 12 mikrolitre formamid, 0,5 mikrolitre Gene Scan 500 Liz Size Standart, 1Mikrolitre PCR ürünü DNA örneği konuldu ve kapakları kapatıldı. Ayrıca her yürütme sırasında, bir sekans tüpüne 1 mikrolitre Amp F / STR İdentifiler Kit Allelic Laddler konuldu. Örnekler 95°C'de inkübe edildi. Denatürasyon sonrası tüpler -20°C'de 3 dakika bekletildi ve elektroforez cihazına yüklendi. Elektroforez sona erdikten sonra sonuçlar GeneMapper ID v 3.2 programı ile analiz edildi. Elde edilen bu değerler Sequencer Ladders referans alınarak karşılaştırılıp, allel frekansları analiz edilmek üzere tablolar haline getirildi.

3. BULGULAR

D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818, FGA lokuslarından her il için elde edilen tüm veriler PowerStarts v.1.2'de ve Arlequin Software 3.11 programlarında allel frekansları hesaplandı ve lokuslar kendi aralarında karşılaştırılıp, farklılıklar istatistiksel olarak değerlendirildi.

Hardy-Weinberg (HW) dengesine uyumu, heterozigotluk (He) ve Homozigotluk (Ho) oranları, dışlama gücü (PE), ayırım gücü (PD), uyuşma olasılığı (MP), Polimorfik bilgi içeriği (PIC), tipik babalık indeksi (TPI), P-value, gözlenen (Ho) ve beklenen He değerleri tablo şeklinde sunulmuştur.

Bonferroni düzeltmesi; bağımlı veya bağımsız istatistiksel testlerde, aynı anda çoklu karşılaştırma çalışmalarında kullanılan bir alfa değeri ($\alpha=0.05$), yalancı pozitif veya bizim çalışmamız için olabilecek null (boş) allel düzeltmelerinde, bu α tipi hatayı 0,05'in altına çekmek için kullanılır. 15 STR lokusu için bu düzetme $\alpha=0,05/15=0.0033$ olarak hesaplandı. HW eşitliğine uygunluğu $\alpha=0.0033$ değeriyle karşılaştırılarak yapıldı. Bu yeni değerinin kullanılması "bonferroni düzeltmesi" olarak bilinmektedir.

3.1. D8S1179 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl illerinde 9, Diyarbakır'da 6 homozigot allel çiftine ve Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl illerinde 41, Diyarbakır'da 44 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. D8S1179 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Bingöl ile Diyarbakır'da 14, Malatya ile Tunceli'de 13 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ'da 8-9, Malatya'da 9-17, Tunceli'de 9, Bingöl ile Diyarbakır'da 8-17 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip Elazığ ile Diyarbakır'da 14-15 allel çifti, Malatya'da 13-15 allel çifti, Tunceli'de, Bingöl'de 13-14 allel çifti olarak gözlemlendi. Gözlenmeyen alleller ise, Elazığ'da 17-18-19, Malatya ile Tunceli'de 8-18-19, Bingöl ile Diyarbakır'da 18-19'dur.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p<0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (Ho) değerleri Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl

için 0,82000 ve Diyarbakır'da 0,88000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,81414, Malatya'da 0,83838, Tunceli'de 0,82505, Bingöl'de 0,85333, Diyarbakır'da 0,83899 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,34880, Malatya'da 0,70541, Tunceli'de 0,26967, Bingöl'de 0,50978 ve Diyarbakır'da 0,82197 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,78, Malatya ile Diyarbakır'da 0,81, Tunceli'de 0,79, Bingöl'de 0,83 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl'de 2,78 ve Diyarbakır'da 4,17 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl'de 0,637 ve Diyarbakır'da ise 0,755 olarak gözlemlendi. Ayrılma Gücü (PD) değeri; Elazığ ile Tunceli'de 0,923, Malatya'da 0,939, Bingöl'de 0,942 ve Diyarbakır'da 0,937 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ ile Tunceli'de 0,077, Malatya'da 0,061, Bingöl'de 0,058 ve Diyarbakır'da 0,063 olarak belirlenmiştir.

3.2. D21S11 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ'da 5, Malatya, Bingöl Diyarbakır illerinde 10, Tunceli'de 9 homozigot allel çiftine ve Elazığ'da 45, Malatya, Bingöl, Diyarbakır'da 40 ve Tunceli'de 41 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. D21S11 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Tunceli, Bingöl ile Diyarbakır'da 29, Malatya'da 30 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ'da 26-27, Malatya'da 32-33, Tunceli'de 33, Bingöl'de 26-32 ve Diyarbakır'da 30,2-32 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ'da 28-29, 29-30, 29-31,2 allel çiftleri, Malatya'da 28-30 allel çifti, Tunceli'de 28-30, 29-29, 30-31,2, Bingöl'de 29-30 allel çifti, Diyarbakır'da 29-29, 29-30 allel çiftleri olarak gözlemlendi. Gözlenmeyen alleller ise, tüm illerde 24-24,2-25-28,2-29,2-35-35,2-36-37-38; ayrıca Elazığ ile Bingöl'de 33-34-34,2, Malatya ile Tunceli'de 26-34-34,2 8-18-19 ve Diyarbakır'da 26-34'dür.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ'da 0,90000, Malatya, Bingöl için 0,80000, Diyarbakır'da 0,98629 ve Tunceli'de 0,82000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,88697, Malatya'da 0,83939, Tunceli'de

0,85616, Bingöl'de 0,84263, Diyarbakır'da 0,85354 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,96885, Malatya'da 0,26032, Tunceli'de 0,15270, Bingöl'de 0,20120 ve Diyarbakır'da 0,98909 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ, Tunceli, Diyarbakır'da 0,83, Malatya'da 0,81 ve Bingöl'de 0,82 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ'da 5,00, Malatya, Bingöl, Diyarbakır'da 2,50 ve Tunceli'de 2,78 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ'da 0,795, Malatya, Bingöl, Diyarbakır'da 0,599 ve Tunceli'de 0,637 olarak gözlemlendi. Ayrıklama Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,946, Malatya'da 0,938, Tunceli ile Bingöl'de 0,942 ve Diyarbakır'da 0,956 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,054, Malatya'da 0,062, Tunceli ile Bingöl'de 0,058 ve Diyarbakır'da 0,044 olarak belirlenmiştir.

3.3. D7S820 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ, Tunceli Bingöl'de 11, Malatya'da 7, Diyarbakır'da 16 homozigot allel çiftine ve Elazığ, Tunceli Bingöl'de 39, Malatya'da 43, Diyarbakır'da 34 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. D7S820 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ ile Bingöl'de 10, Malatya, Tunceli ile Diyarbakır'da 11 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ, Tunceli ile Bingöl'de 7 ve Malatya ile Diyarbakır'da 13 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ'da 8-10, 8-12 allel çiftleri, Malatya'da 10-11, 11-12 allel çiftleri, Tunceli ile Bingöl illerinde 10-11 allel çifti, Diyarbakır'da 10-10, 11-11 allel çiftleri olarak gözlemlendi. Gözlenmeyen alleller ise, tüm illerde 6-14-15; ayrıca Tunceli'de 13'tür.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ, Tunceli ile Bingöl illerinde 0,78000, Malatya'da 0,86000 ve Diyarbakır'da 0,68000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,82465, Malatya'da 0,79960, Tunceli'de 0,77939, Bingöl'de 0,77858, Diyarbakır'da 0,81091 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,91679, Malatya'da 0,53021, Tunceli'de 0,06867, Bingöl'de 0,84865 ve Diyarbakır'da 0,26521 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,79, Malatya'da 0,76, Tunceli ile Bingöl'de 0,74, ve Diyarbakır'da 0,77 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ, Tunceli ile Bingöl'de 2,27, Malatya'da 3,57 ve Diyarbakır'da 1,56 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ, Tunceli, Bingöl illerinde 0,562, Malatya'da 0,715 ve Diyarbakır'da 0,398 olarak gözlemlendi. Ayrılma Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,938, Malatya'da 0,905, Tunceli'de 0,887, Bingöl'de 0,905 ve Diyarbakır'da 0,928 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,062, Malatya ile Bingöl'de 0,095, Tunceli'de 0,113 ve Diyarbakır'da 0,072 olarak belirlenmiştir.

3.4. CSF1PO Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ, Bingöl ile Diyarbakır'da 15, Malatya'da 12, Tunceli'de 14 homozigot allel çiftine ve Elazığ, Bingöl ile Diyarbakır'da 35, Malatya'da 38, Tunceli'de 36 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. CSF1PO Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ ile Bingöl'de 12, Malatya, Tunceli ile Diyarbakır'da 11 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ'da 8, Malatya ile Tunceli'de 9 ve Bingöl ile Diyarbakır'da 8-15 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ'da 10-11, 10-12, 11-12, 12-12 allel çiftleri, Malatya'da 10-11 allel çiftleri, Tunceli'de 10-11, 11-12 allel çiftleri, Bingöl'de 10-12 allel çifti, Diyarbakır'da 11-12 allel çifti olarak gözlemlendi. Gözlenmeyen alleller ise, tüm illerde 6-7; ayrıca Elazığ'da 15, Malatya ile Tunceli'de 8-14-15 ve Diyarbakır'da 14'tür.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ, Bingöl, Diyarbakır illerinde 0,70000, Malatya'da 0,76000 ve Tunceli'de 0,72000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,75273, Malatya'da 0,70283, Tunceli'de 0,69980, Bingöl'de 0,76606, Diyarbakır'da 0,74283 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,13326, Malatya'da 0,81379, Tunceli'de 0,58204, Bingöl'de 0,24855 ve Diyarbakır'da 0,85765 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,70, Malatya ile Tunceli'de 0,63, Bingöl'de 0,72 ve Diyarbakır'da 0,69 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi

(TPI) değeri; Elazığ, Bingöl, Diyarbakır illerinde 1,67, Malatya'da 2,08 ve Tunceli'de 1,79 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ, Bingöl, Diyarbakır illerinde 0,428, Malatya'da 0,527 ve Tunceli'de 0,460 olarak gözlemlendi. Ayrıklama Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,882, Malatya'da 0,829, Tunceli'de 0,836, Bingöl'de 0,890 ve Diyarbakır'da 0,883 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,118, Malatya'da 0,171, Bingöl'de 0,110, Tunceli'de 0,164 ve Diyarbakır'da 0,117 olarak belirlenmiştir.

3.5. D3S1358 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ, Bingöl ile Diyarbakır'da 12, Malatya ile Tunceli'de 8 homozigot allel çiftine ve Elazığ, Bingöl ile Diyarbakır'da 38, Malatya ile Tunceli'de 32 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. D3S1358 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır'da 15, Malatya'da 16 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ, Malatya, Tunceli ile Bingöl illerinde 19 ve Diyarbakır'da 14 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ, Malatya ile Diyarbakır'da 15-16 allel çifti, Tunceli'de 16-17 allel çifti, Bingöl'de 15-15, 15-16 allel çiftleri olarak gözlemlendi. Gözlenmeyen alleller ise, tüm illerde 12; ayrıca Malatya, Tunceli ile Bingöl'de 13 ve Diyarbakır'da 13-19'dur.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ, Bingöl, Diyarbakır illerinde 0,76000, Malatya ile Tunceli'de 0,86000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,78687, Malatya'da 0,77778, Tunceli'de 0,75758, Bingöl'de 0,76707, Diyarbakır'da 0,76667 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,62721, Malatya'da 0,90672, Tunceli'de 0,31870, Bingöl'de 0,73086 ve Diyarbakır'da 0,50974 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,75, Malatya'da 0,73, Tunceli'de 0,71, Bingöl ile Diyarbakır'da 0,72 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ, Bingöl, Diyarbakır illerinde 2,08, Malatya ile Tunceli'de 3,13 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ, Bingöl ile Diyarbakır'da 0,527, Malatya ile Tunceli'de 0,675 olarak gözlemlendi. Ayrıklama Gücü

(PD) değeri; Elazığ'da 0,904, Malatya'da 0,899, Tunceli'de 0,876, Bingöl'de 0,900 ve Diyarbakır'da 0,894 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,096, Malatya'da 0,101, Tunceli'de 0,125, Bingöl'de 0,100, ve Diyarbakır'da 0,106 olarak belirlenmiştir.

3.6. TH01 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ'da 14, Malatya'da 9, Tunceli ile Diyarbakır illerinde 11, Bingöl'de 13 homozigot allel çiftine ve Elazığ'da 36, Malatya'da 41, Tunceli ile Diyarbakır illerinde 39, Bingöl'de 37 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. TH01 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Tunceli'de 9, Malatya ile Diyarbakır illerinde 6, Bingöl'de 9,3 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ, Tunceli ile Bingöl illerinde 11, Malatya, Tunceli ile Diyarbakır'da 10 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ ile Diyarbakır'da 6-9 alel çifti, Malatya ile Tunceli'de 6-7 allel çifti, Bingöl'de 6-8, 9,3-9,3 allel çiftleri olarak gözlendi. Gözlenmeyen alleller ise, tüm illerde 4-5-13,3; ayrıca Malatya ile Diyarbakır illerinde 11'dir.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ'da 0,72000, Malatya'da 0,82000, Tunceli ile Diyarbakır illerinde 0,78000, Bingöl 0,74000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,81030, Malatya'da 0,81212, Tunceli'de 0,81414, Bingöl'de 0,79434, Diyarbakır'da 0,78343 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,05967, Malatya'da 0,81794, Tunceli'de 0,26862, Bingöl'de 0,29556 ve Diyarbakır'da 0,81422 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ ile Malatya'da 0,77, Tunceli'de 0,78, Bingöl'de 0,75 ve Diyarbakır'da 0,74 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ'da 1,79, Malatya'da 2,78, Tunceli'de 2,27, Bingöl'de 1,92 ve Diyarbakır'da 2,27 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ'da 0,460, Malatya'da 0,637, Tunceli ve Diyarbakır illerinde 0,562, Bingöl'de 0,493 olarak gözlendi. Ayrıklama Gücü (PD) değeri; Elazığ ile Tunceli'de 0,918, Malatya'da 0,923, Bingöl'de 0,912 ve Diyarbakır'da 0,908 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı

(MP) değeri; Elazığ ile Tunceli illerinde 0,082, Malatya'da 0,077, Bingöl'de 0,088, ve Diyarbakır'da 0,092 olarak belirlenmiştir.

3.7. D13S317 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ, Malatya ile Tunceli illerinde 14, Bingöl'de 13, Diyarbakır'da 16 homozigot allel çiftine ve Elazığ, Malatya ile Tunceli illerinde 36, Bingöl'de 37 ve Diyarbakır'da 34 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. D13S317 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır illerinde 12 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ ile Bingöl'de 9, Malatya'da 10-14, Tunceli ile Diyarbakır illerinde 14 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ ile Diyarbakır'da 12-12 alel çifti, Malatya ile Tunceli'de 11-12 allel çifti, Bingöl'de 11-12, 12-12, 12-13 allel çiftleri olarak gözlendi. Gözlenmeyen alleller ise, her il için 15; ayrıca Elazığ ili için 14'dür.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ, Malatya ile Tunceli illerinde 0,72000, Bingöl 0,74000 ve Diyarbakır'da 0,68000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,77273, Malatya'da 0,79414, Tunceli'de 0,83111, Bingöl'de 0,77576, Diyarbakır'da 0,76646 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,34664, Malatya'da 0,16329, Tunceli'de 0,47297, Bingöl'de 0,80518 ve Diyarbakır'da 0,54417 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,74, Malatya'da 0,76, Tunceli'de 0,80, Bingöl ile Diyarbakır illerinde 0,74 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ, Malatya ile Tunceli'de 1,79, Bingöl'de 0,92 ve Diyarbakır'da 0,56 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ, Malatya ile Tunceli illerinde 0,460, Bingöl'de 0,493 ve Diyarbakır'da 0,398 olarak gözlendi. Ayrımlama Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,910, Malatya'da 0,917, Tunceli'de 0,938, Bingöl'de 0,909 ve Diyarbakır'da 0,908 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,090, Malatya'da 0,083, Tunceli'de 0,062, Bingöl'de 0,091 ve Diyarbakır'da 0,092 olarak belirlenmiştir.

3.8. D16S539 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ ile Diyarbakır'da 12, Malatya'da 15, Tunceli 10, Bingöl'de 14 homozigot allel çiftine ve Elazığ ile Diyarbakır'da 38, Malatya'da 35, Tunceli'de 40 ve Bingöl'de 36 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. D16S539 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Tunceli ve Diyarbakır illerinde 11, Malatya ile Bingöl'de 12 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ ile Tunceli illerinde 14, Malatya ile Diyarbakır'da 8, Bingöl ili için 10 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ'da 9-11, Malatya, Tunceli, Bingöl ile Diyarbakır illerinde 11-12 allel çiftleri olarak gözlemlendi. Gözlenmeyen alleller ise, her il için 5-15; ayrıca Malatya, Bingöl ve Diyarbakır illeri için 14'dür.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ ile Diyarbakır illerinde 0,76000, Malatya'da 0,70000, Tunceli'de 0,80000 ve Bingöl'de 0,72000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,81394, Malatya'da 0,77071, Tunceli'de 0,74384, Bingöl'de 0,78323, Diyarbakır'da 0,78121 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,13450, Malatya'da 0,13248, Tunceli'de 0,83175, Bingöl'de 0,10839 ve Diyarbakır'da 0,93681 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,78, Malatya'da 0,73, Tunceli'de 0,69, Bingöl ile Diyarbakır illerinde 0,74 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ'da 2,08, Malatya 1,67, Tunceli'de 2,50, Bingöl'de 1,79 ve Diyarbakır'da 2,08 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ'da 0,527, Malatya'da 0,428, Tunceli'de 0,599, Bingöl'de 0,460 ve Diyarbakır'da 0,527 olarak gözlemlendi. Ayrıklama Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,920, Malatya'da 0,902, Tunceli'de 0,866, Bingöl'de 0,906 ve Diyarbakır'da 0,914 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,080, Malatya'da 0,098, Tunceli'de 0,134, Bingöl'de 0,094 ve Diyarbakır'da 0,086 olarak belirlenmiştir.

3.9. D2S1338 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ ile Tunceli'de 6,

Malatya'da 8, Bingöl'de 9, Diyarbakır'da 7 homozigot allel çiftine ve Elazığ ile Tunceli'de 34, Malatya'da 32, Bingöl'de 41, Diyarbakır'da 43 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. D2S1338 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Malatya ve Diyarbakır illerinde 17, Tunceli'de 23, Bingöl'de 20 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ'da 16-27, Malatya ve Tunceli illerinde 25, Bingöl ile Diyarbakır'da 27 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ'da 18-23, 17-24 allel çiftleri, Malatya'da 19-20 allel çifti, Tunceli'de 19-23 allel çifti, Bingöl'de 18-20, 20-20, 20-23, 23-23 allel çiftleri ile Diyarbakır'da 17-20 allel çifti olarak gözlemlendi. Gözlenmeyen alleller ise, her il için 15-28; ayrıca Malatya'da 26-27, Tunceli ile Diyarbakır illerinde 26'dır.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ ile Tunceli illerinde 0,88000 ile, Malatya'da 0,84000, Bingöl'de 0,82000 ve Diyarbakır'da 0,86000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,88567, Malatya'da 0,86667, Tunceli'de 0,87434, Bingöl'de 0,89434, Diyarbakır'da 0,86869 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,86006, Malatya'da 0,66920, Tunceli'de 0,08668, Bingöl'de 0,48456 ve Diyarbakır'da 0,03371 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,86, Malatya'da 0,84, Tunceli ile Diyarbakır illerinde 0,85, Bingöl'de 0,87 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ ile Tunceli'de 4,17, Malatya 3,13, Bingöl'de 2,78 ve Diyarbakır'da 3,57 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ ile Tunceli illeri 0,755, Malatya'da 0,675, Bingöl'de 0,637 ve Diyarbakır'da 0,715 olarak gözlemlendi. Ayrılma Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,960, Malatya'da 0,938, Tunceli'de 0,943, Bingöl'de 0,964 ve Diyarbakır'da 0,944 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,040, Malatya'da 0,047, Tunceli'de 0,057, Bingöl'de 0,036 ve Diyarbakır'da 0,056 olarak belirlenmiştir.

3.10. D19S433 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ'da 11, Malatya ile Bingöl illerinde 9, Tunceli'de 8, Diyarbakır'da 14 homozigot allel çiftine ve Elazığ'da 39, Malatya ile Bingöl illerinde 41, Tunceli'de 42, Diyarbakır'da 36 heterozigot allel

çiftlerine rastlanıldı. D19S433 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ile Diyarbakır illerinde 14 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ'da 17, Malatya'da 16,2, Bingöl'de 11, Diyarbakır'da 11-17,2 ve Tunceli'de 11-13,2-16,2-17-17,2 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ, Tunceli ile Bingöl illerinde 13-14 allel çifti, Malatya'da 12-14 allel çifti ve Diyarbakır'da 14-14 allel çifti olarak gözlemlendi. Gözlenmeyen alleller ise, her il için 9-10-12,2; ayrıca Elazığ'da 11-17,2, Malatya'da 11-13,2-17-17,2, Bingöl'de 17-17,2 ve Diyarbakır ilinde 17'dir.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ'da 0,78000, Malatya ile Bingöl'de 0,82000, Tunceli'de 0,84000 ve Diyarbakır'da 0,72000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,81677, Malatya'da 0,82990, Tunceli'de 0,81333, Bingöl'de 0,81192, Diyarbakır'da 0,82384 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,79418, Malatya'da 0,75926, Tunceli'de 0,08690, Bingöl'de 0,05075 ve Diyarbakır'da 0,00230 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ, Tunceli ile Bingöl illerinde 0,78, Malatya ile Diyarbakır'da 0,80 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ'da 2,27, Malatya ile Bingöl'de 2,78, Tunceli'de 3,13 ve Diyarbakır'da 1,79 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ'da 0,562, Malatya ile Bingöl illerinde 0,637, Tunceli'de 0,675 ve Diyarbakır'da 0,460 olarak gözlemlendi. Ayrıklama Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,933, Malatya'da 0,938, Tunceli'de 0,910, Bingöl'de 0,918 ve Diyarbakır'da 0,914 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,067, Malatya'da 0,062, Tunceli'de 0,090, Bingöl'de 0,082 ve Diyarbakır'da 0,086 olarak belirlenmiştir.

3.11. vWA Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ'da 7, Malatya'da 11, Tunceli ile Bingöl illerinde 15, Diyarbakır'da 12 homozigot allel çiftine ve Elazığ'da 43, Malatya'da 39, Tunceli ile Bingöl illerinde 35, Diyarbakır'da 38 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. vWA Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Malatya, Bingöl illerinde 17, Tunceli ile Diyarbakır

illerinde 16 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ, Tunceli ile Bingöl'de 13, Malatya'da 14 ve Diyarbakır'da 15 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ'da 16-17, 17-18 allel çiftleri, Malatya ile Bingöl illerinde 16-17 allel çifti Diyarbakır'da 16-18 allel çifti olarak gözlendi. Gözlenmeyen alleller ise, her il için 11-12-21-22-23-24; ayrıca Malatya ile Diyarbakır'da 13-20 ve Tunceli'de 20'dir.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ'da 0,86000, Malatya'da 0,78000, Tunceli ile Bingöl'de 0,70000 ve Diyarbakır'da 0,76000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,82424, Malatya'da 0,81495, Tunceli'de 0,81131, Bingöl'de 0,81091, Diyarbakır'da 0,83030 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,82346, Malatya'da 0,07230, Tunceli'de 0,23607, Bingöl'de 0,00367 ve Diyarbakır'da 0,71913 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,79, Malatya ile Tunceli illerinde 0,78, Bingöl'de 0,77 ve Diyarbakır'da 0,80 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ'da 3,57, Malatya'da 2,27, Tunceli ile Bingöl'de 1,67 ve Diyarbakır'da 2,08 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ'da 0,715, Malatya'da 0,562, Tunceli ile Bingöl illerinde 0,428 ve Diyarbakır'da 0,527 olarak gözlendi. Ayrılama Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,926, Malatya'da 0,918, Tunceli'de 0,926, Bingöl'de 0,914 ve Diyarbakır'da 0,938 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,074, Malatya'da 0,082, Tunceli'de 0,074, Bingöl'de 0,086 ve Diyarbakır'da 0,062 olarak belirlenmiştir.

3.12. TPOX Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ'da 20, Malatya'da 21, Tunceli'de 15, Bingöl'de 13, Diyarbakır'da 19 homozigot allel çiftine ve Elazığ'da 30, Malatya'da 29, Tunceli'de 35, Bingöl'de 37, Diyarbakır'da 31 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. TPOX Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır illerinde 8 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ ile Bingöl'de 12, Malatya'da 13, Tunceli'de 6-12 ve Diyarbakır'da 6 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ, Malatya, Tunceli ile Bingöl illerinde 8-8 ve Diyarbakır'da 8-8, 8-11 allel çiftleri olarak

gözlendi. Gözlenmeyen alleller ise, Elazığ ile Bingöl'de 6-7-13, Malatya'da 6-7, Tunceli'de 13 ve Diyarbakır'da 7-13'dür.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ'da 0,60000, Malatya'da 0,58000, Tunceli'de 0,70000, Bingöl'de 0,74000 ve Diyarbakır'da 0,62000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,62828, Malatya'da 0,68707, Tunceli'de 0,67778, Bingöl'de 0,70646, Diyarbakır'da 0,68768 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,26280, Malatya'da 0,68241, Tunceli'de 0,59256, Bingöl'de 0,84221 ve Diyarbakır'da 0,05219 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,58, Malatya'da ile Tunceli illerinde 0,63, Bingöl'de 0,66 ve Diyarbakır'da 0,63 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ'da 1,25, Malatya'da 1,19, Tunceli'de 1,67, Bingöl'de 1,92 ve Diyarbakır'da 1,32 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ'da 0,291, Malatya'da 0,268, Tunceli'de 0,428, Bingöl'de 0,493 ve Diyarbakır'da 0,316 olarak gözlendi. Ayrıklama Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,808, Malatya'da 0,854, Tunceli'de 0,843, Bingöl'de 0,863 ve Diyarbakır'da 0,834 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,192, Malatya'da 0,146, Tunceli'de 0,157, Bingöl'de 0,137 ve Diyarbakır'da 0,166 olarak belirlenmiştir.

3.13. D18S51 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ'da 13, Malatya'da 9, Tunceli'de 10, Bingöl ile Diyarbakır'da 12 homozigot allel çiftine ve Elazığ'da 37, Malatya'da 41, Tunceli'de 40, Bingöl ile Diyarbakır'da 38 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. D18S51 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Malatya, Bingöl, Diyarbakır illerinde 14, Tunceli'de 14-15 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ'da 11, Malatya, Tunceli, Bingöl illerinde 20 ve Diyarbakır'da 10-20-22 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ'da 14-14 allel çifti, Malatya'da 13-14,15-15 allel çiftleri, Tunceli'de 15-15 allel çifti, Diyarbakır'da 14-14 allel çifti ve Bingöl'de 13-14, 13-17, 14-14, 15-15, 16-17 allel çiftleri olarak gözlendi. Gözlenmeyen alleller ise, her il için 7-9-10,2-13,2-14,2-21-

23-24-25-26-27 ayrıca Elazığ'da 10-20-22, Malatya, Tunceli ile Bingöl illerinde 10-22'dir.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ'da 0,74000, Malatya'da 0,82000, Tunceli'de 0,80000, Bingöl ile Diyarbakır illerinde 0,76000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,85960, Malatya'da 0,84909, Tunceli'de 0,87071, Bingöl'de 0,87657, Diyarbakır'da 0,86929 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,00993, Malatya'da 0,42501, Tunceli'de 0,24736, Bingöl'de 0,52785 ve Diyarbakır'da 0,80009 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,83, Malatya'da 0,82, Tunceli, Bingöl ile Diyarbakır illerinde 0,85 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ'da 1,92, Malatya'da 2,78, Tunceli'de 2,50, Bingöl ile Diyarbakır'da 2,08 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ'da 0,493, Malatya'da 0,637, Tunceli'de 0,599, Bingöl ile Diyarbakır illerinde 0,527 olarak gözlemlendi. Ayrıklama Gücü (PD) değeri; Elazığ ile Malatya'da 0,943, Tunceli'de 0,952, Bingöl'de 0,960 ve Diyarbakır'da 0,962 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ ile Malatya'da 0,057, Tunceli'de 0,048, Bingöl'de 0,040 ve Diyarbakır'da 0,038 olarak belirlenmiştir.

3.14. D5S818 Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ'da 15, Malatya'da 12, Tunceli'de 14, Bingöl'de 11, Diyarbakır'da 8 homozigot allel çiftine ve Elazığ'da 35, Malatya'da 38, Tunceli'de 36, Bingöl'de 39, Diyarbakır'da 42 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. D5S818 Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ, Malatya, Diyarbakır illerinde 12, Tunceli ile Bingöl illerinde 11 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ'da 8-15, Malatya ile Tunceli'de 8 ve Bingöl ile Diyarbakır illerinde 14 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır illerinde 11-12 allel çifti olarak gözlemlendi. Gözlenmeyen alleller ise, her il için 7-16 ayrıca Elazığ'da 14, Malatya ile Tunceli'de 14-15, Bingöl ile Diyarbakır'da 8-15'dir.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ'da 0,70000, Malatya'da 0,76000, Tunceli'de 0,72000, Bingöl'de 0,78000 ve Diyarbakır'da 0,84000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,75717, Malatya'da 0,71475, Tunceli'de 0,69232, Bingöl'de 0,74848, Diyarbakır'da 0,70101 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,89651, Malatya'da 0,40907, Tunceli'de 0,49789, Bingöl'de 0,50300 ve Diyarbakır'da 0,17416 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,71, Malatya'da 0,66, Tunceli'de 0,63, Bingöl'de 0,70 ve Diyarbakır'da 0,76 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ'da 1,67, Malatya'da 2,08, Tunceli'de 1,79, Bingöl'de 2,27 ve Diyarbakır'da 3,13 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ'da 0,428, Malatya'da 0,527, Tunceli'de 0,460, Bingöl'de 0,562 ve Diyarbakır'da 0,675 olarak gözlemlendi. Ayrılma Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,900, Malatya'da 0,857, Tunceli'de 0,833, Bingöl'de 0,888 ve Diyarbakır'da 0,817 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,100, Malatya'da 0,143, Tunceli'de 0,167, Bingöl'de 0,112 ve Diyarbakır'da 0,183 olarak belirlenmiştir.

3.15. FGA Lokusu

Elazığ ve çevre illerden (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) toplam 250 birey olacak şekilde her il için 50 birey incelendi. Elazığ'da 5, Malatya'da 6, Tunceli'de 8, Bingöl ile Diyarbakır illerinde 10 homozigot allel çiftine ve Elazığ'da 45, Malatya'da 44, Tunceli'de 42, Bingöl ile Diyarbakır illerinde 40 heterozigot allel çiftlerine rastlanıldı. FGA Lokusu her il için 50 bireye ait 100 allel baz alındığında en fazla gözlenen allel Elazığ'da 25, Malatya'da 23-24, Tunceli'de 24, Bingöl'de 22, Diyarbakır'da 21 ve en az gözlenen alleller ise Elazığ, Tunceli illerinde 19, Malatya'da 27, Bingöl'de 29 ve Diyarbakır'da 18 olarak belirlendi. En fazla gözlenen fenotip; Elazığ'da 20-21, 21-25, 22-24, 24-25 allel çiftleri, Malatya'da 20-24 allel çifti, Tunceli'de 23-24 allel çifti, Bingöl'de 21-24, 22-23, 22-26 allel çiftleri ve Diyarbakır illerinde 21-22 allel çifti olarak gözlemlendi. Gözlenmeyen alleller ise, her il için 17-26, 2-28-30-30, 2-31, 2-32, 2-33, 2-42, 2-43, 2-44, 2-45, 2-46, 2-47, 2-48, 2-49, 2-50, 2-51, 2 ayrıca Elazığ'da 18-27-29, Malatya'da 18-29, Tunceli'de 18-27-29, Bingöl'de 18-27 ve Diyarbakır'da 19-27-29'dur.

Allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine uyumluluğu, Markov zinciri ve Fisher'in Exact test P-Value değeri dikkate alınarak ($p < 0,05$) kontrol edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerleri Elazığ'da 0,90000, Malatya'da 0,88000, Tunceli'de 0,84000, Bingöl ile Diyarbakır'da 0,80000 olarak ve beklenen heterozigotluk Elazığ'da 0,86222, Malatya'da 0,84848, Tunceli'de 0,84707, Bingöl'de 0,85879, Diyarbakır'da 0,84404 olarak gözlenmiş olup P-value değeri Elazığ'da 0,92316, Malatya'da 0,53470, Tunceli'de 0,26957, Bingöl'de 0,17705 ve Diyarbakır'da 0,74039 olarak saptandı.

Polimorfik bilgi içeriği (PIC) değeri; Elazığ'da 0,84, Malatya ile Tunceli illerinde 0,82, Bingöl'de 0,83 ve Diyarbakır'da 0,81 olarak belirlendi. Tipik Babalık İndeksi (TPI) değeri; Elazığ'da 5,00, Malatya'da 4,17, Tunceli'de 3,13, Bingöl ile Diyarbakır'da 2,50 olarak saptandı. Dışlama Gücü (PE) değeri; Elazığ'da 0,795, Malatya'da 0,755, Tunceli'de 0,675, Bingöl ile Diyarbakır'da 0,799 olarak gözlemlendi. Ayrılma Gücü (PD) değeri; Elazığ'da 0,949, Malatya'da 0,939, Tunceli'de 0,938, Bingöl'de 0,944 ve Diyarbakır'da 0,943 olarak tespit edildi. Uyuşma olasılığı (MP) değeri; Elazığ'da 0,051, Malatya'da 0,061, Tunceli'de 0,062, Bingöl'de 0,056 ve Diyarbakır'da 0,057 olarak belirlenmiştir.

Tablo 2. Elazığ Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Çifti Paneli

Sıra	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
1	11-15	24,2-29	8-10	10-11	15-16	7-10	9-13	9-12	18-23	14-15	15-16	8-11	14-14	9-11	21-22
2	15-16	29-31	8-10	11-14	15-18	6-9,3	11-12	11-12	17-20	15-16	16-18	8-8	12-16	11-11	22-24
3	12-13	29-30	12-12	10-10	14-15	6-8	9-13	11-11	21-23	14-16	15-17	8-11	18-19	13-13	21-22
4	14-15	29-31,2	7-10	12-12	17-17	9-9	11-13	8-12	18-19	13-16	14-16	8-9	14-17	11-13	23-25
5	14-15	28-29	10-11	9-11	14-15	6-9	8-9	8-12	17-18	14-14	16-17	8-9	13-17	11-12	23-25
6	10-15	30,2-33,2	10-12	10-10	15-16	9-9,3	12-12	11-11	17-19	14-14	15-16	8-8	16-16	11-11	24-25
7	11-11	29-30	10-13	12-13	16-17	7-9	8-12	9-11	17-24	14-15,2	14-14	8-8	16-17	11-12	25-25
8	11-14	29-30	10-13	13-14	16-18	6-7	12-13	9-11	17-20	14-15	17-17	8-8	14-17	12-12	24-25
9	14-16	28-33,2	12-12	10-12	16-16	7-7	12-13	9-13	19-24	13-15	18-19	8-10	12-17	11-12	23-25
10	13-14	29-30,2	8-12	10-12	14-16	7-9	11-12	12-13	18-19	13-14,2	16-17	11-11	14-17	11-13	20-22
11	14-14	29-33,2	7-11	10-11	16-18	7-7	8-12	8-12	17-24	13-15	17-20	8-11	15-15	11-13	23-24
12	14-16	30,2-31,2	10-11	10-11	15-15	6-9	12-12	8-13	17-24	13-14	14-17	8-9	17-17	9-12	19-26
13	11-11	29-31,2	8-13	12-12	16-17	6-6	12-12	11-11	20-24	15-15,2	14-17	8-8	12-17	12-12	24-25
14	13-14	30-30,2	10-10	11-11	15-16	9-9,3	12-12	11-13	23-24	13-14	14-17	8-8	11-17	9-13	24-26
15	14-15	29-31,2	8-10	10-11	15-15	6-6	10-13	12-13	18-20	13-14	14-17	8-11	17-18	10-13	25-26
16	14-16	30,2-32,2	8-12	9-11	14-17	9-9	8-12	9-9	21-26	14-16,2	17-17	9-11	12-18	9-11	22-24
17	11-13	29-30	10-12	10-12	17-18	6-9	11-12	9-12	19-21	13-14	16-18	8-8	16-17	11-11	21-23
18	12-13	29-29	9-11	10-12	14-18	8-9,3	10-13	10-13	20-20	15,2-16	16-17	8-9	15-16	10-13	22-22
19	14-15	28-32,2	8-8	10-11	16-16	7-7	10-11	11-12	17-19	12-14,2	14-19	11-11	13-18	10-10	20-25
20	13-15	29-32	11-13	11-13	15-18	8-9,3	9-11	10-12	19-23	14-15	15-18	9-10	16-16	12-13	22-24
21	11-12	28-31	10-13	9-11	15-17	7-8	10-13	10-10	18-20	15-15,2	15-18	8-9	14-16	11-13	21-25
22	11-14	26-31,2	10-11	11-11	14-16	8-9,3	8-11	12-12	17-20	13-13	17-18	8-10	14-15	10-12	20-21
23	12-13	30-31	9-11	10-12	15-16	8-8	11-11	9-11	19-20	14-14	17-18	8-8	14-17	9-13	20-24
24	10-13	28-29	10-12	10-11	14-17	9-9,3	10-10	9-11	17-21	15-16	16-16	8-9	15-15	9-12	22-25
25	11-14	29-31,2	9-11	11-12	16-16	6-9,3 9,3-	8-12	12-13	17-18	13-16,2	16-17	8-10	14-14	12-12	20-21
26	12-14	30-30	10-10	9-10	14-17	9,3	10-12	10-13	19-23	14-15,2	16-17	8-9	15-18	11-12	22-25
27	14-14	30-32,2	10-11	11-12	15-16	8-9,3	9-12	8-11	18-23	13-17	14-16	8-11	17-17	11-12	22-24
28	14-16	28-29	9-10	10-12	15-15	9-9	12-12	12-12	21-26	14-14	13-16	8-8	17-17	12-13	23-26
29	12-14	28-28	11-12	12-12	15-15	6-9	11-12	9-10	20-23	14-16,2	17-18	8-11	15-19	11-11	20-23
30	13-14	27-29	9-12	11-12	15-16	9-10 9,3-	8-11	11-14	18-23	13-13	17-18	8-11	15-16	12-13	21-25
31	13-15	31,2-32,2	9-13	8-11	17-17	9,3	8-11	9-11	17-22	13-15	16-19	8-11	12-15	10-11	21-24
32	14-14	28-32,2	8-12	11-12	15-16	6-9,3	10-11	11-12	18-23	13-14	16-17	8-9	12-13	12-12	19-20
33	10-10	30-30	8-8	10-10	13-18	7-9	12-12	9-13	19-19	15-15,2	17-18	11-11	14-14	9-11	25-25
34	10-15	28-30	9-10	10-11	15-17	9-9,3	12-13	11-14	19-19	14-16	14-17	8-12	13-19	9-10	20-25
35	14-15	28-30,2	11-11	11-12	16-18	6-9	8-12	8-11	17-23	14-15	16-18	8-8	14-16	12-15	20-23
36	13-15	30-32	8-9	12-12	17-18	6-6	10-12	11-11	23-25	15,2-15,2	15-15	8-8	12-14	8-12	23-24
37	12-14	28-33,2	8-12	8-11	15-16	6-7	12-12	13-13	18-21	12-15	15-20	11-12	13-19	10-11	20-21
38	13-13	30-31,2	8-11	13-13	15-18	6-6	11-13	11-12	17-24	13-14	15-16	8-11	14-16	11-12	21-23
39	13-14	30-31,2	8-10	12-12	14-16	9-9,3	8-11	9-10	20-25	13-14	17-18	8-9	13-19	12-12	19-24
40	13-14	28-31,2	8-12	12-12	16-19	9-9,3	12-13	11-12	18-26	13-13	14-16	9-9	15-16	11-12	19-20
41	14-15	30-31,2	8-9	11-12	13-17	9-11	12-12	10-13	17-23	15,2-15,2	16-17	8-8	14-17	12-12	21-25
42	14-14	28-32,2	7-11	11-12	15-16	7-9	11-12	12-13	19-25	15-15,2	18-20	11-12	14-14	12-12	20-21
43	13-15	29-30	10-10	10-12	15-18	6-6	10-12	9-11	19-27	14-14	14-18	8-10	13-17	11-12	24-24
44	15-15	28-30	8-8	12-12	16-16	7-11	12-13	12-13	21-24	13-15,2	13-17	8-8	13-18	10-11	21-22
45	13-14	28-31,2	8-11	10-11	15-15	7-10	8-12	9-11	22-23	14-15,2	16-19	8-8	15-15	9-12	23-23
46	11-15	29-30,2	9-10	12-12	15-16	6-9,3	11-11	8-8	20-20	13,2-15	17-18	8-11	14-16	10-11	21-26
47	11-16	28-29	9-9	10-14	17-18	7-8	9-10	12-13	24-24	12-14	19-20	10-10	14-14	12-12	22-23
48	14-15	31-32	8-13	11-12	15-16	7-9	12-12	11-11	16-18	16-16	14-15	8-8	15-15	11-11	24-25
49	9-10	29-31,2	10-10	10-12	15-17	6-9	11-11	12-12	17-17	14-15,2	16-16	8-9	17-18	12-13	21-25
50	14-15	30-30	8-10	10-12	14-14	7-7	11-11	11-12	19-25	13,2-14	16-16	8-9	18-19	11-12	23-24

Tablo 3. Malatya Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Çifti Paneli

Sıra	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
1	13-14	33,2-33,2	10-12	9-10	14-15	7-9,3	11-14	9-12	17-18	13-15	16-17	8-8	10-12	10-12	23-25
2	14-16	28-29	11-12	11-11	16-16	8-9	11-12	11-12	19-20	12-12	18-19	8-9	11-11	11-11	24-25
3	12-13	29-29	10-11	12-12	16-17	8-7	8-11	11-13	16-20	13-16	16-16	11-12	11-12	11-12	23-23
4	12-15	28-28	8-8	11-12	17-18	6-10	9-12	9-10	19-23	13-13	16-16	8-8	13-14	12-13	23-25
5	13-14	31-33	10-12	11-13	15-17	7-9,3	11-11	12-12	18-19	13-15	16-18	8-8	15-15	12-12	22-24
6	12-14	28-30	11-12	11-13	17-18	7-8	8-11	11-12	18-23	13-15,2	15-16	11-11	13-14	10-11	21-27
7	14-14	32,2-32,2	8-11	10-12	16-16	9-9,3	11-11	11-12	19-23	12-14	14-19	8-8	12-16	11-12	22-24
8	14-15	28-31,2	8-10	12-13	16-16	6-6	8-9	11-12	23-23	14-14	17-17	9-11	14-18	11-13	24-25
9	12-13	28-30	11-12	10-12	14-18	6-7	12-13	11-11	19-20	12-14	16-18	8-9	13-13	12-13	21-23
10	14-17	31-32,2	10-10	10-11	15-16	9-9	12-12	9-11	17-23	15-15,2	15-15	8-8	12-19	11-12	21-21
11	12-12	30,2-31,2	8-9	10-11	17-18	6-7	11-12	11-13	18-24	12-14	18-19	8-11	13-14	11-13	21-25
12	11-15	30-31,2	10-11	10-11	15-15	6-7	12-12	12-12	18-22	13-13	18-18	8-8	13-14	11-12	20-22
13	12-14	29-29	8-11	10-11	15-15	8-9	12-14	10-12	20-23	13-14	17-17	8-11	11-14	12-12	21-23
14	13-15	29-29	11-11	11-11	16-19	6-10	12-14	11-13	20-24	15-16,2	18-19	11-11	14-16	11-12	22-23
15	10-11	28-31,2	8-9	10-11	16-17	8-9,3	9-11	11-11	17-23	13-14,2	14-19	8-12	12-14	11-12	20-24
16	11-11	29-30	8-9	10-12	15-17	6-6	11-12	9-11	23-23	14,2-15	15-15	9-9	16-17	12-13	20-24
17	13-15	28-30	8-10	10-10	15-16	6-8	10-13	10-12	19-20	14-15	14-19	8-9	15-19	11-11	20-24
18	13-14	28-29	8-8	10-10	15-16	7-9,3	9-12	9-10	17-17	14-14,2	17-17	8-8	12-15	11-12	21-21
19	13-14	31,2-31,2	9-11	11-12	16-17	8-9,3 9,3-	11-12	12-13	20-24	12-13	14-17	8-11	12-16	10-12	22-22
20	14-14	28-32,2	8-12	10-12	15-15	9,3	11-12	11-11	18-24	13-15,2	15-18	8-10	19-20	13-13	24-26
21	12-14	30-30	8-11	10-12	16-18	6-8	9-12	12-13	17-18	12-13	15-17	8-10	14-14	12-13	20-25
22	9-13	27-30	11-13	11-12	15-17	6-9	9-13	11-12	17-21	12-13	16-17	11-11	15-15	10-12	24-26
23	9-16	27-30	9-12	10-11	15-16	6-8	11-12	13-13	19-24	14-14	16-18	11-11	15-15	12-12	20-24
24	12-15	29-30,2	11-12	10-11	16-18	7-9	11-14	11-13	17-17	12-12	18-19	8-11	12-13	10-12	21-21
25	13-16	29-30	8-11	11-11	16-17	8-8	12-12	9-12	17-22	12-14,2	17-19	9-10	15-15	10-12	21-23
26	11-13	28-32	10-11	12-12	15-16	8-9 9,3-	11-12	12-12	17-24	14-14,2	14-16	9-11	14-15	12-13	22-25
27	14-15	29-33,2	7-8	11-12	17-18	9,3	11-11	9-11	19-20	13-14,2	17-18	11-12	12-14	10-12	20-23
28	14-16	28-29	8-11	11-12	14-15	8-9,3	8-12	12-12	19-24	14-14,2	17-18	8-8	12-14	11-12	19-23
29	11-13	28-30	7-11	11-11	15-17	9-9,3	11-12	11-12	20-20	13-15,2	16-18	8-8	12-16	10-12	23-23
30	13-15	28-32,2	10-10	11-12	15-18	7-9	8-10	9-11	18-24	12-14	17-17	8-8	14-14	13-13	22-26
31	14-15	28-29	7-11	11-12	15-18	6-9	8-11	8-11	17-20	13-15	16-17	9-12	14-16	12-13	21-22
32	12-16	30-30	11-12	10-12	15-16	6-7	12-12	9-10	23-24	12-13	17-19	8-11	15-16	12-12	21-25
33	13-13	30-31	9-10	10-12	16-17	6-9	11-11	8-12	20-21	13-14	14-19	8-11	13-18	11-11	21-23
34	14-15	28-31,2	10-11	10-11	15-15	6-9,3	12-12	8-12	19-23	13-16,2	15-16	8-9	12-14	11-12	19-24
35	13-15	29-31,2	10-11	11-12	17-18	6-7	8-9	12-13	16-24	14-14	17-19	8-13	14-17	9-12	20-24
36	13-13	30-30	11-12	10-12	16-18	7-9	13-13	12-12	18-23	13-15	17-17	9-9	15-16	12-12	23-24
37	10-14	30-32,2	10-12	10-11	14-18	6-9	11-11	9-11	18-20	14-14	16-17	9-11	15-15	9-12	21-24
38	11-12	30-31,2	8-10	12-12	15-16	7-8	10-14	9-10	23-24	13-14,2	15-16	8-11	12-15	11-12	23-24
39	13-15	29-30	9-12	10-12	14-16	7-9	13-14	12-13	16-23	14-16	15-18	8-12	13-15	10-11	22-25
40	12-13	28-30	10-11	10-12	15-16	9-9	10-10	11-12	20-20	12-14	15-18	8-8	12-13	9-12	22-23
41	12-12	30-31,2	10-11	10-11	14-16	6-9	8-11	13-13	16-20	12-14,2	14-15	8-11	11-16	12-12	23-24
42	14-14	28-29	8-8	10-10	15-17	6-8	9-12	11-12	21-22	14-14,2	16-17	8-11	17-19	12-13	19-23
43	12-14	30-31,2	9-10	9-12	16-17	7-8	11-12	11-11	17-17	14-16	15-17	11-11	15-16	11-11	21-22
44	14-17	28-30	10-11	11-12	15-18	6-9,3	8-12	12-12	17-20	15,2-15,2	18-18	8-9	14-15	12-13	24-26
45	14-15	31,2-32,2	10-12	11-11	17-17	7-9	8-14	11-11	16-17	13-14	16-17	11-11	14-16	12-13	21-23
46	13-15	30-30	8-11	10-11	16-18	8-8	10-12	8-12	17-24	14-15	16-17	10-11	15-18	11-12	21-24
47	13-16	29-33,2	11-12	10-11	14-17	6-8	13-13	12-13	19-20	12-14	16-17	8-9	13-14	11-12	20-24
48	11-13	29-31,2	8-8	10-11	15-16	6-7	12-12	10-13	17-25	14-16,2	17-19	8-9	14-18	8-13	21-24
49	16-16	28-32,2	11-12	10-10	16-18	9-9,3 9,3-	11-12	9-9	23-23	14-15,2	14-17	10-11	14-14	11-13	22-23
50	10-15	31,2-33,2	8-12	10-12	15-17	9,3	11-13	12-12	17-20	15,2-16	17-19	8-8	12-17	10-11	23-24

Tablo 4. Tunceli Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Çifti Paneli

Sıra	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
1	12-13	30,2-32	9-11	10-10	14-17	7-9,3	8-11	9-11	20-22	11-16	16-19	8-9	14-17	11-12	19-22
2	14-16	30-31,2	8-11	11-12	17-18	8-9	12-12	10-12	21-22	13-13	16-18	8-10	12-17	9-12	22-24
3	10-12	27-30,2	12-12	11-11	16-17	6-9	8-12	9-11	18-23	14-15,2	15-18	8-11	15-15	12-13	21-24
4	13-14	28-32,2	10-11	11-12	16-18	6-6	9-13	9-10	19-19	13-13	14-15	8-11	13-14	9-11	24-24
5	10-13	30-31,2	10-11	10-12	15-16	6-9,3	8-13	10-12	19-24	14-15,2	17-19	7-8	11-18	8-11	23-26
6	11-16	31,2-31,2	11-12	10-10	16-16	7-8	10-14	11-11	17-17	15-15,2	16-16	8-9	13-14	12-13	21-22
7	13-13	29-29	9-11	11-11	15-19	7-9,3	13-13	11-12	19-23	14,2-15	17-18	8-8	14-16	11-12	21-21
8	14-14	28-32,2	7-12	11-12	16-18	6-7	12-12	11-11	19-19	14-15,2	16-16	8-10	14-15	10-11	24-25
9	9-10	30-30	8-11	10-11	15-17	6-7	11-12	10-11	16-27	12-16	15-16	8-10	13-16	11-13	20-25
10	13-15	31,2-28	10-11	10-12	15-15	9,3-9,3	8-13	11-12	17-22	13-14	16-16	8-10	15-16	11-12	19-22
11	12-16	29-29	11-12	9-12	15-17	8-8	11-13	9-9	18-23	13-14	17-19	7-10	12-17	11-12	23-24
12	13-14	32,2-29	8-8	11-12	15-15	7-8	8-11	11-12	18-21	13-14	15-15	8-11	16-17	11-12	23-24
13	15-16	31,2-27	8-11	10-10	16-17	6-7	12-14	11-12	17-23	13-13	16-17	8-8	12-14	11-12	21-25
14	12-14	32,2-28	7-12	12-12	15-17	6-6	9-12	11-11	17-18	14-14	14-16	8-10	11-15	11-11	19-21
15	14-14	29-32,2	7-11	10-11	15-17	9-9	9-13	11-12	19-23	13-14	16-16	9-10	13-15	11-11	20-24
16	14-15	32,2-27	7-12	10-10	16-17	9-9	10-12	12-14	19-23	13,2-16	14-17	10-11	17-18	10-12	23-20
17	13-15	31,2-28	11-11	9-12	15-16	6-9,3	11-13	9-11	18-23	14-16	17-18	8-10	15-15	10-12	24-24
18	13-13	30-30	11-11	11-12	15-16	6-9,3	8-9	12-13	23-24	14-14	15-17	8-11	13-14	11-11	22-23
19	10-14	31,2-29	11-11	11-11	16-17	8-9,3	10-12	8-11	23-24	12-14	16-17	8-9	12-14	12-13	24-26
20	14-16	30,2-31	8-11	11-12	15-16	6-9,3	9-9	10-11	21-23	14-16	17-17	8-11	14-18	11-12	21-21
21	13-14	33-28	10-12	11-13	15-17	7-9	11-11	11-12	18-19	13-16	18-18	8-8	12-15	12-12	22-24
22	10-11	31,2-30	8-9	10-11	16-17	8-9	9-11	11-11	17-23	13-14,2	14-19	8-8	12-14	11-12	20-24
23	11-15	31,2-29	10-11	10-11	15-15	6-7	12-12	12-12	18-22	13-13	18-18	8-8	13-14	11-12	20-22
24	12-14	29-28	8-11	10-11	15-15	8-9	12-13	10-12	20-23	13-14	17-17	8-11	11-14	12-12	22-23
25	13-15	31,2-29	10-11	11-11	15-16	8-9	12-12	10-11	17-20	14-14	16-17	6-10	16-16	12-12	20-24
26	13-14	29-31,2	8-10	12-12	14-17	6-7	11-12	9-13	17-17	13-15	14-17	8-8	15-16	9-11	21-24
27	10-13	31,2-28	9-10	10-12	17-17	7-9	8-8	9-11	20-24	14,2-15,2	13-18	8-11	16-19	11-12	23-24
28	13-14	28-28	10-10	11-12	16-17	7-8	13-14	9-10	17-24	13-14	15-19	10-11	17-20	11-11	20-22
29	10-13	28-31	10-10	10-11	17-18	6-9	11-12	12-12	24-25	15-17,2	16-16	8-8	14-19	10-12	22-23
30	12-14	28-29	7-11	10-11	15-17	7-9	9-13	11-12	19-23	13-14	16-16	9-10	13-15	11-11	20-24
31	10-13	28-30	10-11	11-11	16-17	8-9,3	11-12	9-12	19-23	13-15,2	17-17	8-8	14-15	11-11	22-25
32	15-16	29-31,2	8-11	10-10	16-17	6-7	12-14	11-12	17-23	13-15,2	15-17	8-8	12-14	11-12	21-25
33	13-14	29-32,2	8-8	11-12	14-15	7-8	8-11	11-12	18-21	12-14	16-17	8-11	16-17	11-12	23-24
34	10-13	31,2-32,2	9-11	10-12	17-17	7-11	8-8	9-11	20-24	14,2-15,2	13-18	8-11	16-19	11-12	23-24
35	13-14	29-29	8-12	10-13	16-18	9-9,3	10-11	12-12	17-21	14-15	15-15	8-8	14-14	11-12	23-26
36	13-14	28-33,2	11-12	10-11	16-17	8-9	11-11	11-12	16-24	14-14,2	14-19	11-11	13-13	11-13	19-23
37	10-12	28-30	8-8	10-12	15-18	6-7	11-12	11-12	16-27	12-16	15-16	8-10	13-16	11-13	20-25
38	13-13	29-29	9-11	11-11	15-19	7-9,3	13-13	11-13	19-23	14,2-15	17-18	8-8	14-16	11-12	21-21
39	12-14	28-29	7-11	10-11	15-17	9-9	9-10	11-12	19-23	13-14	16-16	9-10	13-15	11-11	20-21
40	14-17	31-32,2	10-11	10-11	15-16	9-9	12-13	9-11	17-23	15-16	15-16	8-9	12-19	11-12	21-21
41	14-14	28-32	8-12	10-12	15-15	9,3-10	11-12	10-11	18-24	13-15,2	15-18	8-10	19-20	13-13	24-26
42	13-16	29-30	8-11	11-12	16-17	8-8	12-12	9-12	17-23	12-14	17-19	9-9	15-15	10-12	21-23
43	13-15	28-32,2	10-10	11-12	15-18	6-8	8-10	9-12	18-24	13-14	17-18	8-9	14-14	13-13	22-26
44	12-12	28-30	10-11	10-12	15-17	9-9,3	10-10	11-12	20-20	12-14	15-16	8-8	12-13	9-12	22-23
45	13-14	28-31,2	10-10	11-11	16-17	6-9,3	11-12	9-9	24-24	14-17	17-18	10-11	15-15	11-11	22-25
46	14-16	29-30,2	10-11	10-12	15-17	9-9	12-13	9-11	17-18	14-14	13-17	9-11	13-19	10-12	24-24
47	10-14	29-30	10-11	10-12	16-18	8-9,3	11-11	8-13	18-24	12-14	15-15	9-12	18-18	10-11	22-22
48	11-15	31-33,2	8-9	11-12	14-17	6-8	10-11	11-11	17-24	15-16,2	16-17	8-10	13-18	9-11	23-25
49	13-17	30-31	10-11	11-13	15-18	8-9	10-11	9-12	17-19	13-14	15-16	8-9	15-15	11-11	21-24
50	15-15	29-31	10-11	10-12	14-17	9,3-9,3	8-10	11-12	20-23	13-14	16-18	8-8	15-16	9-11	21-22

Tablo 5. Bingöl Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Çifti Paneli

Sıra	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
1	15-15	28-28	8-13	11-13	15-17	6-6	11-12	8-13	19-22	13-15	17-18	8-9	14-14	9-11	23-26
2	11-13	29-32,2	11-13	10-11	15-15	6-7	8-10	9-12	20-20	14-14	15-18	8-8	12-12	10-11	22-23
3	13-13	28-29	8-10	12-12	16-16	8-9,3	11-11	11-12	18-24	13-13	15-18	8-11	16-16	11-12	20-20
4	14-15	29-29	8-8	11-12	15-15	6-8	8-11	9-10	16-23	13-14	17-19	8-11	14-17	11-11	20-26
5	14-16	29-30,2	10-11	10-12	15-17	9-9	12-13	9-11	17-18	14-14	13-18	9-11	13-19	10-12	24-24
6	11-12	28-29	8-11	11-11	15-15	7-9	11-12	9-10	19-23	12-13	16-17	8-8	12-17	10-11	23-23
7	11-12	30-31,2	8-11	10-13	15-19	9,3-9,3	12-13	8-9	18-18	13-16,2	16-16	8-11	17-17	12-12	22-24
8	12-15	30,2-31,2	10-10	11-13	17-18	6-7	11-12	10-12	17-10	11-15	17-17	8-12	12-17	11-12	19-21
9	11-14	29-32,2	10-12	10-12	14-16	9-10	12-12	11-11	20-24	12-14	17-17	8-9	17-19	9-10	22-26
10	13-14	29-30	9-11	10-12	16-17	9-9,3	11-11	8-13	25-25	14-15,2	14-19	8-8	17-19	11-13	22-26
11	11-15	28-29	9-11	11-13	15-18	6-6	11-13	11-12	16-21	13,2-15,2	16-18	8-8	14-17	11-12	20-24
12	14-14	31,2-31,2	8-10	10-10	15-17	9-9,3	12-12	11-12	21-23	14-15,2	16-16	8-9	15-15	11-13	19-21
13	13-14	31,2-32,2	9-10	11-11	14-17	9-9,3	10-13	9-12	23-23	14-16	15-17	8-11	12-16	11-13	24-25
14	13-14	31-33,2	10-12	8-10	15-15	9,3-9,3	12-13	11-11	19-21	13,2-14	16-18	8-11	13-13	11-12	22-23
15	10-12	28-28	8-11	11-11	16-17	8-8	11-13	11-11	18-20	15,2-16	16-16	10-11	14-19	10-12	24-26
16	15-16	28-32,2	10-12	11-11	15-16	9-11	8-11	9-9	16-18	13-14	16-18	8-8	14-19	12-13	23-25
17	15-15	29-30	10-11	11-12	15-15	8-9	11-14	10-12	20-23	14-15,2	16-18	8-10	12-15	13-11	22-23
18	9-13	30-30	8-11	11-11	17-18	6-9,3	10-11	10-12	19-20	11-14	16-17	9-12	12-16	11-11	22-23
19	13-14	28-33,2	8-9	11-11	15-16	6-7	12-12	11-12	18-20	12-14,2	16-16	8-10	13-14	11-12	20-20
20	12-15	29-31	10-10	9-11	16-17	8-9	10-10	12-12	19-24	13-15	18-18	9-11	15-18	10-12	22-25
21	13-15	29-29	11-11	10-10	15-16	9,3-9,3	8-8	12-13	20-23	14-14	14-18	11-12	16-17	11-12	21-24
22	11-14	30-30,2	11-11	10-11	15-17	6-9,3	8-14	11-12	17-23	14-16	18-19	8-10	12-13	12-12	21-21
23	12-14	31,2-33,2	8-10	9-10	16-18	6-9,3	12-12	8-11	23-23	14-15	15-15	9-12	14-15	12-13	25-26
24	11-11	27-29	10-11	10-14	17-17	6-8	12-12	12-13	20-27	13,2-14	15-17	8-8	12-12	12-12	22-24
25	14-14	29-30	11-11	12-12	15-16	9,3-10	10-12	12-13	18-26	14-14	16-17	8-9	15-15	11-11	24-24
26	13-14	28-32,2	10-10	10-14	15-17	6-9,3	10-11	8-12	16-22	13-14	15-18	8-8	13-17	9-10	21-24
27	11-14	30-33,2	10-11	12-13	16-16	7-8	12-13	12-12	17-21	12-13	14-16	8-9	14-15	11-13	22-26
28	11-14	29-29	10-12	10-12	14-16	8-9	12-13	8-11	16-22	14-14	16-17	9-11	15-16	12-13	21-22
29	14-15	30-33,2	10-10	10-12	16-18	9-9,3	8-12	9-12	18-20	13-14	16-18	8-8	18-19	10-11	23-24
30	10-14	29-30	10-11	10-12	16-18	8-9,3	11-11	8-13	18-24	12-13	15-15	9-12	18-18	10-11	21-22
31	12-16	29-32,2	8-10	12-13	15-17	9-9	11-13	11-12	17-23	14-16	17-20	8-11	14-19	11-12	22-22
32	11-12	30-30	7-10	11-11	15-17	7-9,3	11-12	8-11	20-20	13-13,2	17-17	8-9	14-16	10-11	24-29
33	12-12	29-32	9-12	12-13	17-17	9-9	12-13	12-13	19-24	14,2-16	17-19	8-10	16-17	9-12	23-23
34	10-15	28-29	11-11	11-12	16-19	6-8	11-12	11-12	18-21	15,2-16	16-17	8-9	15-19	11-11	22-22
35	11-15	31-33,2	8-9	11-12	14-17	6-8	10-11	11-11	17-25	12-16,2	17-17	8-10	13-17	9-11	23-25
36	11-15	28-32,2	7-8	12-12	15-18	7-9,3	10-12	10-10	17-17	14-14	19-20	8-9	13-17	11-13	21-24
37	12-13	29-30	10-10	10-11	16-17	6-8	12-12	11-13	18-26	15,2-16,2	17-19	10-10	13-16	11-12	22-23
38	15-16	29-30	8-12	11-12	17-19	6-8	11-12	12-12	17-24	13-15	15-18	9-10	18-15	9-11	20-22
39	8-11	28-30	8-10	10-12	15-15	6-9,3	9-11	11-11	16-24	13,2-14	16-17	10-11	15-19	11-12	21-24
40	13-17	30,2-31,2	10-11	13-13	15-18	8-9,3	10-11	9-11	17-19	13-14	15-15	8-8	15-15	11-11	21-24
41	11-13	29-31,2	10-11	11-12	15-17	9,3-9,3	12-13	8-12	20-20	14-14	17-19	9-9	13-14	9-11	21-21
42	11-16	29-29	9-10	9-12	15-16	6-9,3	11-12	12-12	18-19	13,2-14	17-18	8-11	14-14	10-12	25-26
43	13-14	28-29	8-8	10-12	14-17	9-9,3	12-12	9-9	17-18	12-13	18-18	8-11	11-12	9-11	19-24
44	1-12	27-31	9-10	13-15	16-16	9,3-9,3	11-13	8-11	22-24	13-15	16-18	8-12	14-14	13-13	20-23
45	9-11	30-30	12-13	10-11	15-18	9-10	11-13	9-12	19-22	13,2-15	17-19	9-10	16-17	11-13	22-26
46	13-14	29-30,2	11-13	10-12	16-18	6-9	9-12	12-12	18-23	13-14	17-19	8-10	11-14	12-13	21-23
47	10-14	26-31,2	10-11	10-12	15-16	9,3-9,3	12-14	10-13	23-23	13-15	19-20	8-8	13-14	11-11	25-26
48	9-13	31,2-32,2	9-11	10-10	15-15	6-7	11-11	11-11	21-25	13-14	18-18	9-11	16-20	11-14	22-25
49	15-15	27-29	10-11	12-12	15-16	6-8	8-13	12-12	17-20	12-12	17-17	8-11	12-14	9-11	21-26
50	15-15	29-31,2	10-11	10-12	14-17	9,3-9,3	8-11	11-12	20-23	13-14	16-17	8-8	15-17	9-11	21-22

Tablo 6. Diyarbakır Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Çifti Paneli

Sıra	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
1	12-14	29-31,2	8-10	11-13	14-15	6-6	12-14	9-11	18-19	14-14	18-19	8-8	14-17	12-13	24-24
2	10-13	31,2-31,2	8-12	12-15	15-17	6-6	11-11	10-12	17-20	16,2-16,2	15-17	8-9	14-17	9-12	21-24
3	12-14	28-34,2	9-11	10-10	15-18	7-9	8-11	9-10	18-20	13-14	14-16	8-11	15-17	12-13	26-26
4	9-14	28-30	10-10	10-12	16-16	6-9,3	8-8	11-13	17-17	14,2-14,2	17-18	8-11	13-14	11-13	22-25
5	13-14	29-32	8-8	11-11	15-17	8-9,3	11-12	9-11	18-19	14-15,2	17-18	9-9	14-17	11-12	22-26
6	13-15	28-31,2	10-11	11-11	15-16	8-9	12-12	10-11	17-20	14-14	16-17	6-10	16-16	12-12	20-24
7	14-14	28-28	10-10	11-12	16-17	7-8	13-14	9-10	17-24	13-14	15-19	10-10	17-20	11-12	20-22
8	10-14	27-31,2	11-11	10-12	15-17	9,3-9,3	10-13	9-11	19-20	14-14	16-18	8-10	16-16	12-13	21-25
9	10-14	30-33,2	8-12	11-12	14-17	6-9,3	9-12	9-12	20-27	14-14	16-18	11-11	13-17	11-12	23-24
10	10-13	28-31	10-10	10-11	17-18	6-9,3	11-13	12-12	24-25	15-17,2	16-16	8-8	14-19	10-12	22-23
11	10-15	28-30	8-12	11-11	16-18	6-9	10-11	9-12	17-20	13-13	16-17	8-10	13-13	12-12	21-21
12	13-15	28-32,2	11-11	11-11	15-18	6-9	12-13	11-12	25-25	13,2-16,2	17-19	9-12	16-22	12-14	18-24
13	13-15	29-30	8-11	11-12	15-16	7-9,3	11-12	9-13	20-23	14-15,2	14-18	8-11	14-18	11-12	20-24
14	10-11	28-29	11-11	8-12	15-17	7-9	11-12	11-12	18-25	13-13	16-17	8-8	17-18	11-12	20-24
15	13-14	30-34,2	8-12	9-10	15-18	6-9,3	8-12	12-12	17-17	14-16	14-19	8-8	12-13	12-13	20-22
16	14-14	28-33	7-11	10-12	15-16	9-9,3	11-13	9-11	18-19	14-15,2	15-19	8-11	10-14	11-12	22-22
17	14-16	29-30	9-12	11-12	16-16	6-6	12-13	10-11	17-22	14-14	15-18	8-11	13-17	11-13	21-22
18	13-14	29-30	11-11	10-12	17-17	6-9,3	11-11	9-11	19-23	16-16,2	16-19	11-12	14-14	12-13	21-25
19	11-13	30-32,2	9-10	11-13	15-17	6-6	8-12	8-10	20-23	13-14	15-18	8-11	14-14	12-12	22-23
20	13-14	28-32,2	8-11	11-12	17-17	9-9,3	9-13	10-12	22-22	14-14	16-17	8-8	12-14	10-12	21-22
21	12-17	29-33,2	8-9	11-12	15-18	6-8	8-14	11-11	16-17	13-14	14-14	9-11	14-14	12-13	21-22
22	11-12	30-30	8-10	10-11	16-18	6-9	11-12	9-9	20-23	14-14	18-19	8-8	12-19	11-13	20-22
23	11-15	29-31	10-11	12-13	14-17	6-7	8-12	12-12	17-20	14-15,2	16-16	9-10	12-13	12-12	20-23
24	9-14	28-29	11-13	10-11	16-17	6-8	12-12	10-13	20-23	14-15,2	16-18	11-11	12-14	11-12	23-24
25	10-15	30-33	10-10	11-12	15-15	7-10	11-12	9-13	23-23	14-14,2	14-18	8-11	14-18	12-13	20-25
26	12-13	29-29	11-11	12-13	15-15	6-7	12-13	11-12	16-17	14,2-15	17-19	8-8	14-14	11-13	22-22
27	11-13	31,2-33,2	8-10	11-12	15-18	7-9	8-12	11-12	17-23	14-14	16-17	8-10	13-16	12-13	22-24
28	14-15	30-32,2	10-10	10-13	15-16	8-9,3	12-12	9-9	17-18	12-13	14-16	8-8	14-15	11-12	21-22
29	10-11	29-29	10-11	12-12	15-16	6-9	13-13	10-11	17-17	14-14,2	14-14	8-10	11-14	12-12	21-24
30	16-16	29-29	7-12	10-10	15-16	8-8	8-12	9-13	19-23	13-16,2	14-19	9-11	15-19	11-12	21-23
31	11-15	27-32,2	10-12	12-12	14-17	8-9	11-12	12-13	18-19	12-13	18-18	8-11	16-19	11-12	24-26
32	10-15	31-32,2	9-11	11-12	17-18	7-9	8-11	12-12	17-22	13-15,2	15-15	8-11	12-15	12-12	21-22
33	12-15	29-29	10-10	10-10	16-16	7-9	12-12	9-12	24-25	13-16	15-17	8-10	15-19	12-13	21-22
34	14-15	29-31	11-12	10-13	15-16	6-8	12-13	10-12	17-20	13-14	16-16	8-11	12-12	10-11	20-21
35	12-14	28-29	8-11	10-12	16-17	9-9	9-9	11-11	17-17	12-16	14-17	11-11	15-15	9-10	24-25
36	14-16	30-30	9-10	11-12	17-17	6-9	9-11	11-12	17-21	11-12	16-19	8-11	13-14	10-13	21-23
37	11-14	28-30	12-12	11-12	17-18	7-9,3	12-12	12-13	22-25	13-13	14-17	8-9	12-12	11-12	22-23
38	13-16	28-30,2	12-12	12-12	14-17	6-9,3	12-12	11-11	18-25	14-15,2	17-17	8-11	17-17	12-13	21-21
39	10-15	30-32,2	10-12	10-11	17-17	6-9	10-12	11-13	20-23	15-15,2	18-18	8-8	14-15	10-12	21-21
40	14-15	30-30	8-10	9-11	15-17	6-9	9-12	9-12	17-25	14-15,2	14-18	11-11	14-16	11-12	20-21
41	13-15	30-31,2	11-11	9-10	14-16	6-6	11-11	11-11	17-20	12-16,2	14-17	8-11	14-16	11-12	18-23
42	11-15	29-31	8-10	11-11	17-17	9,3-9,3	8-8	8-11	17-25	12-13	17-17	8-8	17-17	11-13	23-26
43	14-15	27-29	7-11	12-12	15-15	6-9	12-12	11-12	20-24	15-15,2	17-17	8-8	13-16	12-12	21-21
44	10-12	28-31,2	10-13	10-12	15-16	6-8	12-12	12-12	19-25	15-15	16-16	8-9	11-17	11-12	22-25
45	8-13	29-30	11-12	10-10	15-17	6-7	8-12	9-11	18-25	13-14	16-19	8-8	12-17	11-12	23-25
46	14-15	27-28	7-9	10-12	15-16	7-9,3	9-12	11-11	16-18	12-13	15-18	8-8	12-15	11-12	24-24
47	13-13	31-31	9-13	9-12	14-16	9-9,3	11-12	9-10	19-22	13,2-16	16-18	9-10	19-17	10-13	24-25
48	14-14	30-31	8-11	11-13	14-17	8-9,3	10-13	10-12	21-24	15-16	15-19	9-11	15-16	10-12	23-25
49	14-14	29-31,2	12-12	11-11	15-15	6-6	11-13	11-13	19-23	13-14	16-18	11-12	18-19	10-11	21-21
50	14-15	29-32,2	9-11	11-11	17-18	9,3-9,3	12-12	11-11	17-24	13-16,2	14-15	9-11	15-16	10-10	23-24

Tablo 7. Elazığ Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Frekansları

Alleller	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
6						0,220									
7			0,030			0,200									
8	0,010		0,220	0,020		0,090	0,110	0,080				0,560		0,010	
9	0,010		0,120	0,040		0,260	0,060	0,150				0,150		0,090	
9,3						0,180									
10	0,060		0,270	0,260		0,030	0,110	0,080				0,070		0,100	
11	0,110		0,150	0,270		0,020	0,220	0,280				0,190	0,010	0,300	
12	0,070		0,140	0,330			0,370	0,240		0,030		0,030	0,070	0,350	
13	0,170		0,070	0,050	0,020		0,130	0,150		0,210	0,020		0,080	0,140	
13,2										0,020					
14	0,320			0,030	0,110			0,020		0,310	0,130		0,220		
14,2										0,020					
15	0,190				0,300					0,150	0,100		0,140	0,010	
15,2										0,140					
16	0,060				0,280				0,010	0,080	0,250		0,140		
16,2										0,030					
17					0,160				0,170	0,010	0,260		0,200		
18					0,120				0,130		0,150		0,080		
19					0,010				0,160		0,050		0,060		0,040
20									0,130		0,040				0,120
21									0,070						0,150
22									0,020						0,130
23									0,130						0,140
24									0,100						0,170
25									0,040						0,200
26		0,010							0,030						0,050
27		0,010							0,010						
28		0,180													
29		0,230													
30		0,200													
30,2		0,070													
31		0,040													
31,2		0,130													
32		0,030													
32,2		0,060													
33,2		0,040													
Total	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000

Tablo 8. Malatya Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Frekansları

Alleller	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
6						0,240									
7			0,030			0,170									
8			0,230			0,190	0,100	0,040				0,460		0,010	
9	0,020		0,080	0,020		0,210	0,080	0,130				0,160		0,030	
9,3						0,170									
10	0,030		0,210	0,330		0,020	0,070	0,070				0,050		0,100	
11	0,080		0,280	0,340			0,270	0,280				0,280	0,020	0,260	
12	0,150		0,160	0,280			0,320	0,340		0,160		0,040	0,130	0,430	
13	0,240		0,010	0,030			0,090	0,140		0,230		0,010	0,120	0,170	
14	0,230				0,070		0,070			0,270	0,080		0,250		
14,2										0,100					
15	0,150				0,280					0,090	0,130		0,210		
15,2										0,080					
16	0,080				0,290				0,050	0,040	0,200		0,120		
16,2										0,030					
17	0,020				0,200				0,190		0,290		0,050		
18					0,150				0,100		0,170		0,050		
19					0,010				0,110		0,130		0,040		0,030
20									0,190				0,010		0,090
21									0,030						0,190
22									0,030						0,130
23									0,170						0,210
24									0,120						0,210
25									0,010						0,090
26															0,040
27		0,020													0,010
28		0,200													
29		0,190													
30		0,250													
30,2		0,020													
31		0,030													
31,2		0,140													
32		0,010													
32,2		0,090													
33		0,010													
33,2		0,040													
Total	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000

Tablo 9. Tunceli Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Frekansları

Alleller	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
6						0,200						0,010			
7			0,060			0,180						0,020			
8			0,180			0,190	0,130	0,020				0,510		0,010	
9	0,010		0,070	0,020		0,230	0,090	0,180				0,130		0,060	
9,3						0,180									
10	0,110		0,230	0,310		0,010	0,110	0,090				0,170		0,070	
11	0,040		0,350	0,380		0,010	0,220	0,370		0,010		0,150	0,030	0,440	
12	0,100		0,110	0,260			0,260	0,290		0,070		0,010	0,090	0,320	
13	0,280			0,030			0,150	0,040		0,250	0,030		0,140	0,100	
13,2										0,010					
14	0,260				0,050		0,040	0,010		0,320	0,060		0,200		
14,2										0,060					
15	0,100				0,310					0,080	0,170		0,200		
15,2										0,090					
16	0,080				0,240				0,030	0,080	0,280		0,130		
16,2										0,010					
17	0,020				0,290				0,170	0,010	0,24		0,070		
17,2										0,010					
18					0,090				0,120		0,150		0,060		
19					0,020				0,140		0,070		0,060		0,040
20									0,080				0,020		0,090
21									0,050						0,170
22									0,040						0,170
23									0,200						0,150
24									0,140						0,250
25									0,010						0,080
26															0,050
27		0,030							0,020						
28		0,200													
29		0,230													
30		0,140													
30,2		0,030													
31		0,060													
31,2		0,160													
32		0,020													
32,2		0,100													
33		0,010													
33,2		0,020													
Total	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000

Tablo 10. Bingöl Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Frekansları

Alleller	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
6						0,220									
7			0,020			0,080									
8	0,010		0,180	0,010		0,160	0,090	0,100				0,470			
9	0,030		0,090	0,030		0,190	0,020	0,130				0,190		0,100	
9,3						0,310									
10	0,050		0,340	0,260		0,030	0,100	0,080				0,120		0,120	
11	0,170		0,260	0,280		0,010	0,290	0,250		0,020		0,160	0,020	0,400	
12	0,120		0,070	0,290			0,330	0,350		0,090		0,060	0,120	0,240	
13	0,160		0,040	0,100			0,140	0,090		0,210	0,010		0,120	0,130	
13,2										0,070					
14	0,210			0,020	0,060		0,030			0,350	0,030		0,190	0,010	
14,2										0,020					
15	0,190			0,010	0,340					0,080	0,120		0,150		
15,2										0,070					
16	0,050				0,240				0,060	0,060	0,220		0,110		
16,2										0,030					
17	0,010				0,230				0,120		0,28		0,150		
18					0,100				0,150		0,210		0,040		
19					0,030				0,090		0,100		0,090		0,030
20									0,170		0,030		0,010		0,070
21									0,060						0,160
22									0,050						0,220
23									0,150						0,150
24									0,080						0,170
25									0,040						0,080
26		0,010							0,020						0,110
27		0,030							0,010						
28		0,140													
29		0,300													0,010
30		0,170													
30,2		0,050													
31		0,040													
31,2		0,110													
32		0,010													
32,2		0,080													
33,2		0,060													
Total	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000

Tablo 11. Diyarbakır Populasyonuna Dahil 50 Bireyin 15-STR Lokusu Allel Frekansları

Alleller	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
6						0,330						0,010			
7			0,040			0,130									
8	0,010		0,160	0,010		0,120	0,130	0,020				0,470			
9	0,020		0,090	0,040		0,200	0,070	0,200				0,120		0,020	
9,3						0,210									
10	0,010		0,250	0,230		0,010	0,040	0,120				0,100	0,010	0,110	
11	0,090		0,270	0,330			0,200	0,300		0,010		0,270	0,020	0,230	
12	0,080		0,160	0,310			0,400	0,270		0,070		0,030	0,120	0,460	
13	0,180		0,030	0,070			0,130	0,090			0,210		0,100	0,170	
13,2											0,020				
14	0,280				0,080		0,030			0,330	0,150		0,240	0,010	
14,2											0,050				
15	0,180			0,010	0,300					0,070	0,110		0,110		
15,2											0,100				
16	0,050				0,220				0,030	0,060	0,230		0,130		
16,2										0,070					
17	0,010				0,290				0,260		0,2		0,150		
17,2										0,010					
18					0,110				0,100		0,190		0,040		0,020
19									0,100		0,120		0,060		
20									0,140				0,010		0,100
21									0,020						0,240
22									0,060				0,010		0,200
23									0,110						0,130
24									0,060						0,170
25									0,110						0,090
26															0,050
27		0,040							0,010						
28		0,170													
29		0,240													
30		0,210													
30,2		0,010													
31		0,080													
31,2		0,090													
32		0,010													
32,2		0,080													
33		0,020													
33,2		0,030													
34,2		0,020													
Total	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000	1000

Tablo 12. 15-STR Lokuslarında Allellerin İllere Göre Görülme Sayıları

D8S1179	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır	D21S11	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
8	1			1	1	24					
9	1	2	1	3	2	24,2					
10	6	3	11	5	10	25					
11	11	8	4	17	9	26	1			1	
12	7	15	10	12	8	27	1	2	3	3	4
13	17	24	28	16	18	28	18	20	20	14	17
14	32	23	26	21	28	28,2					
15	19	15	10	19	18	29	23	19	23	30	24
16	6	8	8	5	5	29,2					
17		2	2	1	1	30	20	25	14	17	21
18						30,2	7	2	3	5	1
19						31	4	3	6	4	8
						31,2	13	14	16	11	9
						32	3	1	2	1	1
						32,2	6	9	10	8	8
						33		1	1		2
						33,2	4	4	2	6	3
						34					
						34,2					2
						35					
						35,2					
						36					
						37					
						38					
D7S820	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır	CSF1PO	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
6						6					
7	3	3	6	2	4	7					
8	22	23	18	18	16	8	2			1	1
9	12	8	7	9	9	9	4	2	2	3	4
10	27	21	23	34	25	10	26	33	31	26	23
11	15	28	35	26	27	11	27	34	38	28	33
12	14	16	11	7	16	12	33	28	26	29	31
13	7	1		4	3	13	5	3	3	10	7
14						14	3			2	
15						15				1	1
D3S1358	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır	TH01	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
12						4					
13	2					5					
14	11	7	5	6	8	6	22	24	20	22	33
15	30	28	31	34	30	7	20	17	18	8	13
16	28	29	24	24	22	8	9	19	19	16	12
17	16	20	29	23	29	9	26	21	23	19	20
18	12	15	9	10	11	9,3	18	17	18	31	21
19	1	1	2	3		10	3	2	1	3	1
						11	2		1	1	
						13,3					
D13S317	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır	D16S539	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
8	11	10	13	9	13	5					
9	6	8	9	2	7	8	8	4	2	10	2
10	11	7	11	10	4	9	15	13	18	13	20
11	22	27	22	29	20	10	8	7	9	8	12
12	37	32	26	33	40	11	28	28	37	25	30
13	13	9	15	14	13	12	24	34	29	35	27
14		7	4	3	3	13	15	14	4	9	9
15						14	2		1		
						15					

D2S1338	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır	D19S433	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
15						9					
16	1	5	3	6	3	10					
17	17	19	17	12	26	11			1	2	1
18	13	10	12	15	10	12	3	16	7	9	7
19	16	11	14	9	10	12,2					
20	13	19	8	17	14	13	21	23	25	21	21
21	7	3	5	6	2	13,2	2		1	7	2
22	2	3	4	5	6	14	31	27	32	35	33
23	13	17	20	15	11	14,2	2	10	6	2	5
24	10	12	14	8	6	15	15	9	8	8	7
25	4	1	1	4	11	15,2	14	8	9	7	10
26	3			2		16	8	4	8	6	6
27	1		2	1	1	16,2	3	3	1	3	7
28						17	1		1		
						17,2			1		1
VWA	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır	TPOX	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
11						6			1		1
12						7			2		
13	2		3	1		8	56	46	51	47	47
14	13	8	6	3	15	9	15	16	13	19	12
15	10	13	17	12	11	10	7	5	17	12	10
16	25	20	28	22	23	11	19	28	15	16	27
17	26	29	24	28	20	12	3	4	1	6	3
18	15	17	15	21	19	13		1			
19	5	13	7	10	12						
20	4			3							
21											
22											
23											
24											
D18S51	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır	FGA	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
7						17					
9						18					2
10					1	19	4	3	4	3	
10,2						20	12	9	9	7	10
11	1	2	3	2	2	21	15	19	17	16	24
12	7	13	9	12	12	22	13	13	17	22	20
13	8	12	14	12	10	23	14	21	15	15	13
13,2						24	17	21	25	17	17
14	22	25	20	19	24	25	20	9	8	8	9
14,2						26	5	4	5	11	5
15	14	21	20	15	11	26,2					
16	14	12	13	11	13	27		1			
17	20	5	7	15	15	28					
18	8	5	6	4	4	29				1	
19	6	4	6	9	6	30					
20		1	2	1	1	30,2					
21						31,2					
22					1	32,2					
23						33,2					
24						42,2					
25						43,2					
26						44,2					
27						45,2					
						46,2					
						47,2					
						48,2					
						49,2					
						50,2					
						51,2					

D5S818	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
7					
8	1	1	1		
9	9	3	6	10	2
10	10	10	7	12	11
11	30	26	44	40	23
12	35	43	32	24	46
13	14	17	10	13	17
14				1	1
15	1				
16					

Tablo 13. Elazığ İl Populasyonuna Ait 15-STR Lokusu İstatistiksel Parametreleri

ELAZIĞ	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
Hom	18,0% (9)	10,0% (5)	22,0% (11)	30,0% (15)	24,0% (12)	28,0% (14)	28,0% (14)	24,0% (12)	12,0% (6)	22,0% (11)	14,0% (7)	40,0% (20)	26,0% (13)	30,0% (15)	10,0% (5)
Het	82,0% (41)	90,0% (45)	78,0% (39)	70,0% (35)	76,0% (38)	72,0% (36)	72,0% (36)	76,0% (38)	88,0% (44)	78,0% (39)	86,0% (43)	60,0% (30)	74,0% (37)	70,0% (35)	90,0% (45)
Ho	0,82000	0,90000	0,78000	0,70000	0,76000	0,72000	0,72000	0,76000	0,88000	0,78000	0,86000	0,60000	0,74000	0,70000	0,90000
He	0,81414	0,85697	0,82465	0,75273	0,78687	0,81030	0,77273	0,81394	0,88567	0,81677	0,82424	0,62828	0,85960	0,75717	0,86222
P	0,34880	0,96885	0,91679	0,13326	0,62721	0,05967	0,34667	0,13450	0,86006	0,79418	0,82346	0,26280	0,00993	0,89451	0,92316
MP	0,077	0,054	0,062	0,118	0,096	0,082	0,090	0,080	0,040	0,067	0,074	0,192	0,057	0,100	0,051
PD	0,923	0,946	0,938	0,882	0,904	0,918	0,910	0,920	0,960	0,933	0,926	0,808	0,943	0,900	0,949
PIC	0,78	0,83	0,79	0,70	0,75	0,77	0,74	0,78	0,86	0,78	0,79	0,58	0,83	0,71	0,84
PE	0,637	0,795	0,562	0,428	0,527	0,460	0,460	0,527	0,755	0,562	0,715	0,291	0,493	0,428	0,795
TPI	2,78	5,00	2,27	1,67	2,08	1,79	1,79	2,08	4,17	2,27	3,57	1,25	1,92	1,67	5,00

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

* (...): Homozigotluk ve Heterozigotluk Allel Çifti Sayısı

Tablo 14. Malatya İl Populasyonuna Ait 15-STR Lokusu İstatistiksel Parametreleri

MALATYA	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
Hom	18,0% (9)	20,0% (10)	14,0% (7)	24,0% (12)	16,0% (8)	18,0% (9)	28,0% (14)	30,0% (15)	16,0% (8)	18,0% (9)	22,0% (11)	42,0% (21)	18,0% (9)	24,0% (12)	12,0% (6)
Het	82,0% (41)	80,0% (40)	86,0% (43)	76,0% (38)	84,0% (42)	82,0% (41)	72,0% (36)	70,0% (35)	84,0% (42)	82,0% (41)	78,0% (39)	58,0% (29)	82,0% (41)	76,0% (38)	88,0% (44)
Ho	0,82000	0,80000	0,86000	0,76000	0,84000	0,82000	0,72000	0,70000	0,84000	0,82000	0,78000	0,58000	0,82000	0,76000	0,88000
He	0,83838	0,83939	0,79960	0,70283	0,77778	0,81212	0,79414	0,77071	0,86667	0,82990	0,81495	0,68707	0,84909	0,71475	0,84848
P	0,70541	0,26032	0,53021	0,81379	0,90672	0,81794	0,16329	0,13248	0,66920	0,75926	0,07230	0,68241	0,42501	0,40907	0,53470
MP	0,061	0,062	0,095	0,171	0,101	0,077	0,083	0,098	0,047	0,062	0,082	0,146	0,057	0,143	0,061
PD	0,939	0,938	0,905	0,829	0,899	0,923	0,917	0,902	0,953	0,938	0,918	0,854	0,943	0,857	0,939
PIC	0,81	0,81	0,76	0,63	0,73	0,77	0,76	0,73	0,84	0,80	0,78	0,63	0,82	0,66	0,82
PE	0,637	0,599	0,715	0,527	0,675	0,637	0,460	0,428	0,675	0,637	0,562	0,268	0,637	0,527	0,755
TPI	2,78	2,50	3,57	2,08	3,13	2,78	1,79	1,67	3,13	2,78	2,27	1,19	2,78	2,08	4,17

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

* (...): Homozigotluk ve Heterozigotluk Allel Çifti Sayısı

Tablo 15. Tunceli İl Populasyonuna Ait 15-STR Lokusu İstatistiksel Parametreleri

TUNCELİ	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
Hom	18,00% (9)	18,00% (9)	22,00% (11)	28,00% (14)	16,00% (8)	22,00% (11)	28,00% (14)	20,00% (10)	12,00% (6)	16,00% (8)	30,00% (15)	30,00% (15)	20,00% (10)	28,00% (14)	16,00% (8)
Het	82,00% (41)	82,00% (41)	78,00% (39)	72,00% (36)	84,00% (42)	78,00% (39)	72,00% (36)	80,00% (40)	88,00% (44)	84,00% (42)	70,00% (35)	70,00% (35)	80,00% (40)	72,00% (36)	84,00% (42)
Ho	0,82000	0,82000	0,78000	0,72000	0,84000	0,78000	0,72000	0,80000	0,88000	0,84000	0,70000	0,70000	0,80000	0,72000	0,84000
He	0,82505	0,85616	0,77939	0,69980	0,75758	0,81414	0,83111	0,74384	0,87434	0,81333	0,81131	0,67778	0,87071	0,69232	0,84707
P	0,26967	0,15270	0,06867	0,58204	0,31870	0,26862	0,47297	0,83175	0,08668	0,08690	0,23607	0,59256	0,24736	0,49789	0,26957
MP	0,077	0,058	0,113	0,164	0,125	0,082	0,062	0,134	0,057	0,090	0,074	0,157	0,048	0,167	0,062
PD	0,923	0,942	0,887	0,836	0,876	0,918	0,938	0,866	0,943	0,910	0,926	0,843	0,952	0,833	0,938
PIC	0,79	0,83	0,74	0,63	0,71	0,78	0,80	0,69	0,85	0,78	0,78	0,63	0,85	0,63	0,82
PE	0,637	0,637	0,562	0,460	0,675	0,562	0,460	0,599	0,755	0,675	0,428	0,428	0,599	0,460	0,675
TPI	2,78	2,78	2,27	1,79	3,13	2,27	1,79	2,50	4,17	3,13	1,67	1,67	2,50	1,79	3,13

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

* (...): Homozigotluk ve Heterozigotluk Allel Çifti Sayısı

Tablo 16. Bingöl İl Populasyonuna Ait 15-STR Lokusu İstatistiksel Parametreleri

BİNGÖL	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	Vwa	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
Hom	18,00% (9)	20,00% (10)	22,00% (11)	30,00% (15)	24,00% (12)	26,00% (13)	26,00% (13)	28,00% (14)	18,00% (9)	18,00% (9)	30,00% (15)	26,00% (13)	24,00% (12)	22,00% (11)	20,00% (10)
Het	82,00% (41)	80,00% (40)	78,00% (39)	70,00% (35)	76,00% (38)	74,00% (37)	74,00% (37)	72,00% (36)	82,00% (41)	82,00% (41)	70,00% (35)	74,00% (37)	76,00% (38)	78,00% (39)	80,00% (40)
Ho	0,82000	0,80000	0,78000	0,70000	0,76000	0,74000	0,74000	0,72000	0,82000	0,82000	0,70000	0,74000	0,76000	0,78000	0,80000
He	0,85333	0,84263	0,77859	0,76606	0,76707	0,79434	0,77576	0,78323	0,89434	0,81192	0,81091	0,70646	0,87657	0,74848	0,85879
P	0,50978	0,20120	0,84865	0,24855	0,73086	0,29556	0,80518	0,10839	0,48456	0,05075	0,00367	0,84221	0,52785	0,50300	0,17705
MP	0,058	0,058	0,095	0,110	0,100	0,088	0,091	0,094	0,036	0,082	0,086	0,137	0,040	0,112	0,056
PD	0,942	0,942	0,905	0,890	0,900	0,912	0,909	0,906	0,964	0,918	0,914	0,863	0,960	0,888	0,944
PIC	0,83	0,82	0,74	0,72	0,72	0,75	0,73	0,74	0,87	0,78	0,77	0,66	0,85	0,70	0,83
PE	0,637	0,599	0,562	0,428	0,527	0,493	0,493	0,460	0,637	0,637	0,428	0,493	0,527	0,562	0,599
TPI	2,78	2,50	2,27	1,67	2,08	1,92	1,92	1,79	2,78	2,78	1,67	1,92	2,08	2,27	2,50

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

* (...): Homozigotluk ve Heterozigotluk Allel Çifti Sayısı

Tablo 17. Diyarbakır İl Populasyonuna Ait 15-STR Lokusu İstatistiksel Parametreleri

DİYARBAKIR	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
Hom	12,00% (6)	20,00% (10)	32,00% (16)	30,00% (15)	24,00% (12)	22,00% (11)	32,00% (16)	24,00% (12)	14,00% (7)	28,00% (14)	24,00% (12)	38,00% (19)	24,00% (12)	16,00% (8)	20,00% (10)
Het	88,00% (44)	80,00% (40)	68,00% (34)	70,00% (35)	76,00% (38)	78,00% (39)	68,00% (34)	76,00% (38)	86,00% (43)	72,00% (36)	76,00% (38)	62,00% (31)	76,00% (38)	84,00% (42)	80,00% (40)
Ho	0,88000	0,80000	0,68000	0,70000	0,76000	0,78000	0,68000	0,76000	0,86000	0,72000	0,76000	0,62000	0,76000	0,84000	0,80000
He	0,83899	0,85354	0,81091	0,74283	0,76667	0,78343	0,76646	0,78121	0,86869	0,82384	0,83030	0,68768	0,86929	0,70101	0,84404
P	0,82197	0,98629	0,26521	0,85765	0,50974	0,81422	0,54417	0,93681	0,03371	0,00230	0,71913	0,05219	0,80009	0,17416	0,74039
MP	0,063	0,044	0,072	0,117	0,106	0,092	0,092	0,086	0,056	0,086	0,062	0,166	0,038	0,183	0,057
PD	0,937	0,956	0,928	0,883	0,894	0,908	0,908	0,914	0,944	0,914	0,938	0,834	0,962	0,817	0,943
PIC	0,81	0,83	0,77	0,69	0,72	0,74	0,73	0,74	0,85	0,80	0,80	0,63	0,85	0,65	0,81
PE	0,755	0,599	0,398	0,428	0,527	0,562	0,398	0,527	0,715	0,460	0,527	0,316	0,527	0,675	0,599
TPI	4,17	2,50	1,56	1,67	2,08	2,27	1,56	2,08	3,57	1,79	2,08	1,32	2,08	3,13	2,50

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

* (...): Homozigotluk ve Heterozigotluk Allel Çifti Sayısı

Tablo 18. İllerin Populasyonlarının Karşılaştırma Parametreleri (Fst Değerleri)**Populasyonların Karşılaştırılması**

Fst	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
Elazığ	0,00000				
Malatya	0,00143	0,00000			
Tunceli	0,00425	0,00490	0,00000		
Bingöl	0,00082	0,00184	0,00087	0,00000	
Diyarbakır	-0,00018	-0,00101	0,00284	0,00273	0,00000

Fst P Değerleri

	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
Elazığ	*				
Malatya	0,35135+- 0,0438	*			
Tunceli	0,03604+- 0,0201	0,43243+- 0,0504	*		
Bingöl	0,43243+- 0,0675	0,26126+- 0,0370	0,34234+- 0,0445	*	
Diyarbakır	0,61261+- 0,0588	0,81081+- 0,0359	0,11712+- 0,0237	0,14414+- 0,0364	*

Anlamlı Fst P Değerlerinin Matrisi

Fst	Elazığ	Malatya	Tunceli	Bingöl	Diyarbakır
Elazığ		-	+	-	-
Malatya	-		-	-	-
Tunceli	+	-		-	-
Bingöl	-	-	-		-
Diyarbakır	-	-	-	-	

4. TARTIŞMA

Çalışmamızda genel olarak STR (Kısa Ardışık Tekrar) adı verilen DNA üzerinde yüksek polimorfizm gösteren 15 lokus için allellik cetvel tablolar şekline getirilerek değerlendirilmeleri yapıldı.

Çalışmamızda Elazığ ve Çevre illerin (Malatya, Diyarbakır, Tunceli ve Bingöl) popülasyonlarına ait her ilden 50 birey olmak üzere toplam 250 bireye ait 15 STR lokusu kullanılarak karakterizasyonu yapıldı.

Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC) değeri popülasyonlar içerisinde 0,87 ile 0,58 değerleri arasında hesaplanmış olup, en yüksek PIC değeri Bingöl'de D2S1338 (0,87) lokusunda ve en küçük PIC değeri ise Elazığ'da TPOX (0,58) lokusunda gözlemlendi.

Populasyonlarda heterozigotluk değerleri incelendiğinde, gözlenen heterozigotluk (Ho) değerlerinin en yüksek Elazığ'da D21S11 ve FGA (0,90000) lokusunda, en düşük Malatya'da TPOX (0,58000) lokusunda hesaplanmış ve beklenen heterozigotluk (He) değerlerinin ise en yüksek Bingöl'de D2S1338 (0,89434), en düşük değeri ise Elazığ'da TPOX (0,62828) lokusunda verilen değerler arasında değiştiği gözlenmiştir.

Tuğ ve ark. (65) Bolu popülasyonunda yapılan çalışmada gözlenen heterozigotluk (Ho) en yüksek D18S51 (0,900) en düşük TPOX (0,567) lokuslarında beklenen heterozigotluk (He) en yüksek D18S51 (0,897) en düşük TPOX (0,571) lokuslarında, Erkol ve ark. (66) Düzce popülasyonunda yapılan çalışmada gözlenen heterozigotluk (Ho) en yüksek D7S820 (0,883) en düşük D3S1358 (0,650) lokuslarında beklenen heterozigotluk (He) en yüksek D2S1338 (0,883) en düşük TPOX (0,642) lokuslarında, Çakır ve ark. (67) Van-Ağrı yöresindeki popülasyonda yapılan çalışmada gözlenen heterozigotluk (Ho) en yüksek FGA (0,871) en düşük TPOX (0,569) lokuslarında, beklenen heterozigotluk (He) en yüksek D18S51 (0,876) en düşük TPOX (0,659) lokuslarında gözlenmiş olup; Çakır ve ark. (66-69) Türkiye, Marmara, Ege , Akdeniz ile Ülküer ve ark. (72) Türk popülasyonlarında yapılmış diğer çalışmalardaki gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri arasında anlamlı bir fark izlenmemiştir.

Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarına ait 15 STR lokusları incelendiğinde allel sıklıklarının Hardy-Weinberg (HW) eşitliğine göre uyumluluğu, Markov Zinciri ve Fisher'in Exact Test P-value değerleri dikkate alınarak ($p > 0,05$) kontrol edildi. Elazığ'da D18S51 (0,00993), Bingöl'de vWA (0,00367), Diyarbakır'da D2S1338 (0,03371) ve D19S433 (0,00230) lokuslarının HW eşitliğine uymuyor şeklinde gözleniyor olsa da; Bonferroni düzeltmesi ($0,05/15$ lokus=0,003) yapıldığında sadece Diyarbakır'da D19S433 (0,00230) lokusunun HW eşitliğine uymadığı belirlendi. Bunun çalışılan örnek sayısının yetersiz olması, göçler veya akraba evliliğinden kaynaklanabileceği düşünülebilir. Bu lokuslar dışında illerin popülasyonlarının p değerleri arasında en yüksek Diyarbakır'da D21S11 (0,98629) ve en düşük ise Bingöl'de D19S433 (0,05075) lokuslarındaki değerlerde gözlemlendi.

Çakır ve ark. (67) Van-Ağrı yöresinde yaptıkları çalışmada da D5S818 lokusunda (0,001) p değerinin HW eşitliğine uymadığı gözlenmiştir.

Uyuşma (Karşılaşma) Olasılığı (PM); heterozigotluk oranı (H), dışlama gücü (PE), ayırlama gücü (PD), babalık indeksi (TPİ) yüksek ve karşılaşma olasılığı düşük olan sistemler ebeveyn tayininde adli çalışmalarda tercih edilen sistemlerdir.

Uyuşma olasılığı, bireylerin birbirine olan yakınlığının bir göstergesi olmaktadır. Bireylerin akrabalık derecesi ne kadar yüksek ise aynı alleli taşıma olasılığı o kadar yüksek olabilir.

Bu çalışmada Uyuşma (Karşılaşma) Olasılığı (PM) değerleri en yüksek; Elazığ'da TPOX (0,192), Malatya'da CSF1PO (0,171), Bingöl'de D5S818 (0,167), Tunceli'de TPOX (0,137) ve Diyarbakır'da D5S818 (0,183) lokuslarında, en düşük değerler ise Elazığ'da D2S1338 (0,040), Malatya'da D2S1338 (0,047), Bingöl'de D2S1338 (0,036), Tunceli'de D18S51 (0,048) ve Diyarbakır'da D18S51 (0,038) lokuslarında gözlemlendi.

Bu çalışmada Ayırlama Gücü (PD) değerleri en yüksek değerler; Elazığ'da D2S1338 (0,960), Malatya'da D2S1338 (0,953), Bingöl'de D2S1338 (0,964), Tunceli'de D18S51 (0,952) ve Diyarbakır'da D18S51 (0,962) lokuslarında, en düşük değerler ise Elazığ'da TPOX (0,808), Malatya'da CSF1PO (0,829), Bingöl'de TPOX (0,863), Tunceli'de D5S818 (0,833) ve Diyarbakır'da D5S818 (0,817) lokuslarında gözlenmiş olup, buna göre de allel sayısı çok olan lokusların, az olan lokuslara oranla ayırlama gücünün (PD) yüksek çıktığı görüldü.

Türkiye’de Çakır ve ark. (67-71), Ülküer ve ark. (72), Erkol ve ark. (66), Akbaşak ve ark. (73), Aşıcıoğlu ve ark. (74), Özkorkmaz ve ark. (75), Tuğ ve ark. (65) tarafından diğer lokalizasyonlarda yapılan çalışmalarda da ayırtılma gücü (PD) ve uyuşma (karşılaşma) olasılığı (PM) değerleri arasında da belirgin farklılıklar izlenmemiştir.

Populasyonların istatistiksel parametreleri incelendiğinde, heterozigotluk oranı yüksek lokuslarda dışlama gücünün (PE) daha yüksek olduğu belirlenmiş olup dışlama gücü değeri en yüksek Elazığ’da D21S11 ve FGA lokuslarında (0,795) olarak, en düşük ise Malatya’da TPOX lokusunda (0,268) olarak gözlemlendi. Dolayısıyla bu çalışmadaki popülasyonların istatistikleri lokuslar bazında incelendiğinde dışlama gücü değerleri (PE) yüksek bulunmuştur.

Tipik Babalık İndeksi (TPI), biyolojik olarak baba olması için test edilen ferдин rastgele seçilmiş bireyden kaç defa daha güçlü baba olma ihtimalini yansıtmaktadır. Ayrıca çalışmamızda da popülasyonlara ait dışlama gücü değeri ile babalık değeri indeksinin doğru orantılı olduğu izlenmiştir.

En yüksek TPI değerinin Elazığ’da D21S11 ve FGA lokuslarında 5,00 ve en düşük TPI değerinin ise Malatya’da TPOX lokusunda 1,19 olduğu görülmüştür.

Türkiye’de Tuğ ve ark. (65) Bolu, Çakır ve ark. (67, 69-71) Marmara, Ege, Van-Ağrı, Akdeniz, Ülküer ve ark. (72) Türkiye, Erkol ve ark. (66) Düzce popülasyonlarında yapılmış diğer çalışmalardaki dışlama gücü (PE) ve tipik babalık indeksi (TPI) değerleri incelendiğinde de bu değerler arasında doğru orantı mevcut olup anlamlı bir fark gözlenmedi.

Bu çalışmada **D8S1179** lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 8 ile 17 arasında 10 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Elazığ popülasyonunda tespit edilen 14 (%32) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Akbaşak ve ark. (73) Türkiye ile Çakır ve ark. (70, 71) Akdeniz, Ege, Ülküer ve ark. (72) Türkiye bu lokusta 18 allelini de göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye’de 8-18 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya’da 8-16 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney

bölümünde 7-18 alleller arasında en sık görülen 13 alleli , Rakha ve ark. (78) Pakistan'da 8-18 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya'da 8-17 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya'da 8-17 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Barni ve ark. (81) Irak'ta 8-17 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç'de 8-18 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus'da 10-16 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin'de 8-17 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas'da 8-17 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Clark ve ark. (86) Pakistan'da 8-18 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye'de 8-17 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran'da 8-17 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt'de 8-17 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Gomes ve ark. (90) Brezilya'da 8-17 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin'de 8-17 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)'da 8-17 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)'de 8-17 alleller arasında en sık görülen 13-14 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır'da 8-18 alleller arasında en sık görülen 14 alleli , Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)'de 8-18 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)'de 10-17 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)'da 8-18 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)'de 8-18 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya'da 9-17 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)'de 9-17 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal'de 10-17 alleller arasında en sık görülen 15 alleli , Stepanov ve ark. (103) Rusya'da 8-17 alleller arasında en sık görülen 13 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde İspanya, Polonya, Irak, Arjantin, Fas, Suriye, İran, Kuveyt, Brezilya, Honduras, Filistin, Rusya'da da bu lokus da çalışmamızda gözlenen 8-17 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 17'den büyük allellerin belirleyici özgülüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

D21S11 lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 26 ile 34,2 arasında 13 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Bingöl popülasyonunda tespit edilen 29 (%30) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Çakır ve ark. (69-71) Akdeniz 28,2 allelini, Marmara 35 ve 38 allelini, Ege 24,2 ve 25 allelini, Ülküer ve ark. (72) Türkiye bu lokusta 34 ve 35 allelini, Aşıcıoğlu ve ark. (74) Türkiye 29,2 ve 36 allelini göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye’de 24,2-38 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya’da 26-33,2 alleller arasında en sık görülen 29 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 25-36 alleller arasında en sık görülen 29 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan’da 27-34,2 alleller arasında en sık görülen 29 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya’da 27-34,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya’da 27-35,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Barni ve ark. (81) Irak’ta 27-35 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç’de 24,2-35 alleller arasında en sık görülen 29 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus’da 24,2-33,2 alleller arasında en sık görülen 29 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin’de 27-34,2 alleller arasında en sık görülen 29-30 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas’da 27-35 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Clark ve ark. (86) Pakistan’da 27-35,2 alleller arasında en sık görülen 29 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye’de 26-33,2 alleller arasında en sık görülen 29 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran’da 27-35 alleller arasında en sık görülen 29 alleli , Alenizi ve ark. (89) Kuveyt’de 27-36 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Gomes ve ark. (90) Brezilya’da 26-38 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin’de 24,2-35,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduran)’da 24,2-35,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)’de 27-35,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)’da 10-35 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır’da 26-38 alleller arasında en sık görülen 29 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)’de 25-35,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)’de 28-34,2 alleller arasında en sık görülen

30 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)'da 27-34,2 alleller arasında en sık görülen 29 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)'de 27-35,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya'da 28-34,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)'de 27-34,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal'de 27-33,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya'da 26-34,2 alleller arasında en sık görülen 30 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde Rusya'da bu lokus da çalışmamızda gözlenen 26-34,2 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 26'dan küçük 34,2'den büyük allellerin belirleyici özgülüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

D7S820 lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 7 ile 13 arasında 7 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Tunceli popülasyonunda tespit edilen 11 (%35) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Tuğ ve ark. (65) Bolu 14 alleli, Çakır ve ark. (68) Türkiye 14 allelini, Ülküer ve ark. (72) Türkiye bu lokusta 14 ve 15 allelini, Akbaşak ve ark. (73) Türkiye 14 allelini, Aşıcıoğlu ve ark. (74) Türkiye 6 ve 14 allelini göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye'de 6-15 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya'da 6-14 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 6-13 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan'da 7-13 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya'da 7-14 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya'da 7-14 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Barni ve ark. (81) Irak'ta 7-13 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç'de 6,3-14 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus'da 8-13 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin'de 7-13 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas'da 7-14 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye'de 7-13 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Shepard ve Herera (88) İran'da 7-14 alleller arasında en sık

görülen 10 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt’de 7-14 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Gomes ve ark. (90) Brezilya’da 7-14 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin’de 7-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)’da 6-14 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)’de 7-13 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)’da 7-12 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır’da 5-14 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)’de 7-13,2 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)’de 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)’da 7-14 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)’de 7-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya’da 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)’de 7-13 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal’de 8-13 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya’da 5-15 alleller arasında en sık görülen 10 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde Pakistan, Irak, Arjantin, Suriye, Filistin, Çin (Salar)’de bu lokus da çalışmamızda gözlenen 7-13 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 7 den küçük 13den büyük allellerin belirleyici özgünlüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

CSF1PO lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 8 ile 15 arasında 8 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Tunceli popülasyonunda tespit edilen 11 (%38) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Çakır ve ark. (67) Van-Ağrı 7 allelini de göstermiştir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye’de 7-15 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya’da 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 6-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan’da 8-14 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79)

İspanya'da 10-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Barni ve ark. (81) Irak'ta 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç'te 7-16 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus'da 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin'de 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas'da 7-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye'de 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran'da 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt'de 7-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Gomes ve ark. (90) Brezilya'da 7-16 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)'da 7-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)'de 5-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)'da 7-12 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır'da 7-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)'de 7-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)'de 7-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)'da 9-13 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)'de 7-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya'da 9-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)'de 7-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal'de 9-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya'da 5-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde Polonya, Arjantin'de bu lokus da çalışmamızda gözlenen 8-15 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 8'den küçük 15'den büyük allellerin belirleyici özgünlüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

D3S1358 lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 13 ile 19 arasında 7 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Bingöl popülasyonunda tespit edilen 15 (%34) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Çakır ve ark. (67, 71) Van-Ağrı 20 allelini, Akdeniz 20 allelini,

Erkol ve ark. (66) Düzce, Ülküer ve ark. (72) Türkiye, Aşıcıoğlu ve ark. (74) Türkiye bu lokusta 12 allelini de göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye’de 12-20 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya’da 13-19 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 12-20 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan’da 14-20 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya’da 12-19 alleller arasında en sık görülen 18 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya’da 11-20 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Barni ve ark. (81) Irak’ta 13-19 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç’de 11-21 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus’da 12-20 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin’de 13-19 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas’da 10-20 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Clark ve ark. (86) Pakistan’da 11-19 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye’de 13-19 alleller arasında en sık görülen 15-16 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran’da 14-19 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt’de 14-19 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin’de 12-20 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)’da 14-19 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)’de 13-19 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)’da 10-18 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır’da 13-19 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)’de 13-19 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)’de 14-19 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)’da 14-18 alleller arasında en sık görülen 15-16 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)’de 13-19 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya’da 12-19 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)’de 15-20 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal’de 14-19 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya’da 13-20 alleller arasında en

sık görülen 15 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde İtalya, Irak, Arjantin, Suriye, Filistin, Mısır, Çin (Shaanxi), Çin (Tibet)'de bu lokus da çalışmamızda gözlenen 13-19 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 13'den küçük 19'dan büyük allellerin belirleyici özgünlüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

TH01 lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 6 ile 11 arasında 7 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Diyarbakır popülasyonunda tespit edilen 6 (%33) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Çakır ve ark. (67, 68) Van-Ağrı 5 allelini, Türkiye 5 allelini göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye'de 5-11 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya'da 6-10 alleller arasında en sık görülen 6 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 5-10,3 alleller arasında en sık görülen 6 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan'da 6-10 alleller arasında en sık görülen 6 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya'da 5-10 alleller arasında en sık görülen 9.3 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya'da 6-10 alleller arasında en sık görülen 9.3 alleli, Barni ve ark. (81) Irak'ta 6-10 alleller arasında en sık görülen 6 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç'de 5-10 alleller arasında en sık görülen 7 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus'da 6-10 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin'de 6-10 alleller arasında en sık görülen 7 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas'da 5,3-24 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Clark ve ark. (86) Pakistan'da 6-10 alleller arasında en sık görülen 6 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye'de 6-10 alleller arasında en sık görülen 6 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran'da 6-10 alleller arasında en sık görülen 6 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt'de 6-10 alleller arasında en sık görülen 6 alleli, Gomes ve ark. (90) Brezilya'da 5-10 alleller arasında en sık görülen 7 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin'de 6-10 alleller arasında en sık görülen 6 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)'da 6-10 alleller arasında en sık görülen 6 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)'de 6-10 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)'da 5,3-9,3 alleller arasında en sık görülen 9

alleli, Omran ve ark. (95) Mısır'da 6-11 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)'de 6-11 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)'de 6-10 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)'da 6-10 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)'de 6-10 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya'da 6-10 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)'de 6-10 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal'de 6-10 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya'da 4-10 alleller arasında en sık görülen 9.3 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde Mısır, Çin (Shaanxi)'de bu lokus da çalışmamızda gözlenen 6-11 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 6'den küçük 11'den büyük allellerin belirleyici özgünlüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

D13S317 lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 8 ile 14 arasında 7 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Diyarbakır popülasyonunda tespit edilen 12 (%40) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Çakır ve ark. (68) Türkiye 15 allelini, Ülküer ve ark. (72) Türkiye bu lokusda 15 allelini göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye'de 8-15 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya'da 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 8-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan'da 7-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Barni ve ark. (81) Irak'ta 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus'da 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin'de 7-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas'da 5,3-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye'de 7-14 alleller arasında en sık

görülen 11 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Gomes ve ark. (90) Brezilya'da 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduran)'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 11-12 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)'de 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)'da 5-13 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)'de 6-14 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)'de 7-15 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)'da 7-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya'da 7-14 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal'de 8-16 alleller arasında en sık görülen 10 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya'da 8-16 alleller arasında en sık görülen 11 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde İtalya, Irak, Tunus, Brezilya, Filistin'de bu lokus da çalışmamızda gözlenen 8-14 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 8'den küçük 14'den büyük allellerin belirleyici özgünlüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

D16S539 lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 8 ile 14 arasında 7 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Tunceli popülasyonunda tespit edilen 11 (%37) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Çakır ve ark. (67, 68, 71) Türkiye 15 allelini, Van –Ağrı 5 allelini, Akdeniz 15 allelini de göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye'de 5, 8-15 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 8-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Rakha ve ark. (78)

Pakistan'da 7-14 alleller arasında en sık görülen 11-12 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya'da 7-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Barni ve ark. (81) Irak'ta 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus'da 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin'de 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas'da 8-15,21 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Clark ve ark. (86) Pakistan'da 8-19 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran'da 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Gomes ve ark. (90) Brezilya'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)'de 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)'da 8-13 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır'da 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)'de 7-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)'de 7-15 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)'da 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)'de 8-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya'da 9-15 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)'de 8-14 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal'de 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya'da 8-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde Irak, Tunus, Arjantin, İran, Filistin, Mısır, Hindistan, Çin (Salar), Nepal'de de bu lokus da çalışmamızda gözlenen 8-14 arası alleller gösterilmiştir. Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 8'den küçük 14'den büyük allellerin belirleyici özgülüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir. Ayrıca Çakır ve ark. (67) Van-Ağrı yöresinde

gözledikleri 5 allelinin Türkiye popülasyonu için özgün allel olabileceği düşünülmüştür.

D2S1338 lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 16 ile 27 arasında 12 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Diyarbakır popülasyonunda tespit edilen 17 (%26) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Özkorkmaz ve ark. (75) Türkiye 28 allelini, Çakır ve ark. (69-71) Ege 28 allelini, Marmara 15 allelini, Akdeniz 28 allelini de göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye’de 15-28 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya’da 16-26 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Barni ve ark. (81) Irak’ta 15-26 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas’da 11-27 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Clark ve ark. (86) Pakistan’da 16-26 alleller arasında en sık görülen 23 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran’da 16-26 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt’de 14-26 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)’da 16-27 alleller arasında en sık görülen 19 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)’da 11-26 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır’da 16-27 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)’de 13-27 alleller arasında en sık görülen 19 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)’de 16-27 alleller arasında en sık görülen 19 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)’de 16-27 alleller arasında en sık görülen 23 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal’de 17-26 alleller arasında en sık görülen 23 alleli arası alleller gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde Honduras, Mısır, Çin (Tibet), Çin (Salar)’da da bu lokus da çalışmamızda gözlenen 16-27 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 16’dan küçük 27’den büyük allellerin belirleyici özgünlüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir. Ayrıca Çakır ve ark. (70, 71) Akdeniz, Ege ve Özkorkmaz ve ark. (75) Türkiye popülasyonlarında gözledikleri 28 allelinin Türkiye popülasyonu için özgün allel olabileceği düşünülmüştür.

D19S433 lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 11 ile 17,2 arasında 12 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Bingöl popülasyonunda tespit edilen 14 (%35) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Özkorkmaz ve ark. (75) Türkiye 9 allelini, Çakır ve ark. (71) Akdeniz 10,2 allelini de göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye’de 9-17,2 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya’da 10-17.2 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Barni ve ark. (81) Irak’ta 11-17 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas’da 11-20 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Clark ve ark. (86) Pakistan’da 11-17.2 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran’da 6.2,11-17.2 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt’de 10-18.2 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)’da 10-17.2 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)’da 10-20 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır’da 10-17 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)’de 9-18.2 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)’de 11-17.2 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar Populasyonu)’de 11-17.2 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal’de 12-16.2 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin’de 11-19 alleller arasında en sık görülen 14 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde Pakistan, Çin (Tibet), Çin (Salar populasyonu)’de de bu lokus da çalışmamızda gözlenen 11-17.2 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 11’den küçük 17.2’den büyük allellerin belirleyici özgülüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

vWA lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 13 ile 20 arasında 8 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Malatya popülasyonunda tespit edilen 17 (%29) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Çakır ve ark. (67-69) Türkiye 21 allelini, Marmara 11 allelini, Van-Ağrı 12 allelini, Aşıcıoğlu (74) Türkiye 21 allelini, Özkorkmaz ve ark. (75) Türkiye

22 allelini, Iwasa ve ark. (104) Laz popülasyonunda 21 allelini de göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye’de 11-22 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya’da 14-20 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 11-21 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan’da 13-20 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya’da 14-21 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya’da 11-21 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Barni ve ark. (81) Irak’ta 14-20 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç’de 12-24 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus’da 14-19 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin’de 11-20 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas’da 7-20 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Clark ve ark. (86) Pakistan’da 13-20 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye’de 13-20 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran’da 13-20 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt’de 6,14-20 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Gomes ve ark. (90) Brezilya’da 11-21 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin’de 13-21 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)’da 11-21 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)’de 14-20 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)’da 6-19 alleller arasında en sık görülen 16-17 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır’da 13-20 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)’de 13-21 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)’de 10-18 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)’da 14-20 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)’de 14-20 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya’da 14-21 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)’de 14-20 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal’de 14-20 alleller

arasında en sık görülen 16 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya’da 13-21 alleller arasında en sık görülen 17 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde Pakistan, Suriye, İran, Mısır, Yunanistan’da da bu lokus da çalışmamızda gözlenen 13-20 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 13’den küçük 20’den büyük allellerin belirleyici özgünlüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir. Ayrıca Özkorkmaz ve ark. (75) Türkiye popülasyonunda yaptıkları çalışmada gözlenen 22 allelinin Türkiye popülasyonu için özgün allel olabileceği düşünülmüştür.

TPOX lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 6 ile 13 arasında 8 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Elazığ popülasyonunda tespit edilen 8 (%56) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; tüm çalışmalarda (65-75) bu çalışmada da elde edilen alleller ile uyumlu olduğu gözlemlendi. Buna göre bu lokus için Türkiye’de 6-13 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya’da 8-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 8-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan’da 8-12 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya’da 7-13 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya’da 8-13 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Barni ve ark. (81) Irak’ta 6-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç’de 6-12 alleller arasında en sık görülen 7 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus’da 7-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin’de 7-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas’da 6-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye’de 6-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran’da 7-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt’de 8-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Gomes ve ark. (90) Brezilya’da 4-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin’de 13-21 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)’da 6-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Abu

Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)'de 6-13 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)'da 6-10 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır'da 6-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)'de 8-14 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)'de 7-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)'da 7-13 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)'de 7-13 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya'da 6-14 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)'de 8-13 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal'de 8-12 alleller arasında en sık görülen 8 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya'da 7-13.2 alleller arasında en sık görülen 8 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde Filistin (Gazze) de bu lokus da çalışmamızda gözlenen 6-13 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 6'dan küçük 13'den büyük allellerin belirleyici özgülüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

D18S51 lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 10 ile 22 arasında 12 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Malatya popülasyonunda tespit edilen 14 (%25) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Çakır ve ark. (69-71) Marmara 9 allelini, Ege 9-23 allellerini, Akdeniz 9-23-24 allellerini, Ülküer ve ark. (72) Türkiye 9 allelini, Akbaşak ve ark. (73) Türkiye 9 allelini de göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye'de 9-24 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya'da 10-20 alleller arasında en sık görülen 20 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 9-22 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan'da 11-23 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya'da 10-22 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya'da 10-23 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Barni ve ark. (81) Irak'ta 10-20 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç'de 9-27 alleller arasında en sık görülen 17 alleli, Cherni ve ark. (83)

Tunus'da 12-21 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin'de 10-23 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas'da 8-23 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Clark ve ark. (86) Pakistan'da 10-23 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye'de 10-22 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran'da 9-20 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt'de 11-23 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Gomes ve ark. (90) Brezilya'da 7-26 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin'de 10-24 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)'da 10-24 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)'de 10-21 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)'da 8-20 alleller arasında en sık görülen 16 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır'da 8-21.2 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)'de 10-26 alleller arasında en sık görülen 14 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)'de 9-24 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)'da 11-20 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)'de 10-24 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya'da 11-24 alleller arasında en sık görülen 15 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)'de 11-25 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal'de 11-22 alleller arasında en sık görülen 13 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya'da 8-23 alleller arasında en sık görülen 15 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde İspanya, Suriye'de de bu lokus da çalışmamızda gözlenen 10-22 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 10'dan küçük 22'den büyük allellerin belirleyici özgülüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

D5S818 lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 8 ile 15 arasında 15 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Diyarbakır popülasyonunda tespit edilen 12 (%46) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Tuğ ve ark. (65) Bolu 7 allelini, Erkol ve ark. (66) Düzce 7 allelini, Ülküer ve ark. (72) Türkiye 7 allelini, Aşıcıoğlu ve ark. (74) Türkiye 7

allelini de göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye’de 7-15 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya’da 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 7-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan’da 9-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya’da 8-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya’da 8-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Barni ve ark. (81) Irak’ta 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç’de 7-15 alleller arasında en sık görülen 9 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus’da 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin’de 7-19 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas’da 8-16 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye’de 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran’da 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt’de 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin’de 7-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)’da 7-16 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)’de 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)’da 8-13 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır’da 8-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)’de 7-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)’de 6-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)’da 9-13 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)’de 7-15 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya’da 7-14 alleller arasında en sık görülen 12 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar populasyonu)’de 8-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal’de 7-14 alleller arasında en sık görülen 11 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya’da 7-15 alleller arasında en sık görülen 12 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde İspanya, Polonya’da da bu lokus da çalışmamızda gözlenen 8-15 arası alleller gösterilmiştir.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 8'dan küçük 15'den büyük allellerin belirleyici özgünlüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

FGA lokusunda Elazığ, Malatya, Tunceli, Bingöl ve Diyarbakır popülasyonlarında 18 ile 29 arasında 11 allel saptanmış olup; en fazla gözlenen allel ise Tunceli popülasyonunda tespit edilen 24 (%25) allelidir. Yurtiçi diğer çalışmalar incelendiğinde; Tuğ ve ark. (65) Bolu 17 allelini, , Çakır ve ark. (69, 71) Marmara 28 allelini, Akdeniz 28 allelini, Ülküer ve ark. (72) Türkiye bu lokusta 28 allelini, Akbaşak ve ark. (73) Türkiye 28 allelini de göstermişlerdir. Yurtiçi çalışmalar incelendiğinde bu lokus için Türkiye'de 17-28 arası allellerin görüldüğü anlaşılmıştır.

Yurtdışında yapılan çalışmalarla karşılaştırmalar yapıp, benzerlikler ve farklılıkları belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda; Lancia ve ark. (76) İtalya'da 18-26 alleller arasında en sık görülen 21 alleli, Cariolou ve ark. (77) Kıbrıs adasının güney bölümünde 22-28 alleller arasında en sık görülen 22 alleli, Rakha ve ark. (78) Pakistan'da 19-26 alleller arasında en sık görülen 21-23 alleli, Perez-Miranda ve ark. (79) İspanya'da 18-28 alleller arasında en sık görülen 22 alleli, Soltyszewski ve ark. (80) Polonya'da 16-28 alleller arasında en sık görülen 22 alleli, Barni ve ark. (81) Irak'ta 18-27 alleller arasında en sık görülen 24 alleli, Stenersen ve ark. (82) Norveç'de 17-28 alleller arasında en sık görülen 18 alleli, Cherni ve ark. (83) Tunus'da 19-29 alleller arasında en sık görülen 22 alleli, Bozzo ve ark. (84) Arjantin'de 15-28 alleller arasında en sık görülen 24-25 alleli, Ossmani ve ark. (85) güney Fas'da 19-27,30.4,31.2 alleller arasında en sık görülen 22 alleli, Clark ve ark. (86) Pakistan'da 18-28 alleller arasında en sık görülen 22 alleli, Abdin ve ark. (87) Suriye'de 18-27 alleller arasında en sık görülen 21 alleli, Shepard ve Herrera (88) İran'da 18-28 alleller arasında en sık görülen 23 alleli, Alenizi ve ark. (89) Kuveyt'de 18-27 alleller arasında en sık görülen 23 alleli, Marino ve ark. (91) Arjantin'de 17-28 alleller arasında en sık görülen 21 alleli, Matamoros ve ark. (92) Orta Amerika (Honduras)'da 18-28 alleller arasında en sık görülen 24 alleli, Abu Halima ve ark. (93) Filistin (Gazze)'de 18-28 alleller arasında en sık görülen 22 alleli, Bouabdellah ve ark. (94) Fas (Moroccan)'da 17-25 alleller arasında en sık görülen 23 alleli, Omran ve ark. (95) Mısır'da 16.1-30 alleller arasında en sık

görülen 22 alleli, Wu ve ark. (96) Çin (Shaanxi)'de 16-27 alleller arasında en sık görülen 23 alleli, Zhang ve ark. (97) Çin (Sichuan)'de 17-28 alleller arasında en sık görülen 22 alleli, Ashma ve Kashyap (98) Hindistan (Bihar)'da 18-27 alleller arasında en sık görülen 24 alleli, Yan ve ark. (99) Çin (Tibet)'de 17-29 alleller arasında en sık görülen 23 alleli, Hara ve ark. (100) Japonya'da 17-27 alleller arasında en sık görülen 22 alleli, Zhu ve ark. (101) Çin (Salar popülasyonu)'de 18-27 alleller arasında en sık görülen 23 alleli, Ota ve ark. (102) Nepal'de 18-27 alleller arasında en sık görülen 24 alleli, Stepanov ve ark. (103) Rusya'da 16-28 alleller arasında en sık görülen 21.2 alleli gözlenmiş olup, yapılan çalışmalar incelendiğinde bu lokus da çalışmamızda gözlenen 18-29 arası allellerle uyumlu olmadıkları saptanmış ve bunun da lokusun mutasyon oranının yüksek olmasına bağlı olduğu düşünülmüştür.

Bu çalışmada Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Bingöl, Diyarbakır) popülasyonlarında yapılan incelemelerde 18'den küçük 29'dan büyük allellerin belirleyici özgülüğe sahip alleller olmadığı belirlenmiştir.

Fst (Fiksasyon indeksi) genellikle popülasyonlar arasında allel sıklığındaki farklılıklar nedeniyle ortaya çıkan genetik uzaklık-değişkenlik ilişkisi oranı olarak ifade edilebilir (105). Popülasyonlar arasında genetik yakınlık veya uzaklığın karşılaştırılmasında kullanılır. Fst P değeri 0 (sıfır) ile 1 (bir) arasında değişebilir; bu değer sıfıra yaklaştıkça genetik yakınlığa yani akrabalık yakınlığının artmasına ve bire yaklaştıkça ise iki popülasyon arasındaki genetik uzaklığa yani akrabalık bağının azaldığına işaret edebilir (106).

Bu çalışmada Tablo 18'de verilen Elazığ ve çevre illeri (Malatya, Tunceli, Diyarbakır) popülasyonlarının ikili karşılaştırma Fst P değerleri incelendiğinde; Elazığ ve Tunceli popülasyonları arasında $p=0.03604$ ($p<0.05$) olarak gözlenen değer sebebiyle anlamlı bir genetik uzaklık olduğu görüldü. Malatya ile Diyarbakır popülasyonları arasında ise $p=0.81081$ ($p<0.05$) şeklinde tespit edilen değer nedeniyle anlamlı bir genetik uzaklık mevcut olmayıp, en belirgin olarak genetik yakın akrabalık ilişkisinin bu iki (Malatya ve Diyarbakır) bu iki popülasyon arasında olduğu gözlemlendi. Tunceli ve Diyarbakır popülasyonları arasında yine anlamlı bir genetik uzaklık gözlenmemesine ($p=0.11712$, $p<0.05$) rağmen popülasyonlar ikili

şekilde kendi aralarında değerlendirildiğinde en az genetik uzaklık ilişkisi bu iki (Tunceli ve Diyarbakır) bu iki popülasyon arasında izlendi.

Yurt dışında yapılan bazı çalışmalar incelendiğinde; Budowle ve ark.ları (107) üç yerli Alaska popülasyonunda (Athabaskan, İnupiat ve Yupik) yaptıkları çalışmada ikili şekilde kendi aralarında karşılaştırılarak tespit edilen genetik uzaklık değerleri göz önüne alındığında İnupiat ve Yupik ($p=0.0405$, $p<0.05$) popülasyonlarının genetik olarak birbirlerine uzak yani kapalı popülasyonlar olduğunu, Stepanov ve ark.ları (103) Rusya'da beş kentin popülasyonunda (Belgorod, Orel, Yaroslavl, Orenburg ve Tomsk) yaptıkları çalışmada popülasyonların ikili gruplar şeklinde Fst p değerleri incelendiğinde anlamlı bir farkın ($p<0.05$) popülasyon arasında gözlenmediğini belirtmişlerdir.

Bu çalışmada Elazığ ve Tunceli popülasyonlarında gözlenen anlamlı genetik uzaklığa; gen frekansını ve Hardy-Weinberg dengesini değiştirebilecek etkenlerden biri olan eş seçiminin neden olabileceği ayrıca eş seçiminde coğrafi konum, kültür, iletişim dili, dini inanç veya meshep farklılıkları gibi etmenlerin rol oynayabileceği düşünüldü.

5. KAYNAKLAR

1. Jobling MA, Tyler-Smith C. Fathers and sons: the Y chromosome and human evolution. *Trends Genet* 1995; 11: 449-456.
2. Knight B. Simpson Adli Tıp. Birgen N (Editör), İstanbul: Bilimsel ve Teknik Yayınları Çeviri Vakfı, 1995.
3. Dönbak L. Kısa ardarda tekrar eden DNA dizilerinin adli amaçlı DNA çalışmalarındaki yeri. *Temel Klinik Tıp Bilimleri* 2002; 22: 233-238.
4. Robertson J, Ross AM, Burgayne LA. DNA In Forensic Science: theory, techniques and applications. London: Ellis Howard Ltd, 1990.
5. Alikashifoğlu M. Genotipleme çalışmalarında kullanılan ileri teknolojik yöntemler. *Türk Farmakoloji Derneği Eğitim Sempozyumu Kitapçığı*, 100.Yıl Üniversitesi Tıp Fakültesi, 2006: 17-19.
6. Kantarcı S, Eraslan S, Lâleli KY. Türk toplumunda sık görülen kalıtsal hastalıklarda PCR tekniğine dayalı DNA tanı yöntemlerinin geliştirilmesi ve servis olarak sunulması. *Perinatoloji Dergisi* 1999; 7 (1): 15-22.
7. Aynacıoğlu ŞA. Farmakogenetik / Genomik araştırmalar ve tıpta uygulamaları. *Türk Farmakoloji Derneği Eğitim Sempozyumu Kitapçığı*, 100. Yıl Üniversitesi Tıp Fakültesi, 2006: 1-3.
8. Jeffreys AJ, Wilson V, Thein SL. Hypervariable minisatellite regions in human DNA. *Nature* 1985; 314: 67-73.
9. Saferstein R. *Criminalistics: an intraduction to forensic DNA analysis*. 8. Edition, New Jersey, USA, Pearson Prentice Hall, 2004: 34-50.
10. Lewin B. Simple Sequence DNA. *Genes V1*. Chapter 25. Oxford: Oxford University Press, 1997: 727-741.
11. De Knijff P, Kayser M, Caglia A, Corach D, Fretwel N, Gehrig C, et al. Chromosome Y microsatellites: population genetic and evolutionary aspects. *Int J Legal Med* 1997; 110: 134-149.

12. Devrim AK, Kaya N. Genetik polimorfizm ve mikrosatellitler. Kafkas Üniv Vet Fakültesi Dergisi 2004; 10: 215-220.
13. Hoelzel A. Molecular genetic analysis of populations. 2. Edition, Oxford: IRL Press, 1998: 237-260.
14. Gusmao L, Brion M, Gonzalez-Neira A, Lareu M, Carracedo A. Y chromosome specific polymorphisms in forensic analysis. Leg Medicine 1999; 1: 55-60.
15. Ün C, Wimmers K, Ponsuksili S, Schmoll F, Schellander K. Mikrosatellitler ve kullanım alanları, Hayvansal Üretim. 2000; 41: 9-14.
16. Klug WS, Cummings MR. Genetik Kavramlar. Öner C (Çeviren), s.618-620, İstanbul, Palme Yayıncılık, 2011.
17. Klug WS, Cummings MR. Genetik Kavramlar. Öner C (Çeviren), s.683-710, İstanbul, Palme Yayıncılık, 2003.
18. Nelson DL, Cok MM. Lehninger Biyokimyannın İlkeleri. Kılıç N (Çeviren), Ankara, Palme Yayıncılık, 2005.
19. Nusbaum RL, McInnes RR, Willard HF. Thompson&Thompson Tıbbi Genetik. Dinçer P (Çeviren), s.125-135, Ankara, Güneş Kitabevi, 2005.
20. Yıldırım A, Kandemir N, Karadağ Y, Sakin MA. Genetik. 2. Baskı, Ankara: Nobel Yayıncılık, 2010: 255, 159.
21. Milli Eğitim Bakanlığı internet veri tabanı, 16.08.2012
(egitek.meb.gov.tr/aok/aok_kitaplar/aolKitaplar/Biyoloji_8/2.pdf)
22. Butler JM, Genetics and genomics of core short tandem repeat loci used in human identity testing. J Forensic Sci 2006; 51: 253-276.
23. Kashyap VK, Sitalaximi T, Chattopadhyay P, Trivedi R. DNA profiling technologies in forensic analysis. Int J Hum Genet 2004; 4: 11-30.
24. Murray R, Granner DK, Mayes PA, Rodwell VW. Harper'ın Biyokimyası. 24. Baskı, İstanbul: Barış Kitabevi, 1996: 420-431.

25. Hubacek JA, Waterworth DM, Poledne R, Skodova Z, Humphries SE, Talmud PJ. Genetic determination of plasma lipids and insulin in the czech population. *Clin Bioc* 2001; 34: 244-250.
26. Emir F, Özden A. Genetik polimorfizm ve polimorfizm çalışmaları. *Güncel Gastroenteroloji* 2006; 10: 24-28.
27. Brinkmann B. The use of STR's in Stain Analysis. In: *Proceedings From The Third International Symposium on Human Identification*. Madison, USA: Promega corporation, 1992: 357-373.
28. Nakamura Y, Leppert M, O'Connell P, Wolff R, Holm T, Culver M, et al. Variable number of tandem repeat (VNTR) markers for human gene mapping. *Science* 1987; 235: 616-622.
29. Goldstein DB, Schötter C. *Mikrosatellitler*. 2. Edition, Oxford, 2000: 1-22.
30. Roewer L, Kayser M, Dieltjes P, Nagy M, Bakker E, Krawczak M, et al. Analysis of molecular variance (AMOVA) of Y-chromosome-specific microsatellites in two closely related human populations. *Hum Mol Genet* 1996; 5: 1029-1033.
31. Perez-Lezaun A, Calafell F, Mateu E, Comas D, Ruiz-Pacheco R, Bertranpetit J. Microsatellite variation and the differentiation of modern humans. *Hum Genet* 1997; 99: 1-7.
32. Gomolka M, Hundrieser J, Numberg P, Roewer L, Epplen JT, Epplen C. Selected di- and tetranucleotide microsatellites from chromosomes 7, 12, 14, and Y in various Eurasian populations. *Hum Genet* 1994; 93: 592-596.
33. Weber JL, May PE. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *Am J Hum Genet* 1989; 44: 388-396.
34. Edwards A, Civitello A, Hammond HA, Caskey CT. DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats. *Am J Hum Genet* 1991; 49: 746-756.
35. Edwards A, Hammond HA, Jin L, Caskey T, Chakraborty R. Genetic variation at five trimeric and tetrameric tandem repeats. *Genomics* 1992; 12: 241-253.

36. Urquhart A, Kimpton PC, Downes TJ, Gill P. Variation in short tandem repeat sequences- a survey of twelve microsatellite loci for use as forensic identification markers. *Int J Leg Med* 1994; 107: 13-20.
37. Möller A, Meyer E, Brinkmann B. Different types of structural variation in STR's: HumFES/FPS, HumVWA and HumD21S11. *Int J Leg Med* 1994; 106: 319-23.
38. Caskey CT, Pizzuti A, Fu Y-H, Fenwick RG, Nelson DL. Triplet repeat mutations in human disease. *Science* 1992; 256: 784-789.
39. Huang TH-M, Hejtmancik JF, Edwards A, Pettigrew AL, Herrera CA, Hammond HA, et al. Linkage of the gene for an X-linked mental retardation disorder to a hypervariable (AGAT)_n repeat motif within the human hypoxanthine phosphoribosyltransferase (HPRT) locus (Xq26). *Am J Hum Genet* 1991; 49: 1312-1319.
40. Bowcock AM, Ruiz-Linares A, Tomfohrde J, Minch E, Kidd JR, Cavalli-Sforza LL. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature* 1994; 368: 455-457.
41. Shriver MD, Smith MW, Jin L, Marcini A, Akey JM, Deka R, Ferrell RE. Ethnic-affiliation estimation by use of population specific DNA markers. *Am J Hum Genet* 1997; 60: 957-964.
42. Schmitt C, Schmutzler A, Prinz M, Staak M. High sensitive DNA typing approaches for the analysis of forensic evidence: comparison of nested variable number of tandem repeats (VNTR) amplification and a short tandem repeats (STR) polymorphisms. *Forensic Sci Int* 1994; 66: 129-141.
43. Alford RL, Hammond HA, Coto I, Caskey CT. Rapid and efficient resolution of of parantage by amplification of short tandem repeats. *Am J Hum Genet* 1994; 55: 190-195.
44. Akyürek ME, Ankara Üniversitesi Tıp Fakültesi'ne Müracaat Eden Sağlıklı Gönüllülerde 10 STR Lokusunun Allel Sıklığı. Lisansüstü Tezi, Ankara: Ankara Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü. 2010.

45. Bär W, Brinkmann B, Budowle B, Carracedo A, Gill P, Lincoln P, et al. DNA recommendations further report of the DNA commission of the ISFH regarding the use of short tandem repeat systems. *Int J Legal Med* 1997; 110: 175-176.
46. Collins PJ, Hennessy LK, Leibelt CS, Roby RK, Reeder DJ, Foxall PA. Developmental validation of a single-tube amplification of the 13 CODIS STR loci, D2S1338, D19S433 and Amelogenin: the ampFISTR identifier PCR amplification kit. *J Forensic Sci* 2004; 49: 1265-1277.
47. Panneerchelvam S and Norazmi MN. Forensic DNA profiling and database, *Malays Journal of Med Sci* 200; 2: 20-26.
48. Tamaki K, Jeffreys AJ. Human tandem repeat sequences in forensic DNA typing. *Legal Medicine* 2005; 7: 244-250.
49. FBI Core STR Loci 31.07.2012
(<http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/fbcore.htm>)
50. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D8S1179.htm. 08.06.2012)
51. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D21S11.htm. 08.06.2012)
52. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D7S820.htm. 08.06.2012)
53. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_CSF1PO.htm. 08.06.2012)
54. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D3S1358.htm. 08.06.2012)
55. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_TH01.htm. 08.06.2012)
56. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D13S317.htm. 08.06.2012)

57. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D16S539.htm. 08.06.2012)
58. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D2S1338.htm. 08.06.2012)
59. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D19S433.htm. 08.06.2012)
60. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_vWA.htm. 08.06.2012)
61. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_TPOX.htm. 08.06.2012)
62. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D18S51.htm. 08.06.2012)
63. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_D5S818.htm. 08.06.2012)
64. Butler JM. Short Tandem Repeat DNA Internet Database, 08.06.2012
(http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/str_FGA.htm. 08.06.2012)
65. Tuğ A, Erkol Z, Çetinyürek A, Alakoç DY, Elma C, Büken B, Erkol H. Allele distribution data for 16 short tandem repeat loci in Bolu. *Turk J Med Sci* 2010; 40 (4): 659-664.
66. Erkol Z, Tuğ A, Alakoç DY, Elma C, Büken B, Çetinyürek A, Erkol H. STR data for the ampFISTR identifier loci from an old settlement in northwest Turkey. *Forensic Sci Int* 2007; 173: 238-240.
67. Çakır AH, Çelebioğlu A, Altunbaş S, Yardımcı E. Allele frequencies for 15 STR loci in Van-Agri districts of the eastern anatolia region of Turkey. *Forensic Sci Int* 2003; 135 (1): 60-63.
68. Çakır AH, Şimşek F, Altunbaş S, Taşdelen B. Distributions of TH01, TPOX, CSF1PO, vWA, D13S317, D7S820 and D16S539 alleles in a Turkish population sample. *Forensic Sci Int* 2001; 124: 224-225.

69. Çakır AH, Şimşek F, Çelebioğlu A, Taşdelen B. Analysis of the three STR loci (D16S539, D7S820, D13S317) in a population sample of marmara region of Turkey. *Journal of Cell Molecular Biology* 2002; 1: 25-30.
70. Çakır AH, Çelebioğlu A, Şimşek F. STR data for the ampFISTR SGM plus from agean region of Turkey. *Forensic Sci Int* 2002; 129: 137-139.
71. Çakır AH, Şimşek F, Katırcı N, Taşdelen B. STR data for the ampFISTR SGM plus from the eastern and western section of mediterranean region of Turkey. *Forensic Sci Int* 2004; 142: 55-57.
72. Ülkür Ü, Kurtuluş-Ülkür M, Elma C, Kesici T, Menevşe S. Short tandem repeat polymorphism in Turkish population. *J Genet* 2004; 83: 197-199.
73. Akbaşak BS, Budowle B, Reeder J, Kline MC. Turkish population data with the CODIS multiplex short tandem repeat loci. *Forensic Sci Int* 2001; 123: 227-229.
74. Aşıcıoğlu F, Akyüz F, Çetinkaya Ü, Özbek U. Allele distribution data of nine short tandem repeat loci for Turkish population: D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D13S317, D7S820. *Forensic Sci Int* 2002; 129 : 75-77.
75. Özkorkmaz A, Baransel-Isir A, Pehlivan S ve Gökalp-Özkorkmaz E. Forensic value of ten short tandem repeat loci in Turkey compared to other ethnic groups. *BJMG* 2009; 12: 69-72.
76. Lancia M, Coletti A, Mrgiotta G, Lottanti L, Carnevali E, Bacci M. Allele frequencies of 15 STR loci in an Italian population. *International Congress Series* 2006; 1288: 340-342.
77. Cariolou-Marios A, Manoli P, Demetriou N, Bashiardes E, Karagrigoriou A, Budowle B. Allele distribution of 15 STR loci used for human identity purposes in the Greek Cypriot population of the Island of Cyprus. *Forensic Sci Int* 2006; 164: 75-78.
78. Rakha A, Yu B, Hadi S, Li S. Genetic analysis of Kashmiri muslim population living in Pakistan. *Legal Medicine* 2008; 10: 216-219.

79. Perez-Miranda AM, Alfonso-Sanchez MA, Pen JA, Pancorboc MM, Herrera RJ. Genetic polymorphism at 13 STR loci in autochthonous Basques from the province of Alava (Spain). *Legal Medicine* 2005; 7: 58-61.
80. Soltyszewski I, Spolnicka M, Kartasinska E, Konarzewska M, Pepinski W, Janica J. Genetic variation of STR loci D3S1358, TH01, D21S11, D18S51, Penta E, D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, CSF1PO, Penta D, vWA, D8S1179, TPOX and FGA by geneprint powerplex 16 in a Polish population. *Forensic Sci Int* 2006; V (159): 241-243.
81. Barni F, Berti A, Pianese A, Boccellino A, Miller P, Mark-Caperna A, Lago G. Allele frequencies of 15 autosomal STR loci in Iraq population with comparisons to other populations from the middle-eastern region. *Forensic Sci Int* 2007; 167: 87-92.
82. Stenersen M, Perchla D, Dupuy BM. Norwegian population data for 15 autosomal STR loci. *International Congress Series* 2006; 1288: 372-373.
83. Cherni L, Yaacoubi BL, Pereira L, Alves C, Khodjet H, Kill E, et al. Data for 15 autosomal STR markers (powerplex 16 system) from two Tunisian population: Kesra (Berber) and Zriba (Arab). *Forensic Sci Int* 2005;1: 101-106.
84. Bozzo W, Pena M, Ortiz M, Lojo M. Genetic data from powerplex® 16 system and identifiler™ kits from Buenos Aires province (Argentina). *Legal Medicine* 2007; 3: 151-153.
85. Ossmani H, Talbi J, Bouchrif B, Chafik A. Allele frequencies of 15 autosomal STR loci in Morocco population with phylogenetic structure among worldwide populations. *Legal Medicine* 2009; 11: 155-158.
86. Clark D, Hadi S, Iyengar A, Smith J, Garg V, Goodwin W. STR data for the ampFISTR SGM plus loci from two South Asian populations. *Legal Medicine* 2009; 11: 97-100.
87. Abdin L, Shimada I, Brinkmann B, Hohoff C. Analysis of 15 short tandem repeats reveals significant differences between the Arabian populations from Morocco and Syria. *Legal Medicine* 2003; 5: 150-155.

88. Shepard EM and Herrera RJ. Iranian STR variation at the fringes of biogeographical demarcation. *Forensic Sci Int* 2006; 158: 140-148.
89. Alenizi M, Goodwin W, Ismael S, Hadi S. STR data for the ampFISTR identifier loci in Kuwaiti population. *Legal Medicine* 2008; 10: 321-325.
90. Gomes AV, Silva LM, Raposo G, Vieira JRC, Silva RS. 13 STR loci frequencies in the population from Paraiba, northeast Brazil. *Forensic Sci Int* 2007; 173: 231-234.
91. Marino M, Sala A, Corach D. Population genetic analysis of 15 autosomal STRs loci in the central region of Argentina. *Forensic Sci Int* 2006; 161: 72-77.
92. Matamoros M, Pinto Y, Javier Inda F, Garcia O. Population genetic data for 15 STR loci (identifier TM kit) in Honduras. *Legal Medicine* 2008; 10: 281-283.
93. Halima MSH, Bernal LP, Sharif FA. Genetic variation of 15 autosomal short tandem repeat (STR) loci in the Palestinian population Gaza strip. *Legal Medicine* 2009; 11: 203-204.
94. Bouabdellah M, Ouenzar F, Aboukhalid R, Elmzibri M, Squalli D, Amzazi S. STR data for the 15 ampFISTR identifier loci in the Moroccan population. *Forensic Sci Int* 2008; 1: 306-308.
95. Omran GA, Ruddy GN, Jobling MA. Genetic variation of 15 autosomal STR loci in upper (Southern) Egyptians. *Forensic Sci Int Genet* 2009; 3: 39-44.
96. Wu YM, Nan Zhang X, Zhou Y, Yang-Chen Z, Bin-Wang X. Genetic polymorphisms of 15 STR loci in Chinese Han population living in Xi'an city of Shaanxi province. *Forensic Sci Int Genet* 2008; 2: 15-18.
97. Zhang H, Li Y, Jiang J, Zhang J, Wu J, Du H, et al. Analysis of 15 STR loci in Chinese population from Sichuan in west China. *Forensic Sci Int* 2007; 171: 222-225.
98. Ashma R, Kashyap VK. Genetic polymorphisms at 15 STR loci among three important subpopulation of Bihar, India. *Forensic Sci Int* 2002; 130: 58-62.
99. Yan J, Shen C, Li Y, Yu X, Xiong X, Mu H, et al. Genetic analysis of 15 STR loci on Chinese Tibetan in Qinghai province. *Forensic Sci Int* 2007; 169: 3-6.

100. Hara M, Yamamoto Y, Takada A, Saito K, Kido A, Oya M, Kameyama H. Population data for 15 STR loci D3S1358, TH01, D21S11, D18S51, Penta E, D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, CSF1PO, Penta D, vWA, D8S1179, TPOX and FGA in Japanese. *International Congress Series* 2004; 1261: 204-206.
101. Zhu J, Shen C, Ma Y, He Y, Zhao J, Li L, Liu Y. Genetic polymorphisms of 15 STR in Chinese Salar ethnic minority group. *Forensic Sci Int* 2007; 173: 210-213.
102. Ota M, Droma Y, Basnyat B, Katsuyama Y, Asamura H, Sakai H, Fukuhsima H. Allele frequencies for 15 STR loci in Tibetan populations from Nepal. *Forensic Sci Int* 2007; 169: 234-238.
103. Stepanov VA, Melnikov AV, Lash-Zavada AY, Kharkov VN, Borinskaya SA, Tyazhelova TV. Genetic variability of 15 autosomal STR loci in Russian population. *Legal Medicine* 2010; 12: 256-258.
104. Iwasa M, Wiegand P, Rand S, Schürenkamp M, Atasoy S, Brinkmann B. Genetic variation at five STR loci in subpopulations living in Turkey. *Int J Legal Med* 1997; 110: 170-172.
105. Holsinger KE, Bruce SW. Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F_{st} . *Nav Rev Genet* 2009; 10: 639-650.
106. Wikipedia The Free Encyclopedia, 19.10.2012.
(http://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Fixation_index&oldid=517421813)
107. Budowle B, Chidambaram A, Strickland L, Beheim CW, Taft GM, Chakraborty R. Population studies on three Native Alaska population groups using STR loci. *Forensic Sci Int* 2002; 129: 51-57.

6. ÖZGEÇMİŞ

01.01.1983 tarihinde Kayseri Melikgazi' de doğdum. İlkokulu Kayseri, orta okul ve lise eğitimimi Aydın ilinde tamamladım. 2001 yılında ÖSS ile Sivas Cumhuriyet Üniversitesi Tıp Fakültesine girdim. 2007 yılında Tıp Fakültesinden mezun oldum. Yaklaşık 5 ay kadar Sivas Gemerek İlçesi Kartalkaya Sağlık Ocağında pratisyen hekimlik yaptım. 2008 yılında Tıpta Uzmanlık Sınavında başarılı olarak Elazığ Fırat Üniversitesi Tıp Fakültesi Adli Tıp Anabilim Dalında uzmanlık ihtisasıma başladım. Bekarım ve halen Elazığ'da ikamet etmekteyim.