



**T.C.**

**HİTİT ÜNİVERSİTESİ**

**LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ**

**ADLİ BİLİMLER ANABİLİM DALI**

**OLAY YERİNDEN DNA ÖRNEKLERİNİN ELDE EDİLMESİNDEN  
FAİLİN TESPİT EDİLMESİNE KADAR GEÇEN SÜREÇTEKİ  
PARAMETRELERİN İNCELENMESİ**

**Yüksek Lisans Tezi**

**BURCU KESGİN**

**Çorum - 2023**



**OLAY YERİNDEN DNA ÖRNEKLERİNİN ELDE EDİLMESİNDEN FAİLİN  
TESPİT EDİLMESİNE KADAR GEÇEN SÜREÇTEKİ PARAMETRELERİN  
İNCELENMESİ**

**BURCU KESGİN**

**Lisansüstü Eğitim Enstitüsü**

**Adli Bilimler Anabilim Dalı**

**Yüksek Lisans Tezi**

**TEZ DANIŞMANI**

**Doç. Dr. Kadir EROL**

**ÇORUM 2023**

Burcu KESGİN tarafından hazırlanan “Olay Yerinden DNA Örneklerinin Elde Edilmesinden Failin Tespit Edilmesine Kadar Geçen Süreçteki Parametrelerin İncelenmesi”adlı tez çalışması 21/06/2023 tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından oy birliği ile Hitit Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Adli Bilimler Anabilim Dalında Yüksek Lisans tezi olarak kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Ali KARA

.....

Doç. Dr. Kadir EROL

.....

Doç. Dr. Demet TATAR

.....

Hitit Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Yönetim Kurulunun .../.../..... tarih ve ..... sayılı kararı ile Burcu KESGİN'in Adli Bilimler Anabilim Dalında Yüksek Lisans derecesi alması onanmıştır.

Prof. Dr. Muhammed Asif YOLDAŞ

Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Müdürü

## TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını beyan ederim.

**Burcu KESGİN**



# OLAY YERİNDEN DNA ÖRNEKLERİNİN ELDE EDİLMESİNDEN FAİLİN TESPİT EDİLMESİNE KADAR GEÇEN SÜREÇTEKİ PARAMETRELERİN İNCELENMESİ

**Burcu KESGİN**

ORCID:0009-0009-2734-4368

HİTİT ÜNİVERSİTESİ

LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

Yüksek Lisans Tezi

Haziran 2023

## ÖZET

Bir ceza davasında ilk kez DNA'nın bir delil olarak kullanılmasından sonra, bugün DNA analizi failin ortaya çıkarılmasında önemli katkılar sağlamaktadır. Günümüzde gelişmekte olan birçok yeni analiz yöntemine karşılık kişilerarası farklılıkların fazla ve mutasyon oranlarının düşük olması gibi birçok sebepten dolayı halen STR'ler adli DNA analizinde kullanılmaya devam eden en önemli belirteçler arasında yer almaktadır.

Bu çalışmada, Ankara Kriminal Daire Başkanlığı'na biyolojik inceleme yapılmak üzere gönderilen olay yeri örneklerinin Sanger Sekanslama yöntemi vasıtasıyla kimliklendirmede yararlanılan 24 STR bölgesinin çoğaltılması suretiyle elde edilen veriler kullanılmıştır. Ankara ve Çorum illerinde meydana gelen 391 ayrı adli olaydan elde edilen 1.700 farklı bulgunun laboratuvarında DNA incelenmesinin yapılmasının ardından elde edilen verilerin istatistiksel çalışması yapılarak dosya içerisinde yer alan farklı parametrelerin DNA elde edilme başarısına olan etkileri değerlendirilmiştir. Elde edilen bulguların sonuçlarına göre kan numunesi ve sigara izmaritlerinin delil olarak kullanılmasının, DNA elde etme başarısını artırdığı belirlenmiştir. Numunenin elde edildiği yüzeyin cinsi, olay yerinden laboratuvarında incelenmesine kadar geçen sürenin uzunluğu gibi faktörlerin de DNA elde edilme başarısına olan etkileri yorumlanmıştır.

**Anahtar Kelimeler:** DNA, Suç, Olay Yeri, Kimliklendirme.

**Bilim Kodu:** 20101, 20506, 20316

**EXAMINING THE PARAMETERS IN THE PROCESS FROM OBTAINING DNA SAMPLES  
FROM THE CRIME SCENE TO IDENTIFICATION OF THE PERPETRATOR**

**Burcu KESGİN**

ORCID:0009-0009-2734-4368

HITIT UNIVERSITY

GRADUATE SCHOOL

Master of Science Thesis

June 2023

**ABSTRACT**

After DNA was used as evidence for the first time in a criminal case, today DNA analysis provides important contributions in revealing the perpetrator. STRs are still among the most important markers that continue to be used in forensic DNA analysis due to many reasons such as high interpersonal differences and low mutation rates despite many new analysis methods being developed today.

In this study, data obtained by duplicating the 24 STR regions used in the identification of crime scene samples sent to the Ankara Criminal Department for biological examination through the Sanger Sequencing method were used. After the DNA examination of 1.700 different findings obtained from 391 separate forensic events occurring in Ankara and Çorum provinces in the laboratory, the obtained data was statistically analyzed and the effects of different parameters in the file on the success of DNA extraction were evaluated. According to the results of the findings, it was determined that using blood samples and cigarette butts as evidence increased the success of obtaining DNA. The effects of factors such as the type of surface from which the sample was obtained and the length of time from the crime scene to laboratory examination on the success of DNA extraction were also interpreted.

**Key Terms:** DNA, Crime, Crime Scene, Identification

**Science Code:** 20101, 20506, 20316

## TEŐEKKÖR

Tez alıőmam sırasında deęerli bilgileriyle bana yol gsteren ve beni destekleyen tez danıőmanım Do. Dr. Kadir EROL'a, bu tezin yapılması iin gerekli imkânların saęlanması da desteklerini hibir zaman esirgemeyen ve her daim bilgi ve tecrübeleriyle bana yol gsteren, motive eden ve rnek olan Ankara J. Kriminal Daire Baőkanlıęı bnyesinde halen birlikte grev yaptığımı Saygıdeęer Komutanlarıma, bilgi ve tecrbelerinden yararlandıęım, tez alıőmam boyunca bana destek olan ve yol gsteren Ercan ALTINSOY'a; mesleęe ilk baőladıęım tarihten itibaren bilgi ve tecrbelerinden faydalandığımı, her zaman desteęini hissettięim her daim yanımda olan ve mesleki geliőimime katkıda bulunan Kilis İl J. Komutanlıęı bnyesinde birlikte alıőtıęım saygıdeęer komutanlarıma, 2014 yılında kaybettięim ama her daim kalbimde olan sevgili babama ve varlıęına Őkrettięim canım annem, ailem ve arkadaőlarımla bir Őekilde hayatıma dokunan, sevgi ve desteęini esirgemeyen kalbi gzel insanlara teőekkrlerimi sunuyorum.

Burcu KESGİN



## İÇİNDEKİLER

	Sayfa
ÖZET .....	iv
ABSTRACT .....	v
TEŞEKKÜR .....	vi
İÇİNDEKİLER .....	vii
TABLolar DİZİNİ .....	x
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	xii
SİMGELER VE KISALTMALAR .....	xiii
GİRİŞ .....	1

### 1. BÖLÜM BİYOLOJİK DELİLLER

1.1. Biyolojik Delillerin Toplanması .....	2
1.2. Biyolojik Delillerin İncelemesindeki Kronoloji .....	3
1.3. DNA ve Adli Bilimler İlişkisi .....	4
1.3.1. Parmak izinde bulunan DNA .....	4
1.3.2. Parmak izini etkileyen faktörler .....	5
1.3.3. Genetik kimliklendirmenin tarihçesi .....	6
1.4. Adli Kimliklendirmede Kullanılan Belirteçler .....	7
1.4.1. Uzunluk polimorfizmi .....	7
1.4.2. Kısa tekrarlı DNA dizileri (STR'ler) .....	8
1.4.2.1. STR'lerin Adli DNA Tiplendirmedeki Kullanımı .....	8
1.4.3. Y kromozomu polimorfizmi (Y-STR) .....	9
1.4.4. Tek nükleotit polimorfizmi (Single nucleotide polymorphism-SNP) .....	10
1.5. DNA Zincirindeki Polimorfik Bölgelerin Analizinde Kullanılan Yöntemler .....	11
1.5.1. Klasik DNA dizi analizi yöntemleri .....	11
1.5.1.1. RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) .....	11

1.5.1.2. DNA Ekstraksiyonu ve Miktarının Ölçümü.....	12
1.5.1.3. Real- Time PCR.....	13
1.5.1.4. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR).....	14
1.5.1.5. Sanger Dizileme Yöntemi ve STR Analizi.....	16
1.6. Adli DNA Analizindeki Yeni Gelişmeler.....	17
1.6.1. Yeni nesil dizileme (Next-Generation Sequencing).....	17

## **2. BÖLÜM**

### **GEREÇ VE YÖNTEM**

2.1. Araştırma Şekli.....	20
2.2. Araştırmanın Yapıldığı Yer ve Zaman.....	20
2.3. Araştırmanın Evreni ve Örneklemi.....	20
2.4. Araştırmanın Bağımlı ve Bağımsız Değişkenleri.....	21
2.5. Veri Toplama Araçları.....	21
2.6. DNA Analiz Aşamaları .....	21
2.6.1. Ön inceleme-ön tanı.....	21
2.6.2. DNA ekstraksiyonu ve kantifikasyonu.....	21
2.6.3. PCR amplifikasyonu.....	22
2.6.4. DNA tespiti ve veri analizleri.....	22

## **3. BÖLÜM**

### **BULGULAR**

3.1. İstatiksel Yöntem.....	23
3.2. Sonuçlar.....	23

## **4. BÖLÜM**

### **TARTIŞMA**

1. Genel Bakış.....	63
2. Detaylı İnceleme.....	63
<b>SONUÇ .....</b>	<b>67</b>



## TABLULAR DİZİNİ

<b>Tablo</b>	<b>Sayfa</b>
<b>Tablo 3.1.</b> Araştırmaya alınan adli olaylarda olay yerine ilişkin tanımlayıcı istatistikler.....	<b>24</b>
<b>Tablo 3.2.</b> Araştırmaya alınan adli olaylarda olayın cinsine ilişkin tanımlayıcı istatistikler...	<b>25</b>
<b>Tablo 3.3.</b> Araştırmaya alınan adli olaylarda süreye ilişkin tanımlayıcı istatistikler.....	<b>26</b>
<b>Tablo 3.4.</b> Araştırmaya alınan adli olaylarda DNA'nın herhangi biri ile eşleşme durumuna ilişkin tanımlayıcı istatistikler.....	<b>27</b>
<b>Tablo 3.5.</b> Araştırmaya alınan adli olaylarda bulgunun cinsine ilişkin tanımlayıcı istatistikler.....	<b>27</b>
<b>Tablo 3.6.</b> Araştırmaya alınan adli olaylarda DNA'nın nereden alındığına ilişkin tanımlayıcı istatistikler.....	<b>28</b>
<b>Tablo 3.7.</b> Araştırmaya alınan adli olaylarda failin cinsiyetine ilişkin tanımlayıcı istatistikler.....	<b>29</b>
<b>Tablo 3.8.</b> Numune sayılarına ilişkin dosya sayısı ve dosya yüzdesi.....	<b>31</b>
<b>Tablo 3.9.</b> DNA'nın profillenme durumları (cevap verdi ve vermedi) arasında numune sayılarının karşılaştırılması.....	<b>33</b>
<b>Tablo 3.10.</b> Profillenme öngörüsünde numune sayısının ROC analiz sonuçları ve duyarlılık (sensitivity), seçicilik (specificity), pozitif prediktif değer (PPD) ve negatif prediktif değer (NPD) sonuçları.....	<b>34</b>
<b>Tablo 3.11.</b> Numune sayısı ile cevap veren DNA sayısı ve DNA başarı yüzdesi arasındaki korelasyon analizi sonuçları.....	<b>35</b>
<b>Tablo 3.12.</b> Numune sayısına ilişkin gruplar arasında cevap veren DNA sayısı ve DNA başarı yüzdesinin karşılaştırılması.....	<b>39</b>
<b>Tablo 3.13.</b> DNA'nın profillenme durumları arasında olay yeri oranlarının karşılaştırılması.....	<b>41</b>
<b>Tablo 3.14.</b> DNA'nın profillenme durumlarına göre olayın cinsine ilişkin tanımlayıcı istatistikler.....	<b>41</b>
<b>Tablo 3.15.</b> DNA'nın profillenme durumları arasında süreye ilişkin oran karşılaştırmaları.....	<b>43</b>

<b>Tablo 3.16.</b> DNA'nın profillenme durumu arasında herhangi biri ile eşleşme durumuna ilişkin oran karşılaştırmaları.....	<b>44</b>
<b>Tablo 3.17.</b> Profillenme öngörüsünde etkili olan risk faktörlerini belirlemek için yapılan tek değişkenli ve çoklu ikili lojistik regresyon analizi sonuçları.....	<b>45</b>
<b>Tablo 3.18.</b> Olayın cinsine göre her bir bulgu cinsindeki cevap veren DNA sayılarına ilişkin tanımlayıcı istatistikler.....	<b>46</b>
<b>Tablo 3.19.</b> Olay yeri grupları arasında numune sayılarının karşılaştırılması.....	<b>47</b>
<b>Tablo 3.20.</b> Olayın cinsine göre olay yeri oranlarının karşılaştırmaları.....	<b>48</b>
<b>Tablo 3.21.</b> Olay yeri grupları arasında süreye ilişkin oranların karşılaştırılması.....	<b>49</b>
<b>Tablo 3.22.</b> Süre grupları arasında DNA başarı yüzdelerinin ve cevap veren DNA sayılarının karşılaştırılması.....	<b>50</b>
<b>Tablo 3.23.</b> Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan kıla ilişkin oranların karşılaştırılması.....	<b>50</b>
<b>Tablo 3.24.</b> Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan kana ilişkin oranların karşılaştırılması.....	<b>51</b>
<b>Tablo 3.25.</b> Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan semene ilişkin oranların karşılaştırılması.....	<b>51</b>
<b>Tablo 3.26.</b> Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan biyolojik svap ve leke svabına ilişkin oranların karşılaştırılması.....	<b>52</b>
<b>Tablo 3.27.</b> Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan kıla ilişkin oranların karşılaştırılması.....	<b>53</b>
<b>Tablo 3.28.</b> Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan kana ilişkin oranların karşılaştırılması.....	<b>54</b>
<b>Tablo 3.29.</b> Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan semene ilişkin oranların karşılaştırılması.....	<b>56</b>
<b>Tablo 3.30.</b> Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan biyolojik svap ve leke svabına ilişkin oranların karşılaştırılması.....	<b>57</b>
<b>Tablo 3.31.</b> Olayın cinsine göre her bir bulgu cinsindeki cevap veren DNA başarı yüzdesine ilişkin tanımlayıcı istatistikler.....	<b>59</b>
<b>Tablo 3.32.</b> Araştırmaya alınan adli olaylarda DNA'nın elde edildiği yerin DNA elde edilme başarı yüzdelerine ilişkin tanımlayıcı istatistikler.....	<b>61</b>

## ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil	Sayfa
Şekil 1.1. Tagman Prob yöntemine ait işlem akışı.....	14
Şekil 1.2. PCR analiz işlemlerinin akışı.....	15
Şekil 1.3. DNA fragmanlarının sanger yöntemiyle dizilenmesi.....	17
Şekil 3.1. Adli olaylarda olay yerine ilişkin dağılımını gösteren daire grafiği.....	24
Şekil 3.2. Adli olaylarda olayın cinsine ilişkin dağılımını gösteren çubuk grafiği.....	26
Şekil 3.3. Adli olaylarda DNA'nın nereden alındığına ilişkin dağılımı gösteren çubuk grafiği.....	29
Şekil 3.4. Adli olaylarda failin cinsiyetine ilişkin dağılımı gösteren çubuk grafiği.....	30
Şekil 3.5. Numune sayılarına göre dosya sayılarının dağılımına ilişkin çizgi grafiği.....	32
Şekil 3.6. DNA profillenme durumuna göre numune sayısı dağılımını gösteren box-plot grafiği.....	33
Şekil 3.7. Profillenme öngörüsünde numune sayısı için ROC eğrisi.....	35
Şekil 3.8. Numune sayısına göre cevap veren DNA sayısının dağılımını gösteren saçılım grafiği.....	36
Şekil 3.9. Numune sayısına göre cevap veren DNA sayısının dağılımını gösteren box-plot grafiği.....	37
Şekil 3.10. Numune sayısına göre DNA başarı yüzdesinin dağılımını gösteren saçılım grafiği.....	38
Şekil 3.11. Numune sayısına göre DNA başarı yüzdesinin dağılımını gösteren box-plot grafiği.....	38
Şekil 3.12. Numune sayısına ilişkin gruplar arasında cevap veren DNA sayısı dağılımını gösteren box-plot grafiği.....	40
Şekil 3.13. Numune sayısına ilişkin gruplar arasında DNA başarı yüzdesi dağılımını gösteren box-plot grafiği.....	40

## SİMGELER VE KISALTMALAR

### Kısaltmalar

DNA: Deoksiribonükleik asit (Deoxyribonucleic acid)

RFLP: Sınırlandırılmış Parçacık Uzunluk Polimorfizmi (Restriction Fragment Length Polymorphism)

PCR: Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction)

STR: Kısa Tekrar Dizileri (Short Tandem Repeat Polymorphism)

VNTR: Değişken Sayıda Ardışık Tekrar Dizileri (Variable Number of Tandem Repeats)

LTRs: Uzun Ardışık Tekrarlar (Long Tandem Repeats)

LCN DNA: Düşük Kopya Sayılı Deoksiribonükleik asit (Low Copy Number Deoxyribonucleic acid)

SNP: Tek Nükleotid Polimorfizmi (Single Nucleotide Polymorphism)

Y-STR: Y Kromozomundaki Kısa Ardışık Tekrarlar (Y Short Tandem Repeats)

X-STR: X Kromozomundaki Kısa Ardışık Tekrarlar (X Short Tandem Repeats)

mtDNA: Mitokondriyal DNA (Mitochondrial DNA)

NRY: Rekombinasyona uğramayan Y bölgesi (Non-recombining Y)

dNTP: Dinükleotittrifosfatlar

ddNTP: Dideoksinükleotittrifosfatlar

YND: Yeni Nesil Dizileme

NGS: Yeni Nesil Dizileme (Next Generation Sequencing)

FISH: Floresan In Situ Hibridizasyon (Fluorescence in-situ Hybridization)

A-CGH: Array Karşılaştırmalı Genomik Hibridizasyon (Array Comparative Genomic Hybridization)

## GİRİŞ

Kriminal bir olay gerçekleştiikten sonra olay yerinden elde edilen tüm delillerin doğru bir şekilde analizi ve deęerlendirmesinin yapılması; řüpheli, mađdur ve olay yeri arasındaki baęlantının kurulmasını saęlar (James ve Nordby, 2003). Olay yeri incelemesinin ardından olayın aydınlatılması için delil nitelięi taşıyan örnekleri tespit etmek, delil nitelięini bozmadan toplamak, incelemek ve akabinde gerekli incelemelerin yapılacaęı laboratuvara ulařtırmak olay yeri incelemenin en önemli amaçlarındandır.

Olayla baęlantısı olabileceęi düşünülerek toplanan ve laboratuvarında incelenen kan, kemik, saę, kıl, diř, tırnak, doku, semen, tükürük, idrar gibi deoksiribonükleik asit (DNA) içeren deliller biyolojik delillerdir. Son yıllarda DNA içeren ve olay yerinden kolaylıkla elde edilebilen biyolojik deliller kriminal incelemede kullanılan en önemli delil haline gelmiştir (Saferstein, 2004).

Olay yerinin incelenmesi, suçun ortaya çıkarılmasına katkı saęlamakla birlikte masumiyetin korunmasına da katkı saęlamaktadır (Karakuř ve Ünal, 2013). Ceza muhakemesinde yargılama faaliyeti sonrasında güvenilir ve doğru bir sonuca ulařmak için soruřturma ařamasında doğru ve güvenilir bir sürecin işlenmesi gerekmektedir. Bu kapsamda soruřturma ařamasındaki en önemli süreç, analize tabi tutulacak olan delillerin doğru bir yöntem kullanılarak elde edilmesi olacaktır. Bu bakımdan en önemli noktalardan biri olayla ilgili fiziksel, kimyasal ve biyolojik analizlere tabi tutulacak bulguların doğru bir yöntemle elde edilmesidir. Sonuç olarak başarılı olan bir suç soruşturması için kanıtların toplandıęı esnada uygun akredite metodların uygulanması önem arz etmektedir. İspat olarak kullanılacak materyalin bütünlüęünün korunması olay yeri incelemesi ile bařlayıp, laboratuvarında delillerin analiz edilmesi, yorumlanması ve raporlanmasına kadar devam eden bir süreci içermektedir (Yükseloęlu ve Petekkaya, 2018).

Bir belge veya materyal laboratuvara geldięinde ancak doğruluęu ispat edilmiş ve kabul görmüş bilimsel tekniklerle incelenmesi ve yorumlanmasının sonucunda mahkemelerce delil nitelięi kazanır. Günümüzde mahkemeler tarafından kabul gören ve adli alanda kullanılan ve kabul gören en güvenilir delillerden birisi DNA profillendirmesidir (Alakoç, 2010; Kalfaoęlu ve Yükseloęlu, 2002).

DNA teknolojisi en önemli bilimsel gelişmelerinden biri olarak günlük hayatın her alanında kullanılmaktadır. Son yıllarda özellikle adli bilimler alanında da DNA Teknolojisi vazgeçilmez bir konumunda yer almaktadır (Alakoç, 2010).

Son yıllardaki iz miktardaki delillere uygulanabilen teknolojik gelişmeler sayesinde olay yerinden elde edilen biyolojik delillerin önemi daha da artmakta olup, bu deliller sayesinde tek saęlam hücreden elde edilen DNA analizleri ve deęerlendirilmesi ile mahkemelere %99.999 olasılık ile sonuç verilebilmektedir (Alakoç, 2010).



Bu çalışmanın amacı; olay yerinden DNA örneklerinin elde edilmesinden failin tespit edilmesine kadar geçen süreçteki parametrelerin incelenmesini belirlemektir.

### **Olay Yeri İncelemeye Genel Bakış**

Olay yeri incelemesi adli bir olayın meydana geldiği yerde bulunan maddi gerçeklerin ortaya çıkarılması ve failin tespit edilmesi amacıyla bilimsel yöntemlerin kullanılarak delillerin tespiti ile başlayıp laboratuvara gönderilmesine kadar geçen süreçteki işlemlerdir (Altınsoy, 2022). Aynı zamanda olay yeri incelemesi; mağdur, olay yeri ve fail arasındaki bağlantının kurulması ve maddî delilleri ortaya çıkarmak amacıyla olay yerinden delil niteliğinde olabilecek her türlü emarenin toplanmasıdır (Ceylan, 2008). Meydana gelen adli olayla ilgili delillerin toplanmasındaki en önemli aşama olay yerinin korunması ve mevcut delillerin detaylı şekilde incelenmesidir (İnanıcı vd., 2004).

Olay yerinde söz konusu olay hakkında birçok soruya cevap verebilecek nitelikte olabilecek deliller mutlaka bulunmaktadır. Bu nedenle maddi gerçeklerin ortaya konması için olay yerinde bulunan delillerin bozulmadan ve değiştirilmeden korunması ve ilgili laboratuvara gönderilmesi gerekmektedir (Bayer, 2003).

### **Delil Kavramı ve Önemi**

Olay yeri incelemesi sırasında olay yerinden tespit edilerek toplanan, soruşturma sürecini etkileyen bulguların hukuki nitelik kazanması sonucunda delil kavramı ortaya çıkmaktadır (Deniz, 2016). Ceza muhakemesi ise akla ve gerçeğe uygun deliller sayesinde adli sürece konu olan olaydaki maddî gerçeğin soruşturulmasını ve hiçbir kuşkuya yer verilmeyecek şekilde ortaya koyulmasını amaçlamaktadır.

Muhakeme makamında ceza muhakemesine konu olan olay hakkındaki maddi gerçekle ilgili bir vicdani kanaatin oluşması usule uygun olarak elde edilen deliller sayesinde olacaktır. Muhakeme sonunda verilecek olan hükmün gerekçeleri ise ortaya konmuş olan deliller vasıtasıyla olmaktadır (Öztürk ve Erdem, 2008).

## 1. BÖLÜM

### BIYOLOJİK DELİLLER

Biyoloji bilimi hiç kuşkusuz, ceza muhakemesine konu olan suçların çözülmesine ve maddi geçeğin ortaya çıkarılmasına yardımcı olan en önemli bilimdir. Biyolojik delillerin incelemesinin sebebi ise, canlı hücrelerinde bulunan genetik materyale yani deoksiribonükleik aside (DNA) ulaşmaktır. Kan, kıl, meni, vajinal sıvı, tükürük, ter, vücut dokusu, kemik, diş, idrar gibi insan vücudunun tüm biyolojik parçaları biyolojik delillere örnek teşkil etmektedir (Açıkgöz vd., 2007).

DNA'nın insan vücudunda yer alan tüm hücrelerde yer alması, her hücrede aynı özelliklere sahip olması ve her insanda diğer insanlardan farklı genetik özellikler göstermesi sayesinde; biyolojik örnekler adli vakalardaki uyuşmazlıklara çözüm sağlama, elde edilen farklı DNA profillerinin karşılaştırılması ile söz konusu profillerin kime ait olduğunun belirlenmesi ve şüpheli veya olayın mağduru/maktulü ile olay mahalli arasında bağ kurulması imkânı sağlamaktadır (Semizoğlu, 2013). Faile ait biyolojik materyallerin olay mahallinde veya mağdurun üzerinde, mağdura ait materyallerin de fail üzerinde bulunması suçluluğun olmasa dahi suçsuzluğun ispat edilmesi bakımından önemli bir yere sahiptir (Kızılarıslan, 2007).

#### 1.1. Biyolojik Delillerin Toplanması

Biyolojik delillerden doğru sonuçların elde edilmesi için teknik olanaklar ve ekipmanın gelişmişliği, bilgi birikimi ve deneyimin önemi yadsınamaz olsa da esas belirleyici etken delilin durumudur. Bundan ötürü biyolojik delillerin belirlenmesinden itibaren sonrasında yapılan bütün aşamaların titizlik ve dikkatle uygulanması gerekmektedir.

Butün bu biyolojik deliller üzerinde titizlikle uygulanan çalışmalar sayesinde kriminal araştırmanın başarıyla sonuçlanması sağlanabilecektir. Bu bakımdan biyolojik delilleri inceleme aşamaları büyük öneme sahiptir. Birçok farklı suç olaylarında biyolojik örneklerin yüksek güvenilirlik oranına sahip olması sebebiyle bireysel tanımlama (identifikasyon) ve ayırım (diferansiasyon) yapmak mümkün olmaktadır (Albek vd., 1999).

Bu kanıtlardan sonuçların elde edilebilmesi için kanıtların uygun standartlarda toplanmaları, saklanmaları, teknik kapasiteleri ve uzmanlarının bilgi düzeyleri yüksek laboratuvarlarda incelenmesinin önemi çok yüksektir. Ancak bütün bu belirleyici faktörlerin gelişmiş olmasının önemi büyük olsa da olay yerinde inceleme yapan personelin biyolojik kanıtları doğru yerde araması ve ayırt edebilmesi, uygun şekilde toplaması ve saklaması yadsınamaz faktörlerin en başında gelmektedir. Bütün bu aşamaların eksiksiz bir şekilde yapılmasında biyolojik delillerin toplanması ve korumada standardize edilmiş yöntemlerin uygulanması oldukça gereklidir.

## 1.2. Biyolojik Delillerin İncelemesindeki Kronoloji

Olay yerinde bulunan fiziksel delillerin, olayın doğru şekilde yorumlanması, olayın faili ile olay yeri arasından bağlantı kurması sebebiyle doğru bir şekilde dökümanite edilmesi, toplanması ve özelliklerine uygun koşullar altında saklanarak ve vakit kaybetmeksizin ilgili laboratuvara gönderilmesi büyük öneme sahip noktalardan biridir.

Biyolojik deliller söz konusu olduğunda, bu delillerin çevresel şartlar (ısı, mikroorganizmaların varlığı, güneş ışınları vb) sebebi ile zarar görme olasılıkları artmasından dolayı belirtilen kurallara uyma zorunluluğu daha da artmaktadır. Biyolojik delillerin değerlendirmeye alınacağı DNA laboratuvarının koşulları her bakımdan ne kadar üst düzeyde olursa olsun olay yerinden elde edilen delillerin toplanması ve laboratuvara ulaştırılması hususundaki şartlara tam anlamıyla uyulmaması ile doğru bir sonuç elde edilmesi mümkün olmamaktadır (Lee vd., 1998; Lee ve Ladd, 2001).

Olay yerinden elde edilen biyolojik delillerin incelenmesi neticesinde doğru sonuçların elde edilmesi ve başarının sağlanması, incelenen örneğin çeşidi ve bu örneklerin uygun koşullar altında muhafaza edilmesine bağlıdır. Ayrıca bu delillerin toplanması ve belgelenmesinde kullanılan yöntem, toplanan delilin tipi ve miktarı da doğru bir analiz yapılmasını etkileyen önemli faktörler arasında yer almaktadır. Genellikle olay yeri inceleme ekiplerinin olay yerine gelmesi ve delilleri ortaya koyması arasındaki süre içerisinde elde edilen deliller çoğunlukla zarar görmektedir. Bu açıdan bakıldığında ise adli DNA laboratuvarlarında çalışan uzmanların bozulmuş olan DNA örnekleri ile analiz yapma hususunda deneyim kazanmaları önem arz etmektedir (Alaeddini vd., 2010 ).

DNA profili (genotip), DNA'nın önceden belirlenmiş polimorfik bölgelerinin incelenerek barkodlanması biçiminde tanımlanabilir. DNA profili elde etmenin ilk basamağı hücre içinden DNA'nın izole edilmesi yani çekitleme, ikincisi ise izolasyon sonucu elde edilen DNA'nın PCR (Polimerase Chain Reaction: Polimeraz Zincir Reaksiyonu) tekniği ile çoğaltılması, son olarak ise görünürleştirme tekniklerinin yapılması olarak sıralanmaktadır (Usal Dönmez, 2008).

Deliller laboratuvara geldikten sonra;

1. Kayıt altına alınır; olay yerinden elde edilerek gönderilen, kayıt altına alınan ve numaralandırılan deliller laboratuvarında tek tek açılıp kontrol edilir ve üzerinde bulunan biyolojik deliller işaretlendirilir.
2. Leke tanımlama-ön inceleme-serolojik testler; deliller üzerinde bulunan lekelerin bazı kimyasal testler yardımıyla hangi tür vücut sıvısı olduğunun tespiti yapılır.
3. Orijin belirlenmesi; örneklerin vücut sıvısı oldukları anlaşıldıktan sonra orijinleri tespit edilir.
4. DNA eldesi; bu aşama insana ait olduğu belirlenen deliller üzerinden DNA elde edilmesi aşamasıdır. Buradaki en önemli amaç incelenen biyolojik örnek üzerinden DNA molekülünün

sağlıklı bir şekilde elde edilmesidir. Adli DNA analizlerinde incelenen biyolojik örneğin durumu diğer moleküler genetik çalışmalardan farklıdır. Adli çalışmalarda kullanılan örnekler genellikle uzun süre beklemiş ve bozulmuş örnekler olmasından dolayı eser miktarda DNA ile çalışmalar yapılmak zorundadır.

5. Yapılan DNA analizinin referans örnekler ile kıyaslanıp yorumlanması; DNA elde edilip kalite ve miktar açısından değerlendirilerek DNA profili çıkartılır. Olay yerinden alınan biyolojik materyalden elde edilen DNA profili ile aynı yöntem kullanılarak elde edilen olayla ilgili şahıslara ait profil karşılaştırılır ve sonuçların yorumlandığı bir rapor haline getirilir. Günümüzde bireysel farklılıkları ortaya koymak üzere yapılacak analizlerde otozomal STR (kısa tekrar zincirleri) analizleri, Y STR analizleri, X STR analizleri ve mitokondriyal DNA değişken bölgelerinin sekanslanması gibi hangi analiz yönteminin kullanılacağı ise her olayın kendi içerisinde değerlendirilerek cevap verilmesi gereken sorulara göre değişiklik göstermektedir (Alakoç, 2010).

### **1.3. DNA ve Adli Bilimler İlişkisi**

DNA bir kişinin vücudundaki bütün çekirdekli hücrelerinde aynı özellikteki genetik bilgisinin tümüyle yer aldığı yapı taşına verilen isimdir. Tek yumurta ikizleri dışında DNA'sı birbiriyle aynı olan başka bir canlı bulunmamaktadır. DNA'nın bu özelliği sebebiyle olay yerinden elde edilen DNA ve olay hakkında ilgisi olduğu düşünülen kişilerin DNA'sının karşılaştırılmasıyla benzerlik ve farklılıkların ortaya konması sayesinde kişilerin olay ile ilgili bağlantıları tespit edilmektedir. DNA molekülünde genetik bilgilerin yer alması sebebiyle; bu molekülün sağlık alanında kalıtsal temelli hastalıkların analizi, Adli Bilimler alanında ise suçlunun tespit edilmesinin yanı sıra DNA analiz yöntemlerinin kullanılmasıyla kimliği belirsiz kişilerin kimliklendirilmesi, babalık ve annelik tayininin yapılması, felaket kurbanlarının kimliklendirilmesi gibi pek çok alanda kullanımı söz konusu olmaktadır. DNA molekülünün stabil yapıda olması, küçük polimorfik lokuslar üzerinden çalışma yapılması sebebiyle enzim ve proteinlere göre DNA'nın kullanılması avantaj sağlamaktadır. DNA üzerindeki birçok polimorfik lokusun ayırım gücü enzim ve proteinlere göre daha yüksektir. Bu bakımdan teknik hatalar olmadığı sürece kişiler ile yanlış bir eşleşme yapılması söz konusu olmamaktadır (Graw ve Setiz, 2000; Altunçul, 2001).

#### **1.3.1. Parmak izinde bulunan DNA**

Görünür olup olmaksızın parmak izinde izi oluşturan ve görünürleştirilmesine neden olan ve porlardan kaynaklanan ter ve ter içeren moleküllerin dışında epidermis hücreleri de yer almaktadır. Dokunma ile birlikte belirtilen madde ve hücrelerin transferi ile DNA transferi de

gerçekleşmektedir (Petridis, 2011). Nesnelere ve yüzeylere genellikle suç mahallerinde bulunur ve genellikle DNA kanıtı kaynağı olarak kullanılır.

Adli DNA analiz yöntemlerinin gelişmesiyle birlikte dokunarak aktarılan yalnızca birkaç hücre içeren izleri analiz etmek mümkündür (Van Oorschot vd., 2010; Van Oorschot vd., 2019). Ancak yapılan bu analizlerin birtakım dezavantajları da bulunmaktadır. Bu durum bir suç mahallinde bulunan çok küçük bir DNA izinin polis soruşturmasıyla ilgili olup olmadığının nasıl belirleneceği konusunda problemlere sebep olmakla birlikte "saçıcı durumu" terimi, toplanan bir DNA izinin doğrudan temas veya ikincil aktarımın sonucu olup olmadığına karar vermede önemli bir faktördür (Buckingham vd., 2016; Meakin ve Jamieson, 2013).

Her ne kadar parmak izlerinin DNA molekülü içerdikleri kanıtlanırsa da olay yerinde bulunması muhtemel izlerin birtakım etmenler dolayısıyla farklı özellikler gösterdiği ortaya konmaktadır. Dokunma sonucunda gerçekleşen her transferin temas şiddeti, temasın süresi, izin sahibi olan bireyin özellikleri, olay yeri olarak belirtilen yerin özellikleri ve elde edilen delilin nitelenmesi ile incelenmek üzere ilgili laboratuvara gönderilmesine kadar geçen süre DNA miktarı ve kalitesi üzerine etki eden başlıca faktörler arasında yer almaktadır. Hücre veya DNA miktarı yetersiz ise LCN DNA'dan söz edilirken, DNA kalitesinin yetersiz olduğu durumlarda ise bozunmuş (degrade) DNA'dan bahsedilmektedir (Van Oorschot vd., 2010).

### **1.3.2. Parmak izini etkileyen faktörler**

Parmak izinin yer aldığı alanın herhangi bir şekilde kirlenmesi olarak adlandırılan kontaminasyon parmak izinin kısmen ya da tamamen bozulmasındaki etkenler arasında yer almaktadır. Ayrıca dikkatsizlik ve paketlemedeki yanlışlıklar da parmak izindeki kayıpların geri döndürülemez bir biçimde kaybolmasına neden olacaktır.

Bir kişinin, yapmış olduğu mesleğe bağlı olarak parmak izinde bulunan papillerinde deformasyonlar meydana gelmekte olup, bu deformasyonlar parmak izinin tespitini etkilemektedir.

Cinsiyet de bir diğer etkileyen faktörler arasında yer almaktadır. Genel olarak bayanların birim zamanda salgılamış oldukları sıvı miktarının erkeklere oranla daha az olması ve papillerindeki hatların ise daha zayıf olması ortamın yüzeyine bıraktıkları parmak izini etkilemektedir.

Ortam koşullarındaki farklılıklar sonucu etkileyen faktörler arasında yer almaktadır. Ortamın sıcak, soğuk, nemli, açık veya kapalı olması gibi faktörler ortamda bir kişi tarafından biyolojik sıvı olan terin salgılanma miktarlarını etkilemesi sebebiyle ortamda kalma süresi üzerinde etkisi olduğu gözlenmektedir.

Ortamda bulunan parmak izine sahip bireylerin yaşı parmak izini etkilemektedir. Genç bireylerin parmak izinde bulunan sıvıların içeriğinin ve miktarının farklı olması parmak izinin kalitesi üzerinde bir etkiye sahiptir. Yaşlı bireylerin parmak yapılarındaki elastikliğin azalması ve epidermis yapısının düzleşmesi de parmak izindeki kaliteyi etkileyen faktörler arasındadır.

Kişilerin günlük yaşamdaki parmak izi salgısı ile olay anındaki parmak izi salgısı miktarında heyecan, korku ve duygu durumu değişiklikleri sebebiyle farklılıklar meydana gelmektedir. Kişilerin sahip olduğu hastalıklar ve kullanmış oldukları ilaçların parmak izi sıvısında değişikliğe sebep olduğu belirtilmektedir.

Parmak izinin bırakıldığı yüzeyin özellikleri ve cinsi parmak izinin elde edilmesine etki eden faktörler arasında yer almaktadır. Cam, metal gibi pürüzsüz yüzeyler parmak izi tespitini kolaylaştırmakta, pürüzlü yüzeyler de bu oluşumu negatif olarak etkilemektedir. Parmak izinin bırakıldığı zamandan örneğin alındığı süreye kadar geçen süredeki ortamın ve yüzeyin özelliği de oldukça büyük öneme sahiptir (Petridis, 2011; Henderson, 2002; Karabey, 2017).

### **1.3.3. Genetik kimliklendirmenin tarihçesi**

Adli Bilimler, olay yerinden usulüne uygun biçimde toplanarak incelenmesi için gönderilen delillerin, bilimsel veriler ile değerlendirilerek olay ile bağlantısı olan kişilerin tespit edilmesini ve olay yeri ile mağdur ve failin ilişkisini belirlemeyi hedeflemektedir. Olay yerinden elde edilen biyolojik delillerin kalitesi ve miktarı adli makamların olay ile ilgili belirsiz sorulara cevap bulması ve failin ortaya çıkarılmasında önemli bir yere sahiptir. Bu bakımdan Adli Genetiğin amacı az miktarda bulunan biyolojik örneklerden dahi sonuç elde edilmesi amacıyla farklı moleküler genetik yöntemlerin kullanılarak olayın açığa kavuşturulmasına katkıda bulunmaktır.

Günümüzde adli genetik denildiğinde akıllara DNA analizi gelse de adli genetiğin kriminal vakalarda kullanımına DNA ile başlanmamıştır. Adli genetiğin tarihsel gelişimine bakıldığında İnsan Genom Projesi genetik alanındaki çalışmalara büyük bir ivme kazandırarak Adli Genetik alanına etkileriyle birlikte günümüz ve gelecekteki işlenecek suçların açığa çıkarılmasında büyük ölçüde katkıda bulunmaktadır. Populasyonların içi ve arasındaki çeşitliliğin ortaya konmasında kan grupları sistemlerinden, polimorfik enzim grubu ve polimorfik protein sistemlerinden yararlanılmıştır (Alakoç, 2010).

## 1.4. Adli Kimliklendirmede Kullanılan Belirteçler

### 1.4.1. Uzunluk polimorfizmi

İnsan genomunda birbirini takip eden, farklı sayılarda bulunan ve toplumu oluşturan bireyler arasında farklılık gösteren ve bu sebepten dolayı adli kimliklendirmede faydalanılan DNA fragmanları bulunmaktadır. Bireyler arasındaki tekrar sayısı değişikliği bu fragmanların uzunluğunun farklılığına yol açmaktadır. Uzunluk farkı gösteren bu DNA bölgeleri VNTR'lar (Variable Number of Tandem Repeats-Değişken Sayıda Ardışık Tekrar Polimorfizmi) olarak adlandırılmaktadır. VNTR'lar nükleotid veya nükleotidlerin delesyon, insersiyon ve/veya eşit olmayan krosingover'i sonucu oluşabilmektedir. Mendel yasalarına göre aktarılan ve yüksek ayırt etme gücüne sahip bu tekrar dizileri içerdikleri baz sayısına göre ikiye ayrılırlar. Tekrar dizisi altı baz çifti üzerinde ise Uzun Ardışık Tekrarlar (Long Tandem Repeats; LTRs) ya da minisatellit, iki ile altı baz çifti arasında ise Kısa Ardışık Tekrarlar (Short Tandem Repeat; STRs) ya da mikrosatellit olarak adlandırılırlar (Serin vd., 2002; Pai vd., 2007).

STR'lerin Değişken Sayıda Ardışık Tekrar Polimorfizmine (VNTR) oranla daha kısa DNA dizileri olması daha kolay bir şekilde analiz edilebilme avantajı sağlamaktadır. Bu diziler ortalama olarak insan genomunun her 30.000 baz çiftinde bir bulunmaktadır. Tekrar dizilerinin kopya sayıları her iki homolog kromozomda farklılık göstermektedir. Kopya sayılarının farklılıkları heterozigot farklılıklarının yüzdesine etki etmektedir. Bu ise tekrarlanan kopya sayısı farklılığına bağlı olarak, heterozigot yüzdesini artırmaktadır (Jeffreys vd., 1985; Alakoç, 2010).

İnsandaki genetik çeşitliliğin en önemli kaynağı ise dinükleotid tekrarlarıdır. İdentifikasyon çalışmalarında STR'ler ise en sık kullanılan tekrar dizileridir (Edwards vd., 1991). Genomda çok yaygın buldukları ve yaklaşık her gen içinde veya yakınında birçok dinükleotid marker içermeleri sebebiyle STR marker ailelerinin çeşitliliği mutant genin tanımlanmasına ve ailelerdeki geçişine olanak verir (Edwards vd., 1991). STR'ler 3 ile 7 baz çifti uzunluğunda tekrarlayan zincirlerdir (Edwards vd., 1991; Wame vd., 1991). Bu yaygın tekrarlar insan genomuna iyi yayılmışlardır ve PCR ile kolayca tespit edilebilen polimorfik bölgelerin kaynağıdır (Innis vd., 1990).

Bölgelerin polimorfik olmaları sebebiyle her insanda farklılık göstermesi Adli Bilimler alanında kişinin belirlenmesinde bu bölgelerden faydalanılmasına olanak sağlamıştır. Aşırı değişken lokusların PCR ile çoğaltılması tiplendirme sistemlerinin hassasiyetinin belirlenmesi yeteneğini artırmıştır. Çok kısa dizi tekrarları dahil olmak üzere aşırı değişken lokusların PCR ile çoğaltımı DNA tiplendirme sistemlerinin hassasiyetini büyük ölçüde artırmıştır. Tekrar dizilerinin kısa olması sayıca az sıklıkta bulunması ve düşük molekül ağırlıklı DNA'dan çoğu kez başarılı şekilde çoğaltılmaları sebebiyle adli analizlerde daha yaygın kullanılmasını ve ideal örnekler olmasını açıklamaktadır (Alakoç, 2010).

## 1.4.2. Kısa tekrarlı DNA dizileri (STR'ler)

### 1.4.2.1. STR'lerin Adli DNA Tiplendirmedeki Kullanımı

Mikrosatellitler kısa tekrar dizileri (STR: Short Tandem Repeats) olarak adlandırılan 2-7 baz çiftinden oluşan ünitelerin 5-25 kez tekrarlanması ile meydana gelmektedir. Bu diziler ökaryotik genomda yer alan basit dizilerdir. Günümüzde 100 bp'den kısa olmaları ve bu sayede kolaylıkla amplifiye edilmeleri, DNA üzerinde polimorfik özellik gösteren bölgelerin yaygınlığı, inceleme kolaylığı ve yüksek güvenilirlikleri sebebiyle kimliklendirme çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu alellerin baz çiftleri sayısının 350'den küçük olması ise eski ve korunması iyi olmayan örneklerden dahi sonucun elde edilmesine imkan vermektedir (Dönbak, 2002; Naslund vd., 2005).

STR'ler üç grupta incelenebilir:

1. Basit STR'ler: Baz sayısı ve baz dizilim sırası aynı olan tekrar üniteleri içerirler.
2. Bileşik STR'ler: Baz dizilim sırası birbirinden farklı olan iki veya daha fazla sayıda tekrar üniteleri içerirler.
3. Kompleks STR'ler: Baz sayısı ve baz dizilimi farklı olan birkaç tekrar bloğu içerirler (Dönbak, 2002).

STR lokuslarında düşük, orta ve yüksek düzeyde mutasyon meydana gelebilmektedir (Sparkes vd., 1996). STR'ler üzerinde nokta mutasyonlarının yanı sıra genellikle tekrar artışı veya azalması ile de mutasyon meydana gelebilir. Kısmi farklılıkların yanında her jenerasyonla birlikte mutasyon oranının  $10^{-3}$  ile  $10^{-4}$  arasında değiştiği de belirtilmiştir (Sparkes vd., 1996; Brinkmann vd., 1998). Lokuslar arasında şimdiye kadar en yüksek mutasyon oranının ACTBP2 (SE33) lokusunda olduğu belirlenmiştir. Bu mutasyonun ise bölgedeki replikasyon sırasında ayrılmanın ardından kayma sonucundaki yanlış birleşme sebebiyle meydana geldiği, tekrar artış ve azalışına sebep olan insersiyon ya da delesyona neden olduğu ortaya konmuştur (Moller vd., 1994; Di Rienzo vd., 1994). Yapılan araştırmalar lokus tekrar sayısı ve uzunluğu artışının mutasyon oranını artırdığını göstermektedir (Farrall ve Weeks, 1998).

STR'lerin yukarıda belirtilen genel özellikleri sebebiyle farklı alanlarda kullanımı söz konusudur;

1. Adli olaylarda failin tespit edilmesi
2. Nesep tayini ve her türlü akrabalık ilişkisinin açığa çıkarılması
3. Göçmen alımları sırasında
4. Kitleli felaketlerde ölen kişilerin kimliklerinin tespit edilmesi (Ross ve Harding 1989; Hallenberg ve Morling, 2001; Holland vd., 2003).



### 1.4.3. Y kromozomu polimorfizmi (Y-STR)

DNA dizileri farklılıkları uzun yıllar boyunca çeşitli mutasyonların birikmesiyle birlikte oluşmuştur. Y kromozomu üzerinde bulunan homolog olmayan bölgedeki haplotip değişime uğramaksızın bir sonraki nesile aktarılmaktadır. Aynı atasal soydan kişiler aynı Y kromozom haplotipi içerirler ve babadan oğula holandrik kalıtım gösterirler. Bu nedenle Y kromozomu polimorfizmlerinin babalık davaları ile adli kimliklendirme alanlarında kullanılması faydalı olmaktadır. Adli vakalarda özellikle DNA örneğinin kısıtlı olması ve DNA tiplendirilmesinin yapılamaması durumlarında STR belirteçleri ayırım gücünün yüksekliği ve kolay analiz edilebilirliği gibi özellikleri ile tercih sebebi olmaktadır.

Y-STR ise bu alt belirteçlerden bir tanesidir. Özellikle cinsel saldırı olaylarında erkek dışı hücrelerinin karıştığı az miktarda örneklerde erkek bileşene ait DNA profilinin elde edilmesinde kullanımı önemlidir. Babalık davalarında erkek çocuk ile baba arasındaki bağlantının tespit edilmesi amacıyla kullanımı söz konusu olmaktadır. Ayrıca bazı Y-STR haplotipleri coğrafik ve ırka bağlı varyasyonları sebebiyle DNA vericinin ırksal orjini ile ilgili bilgi vermektedir (Gökalp Özkorkmaz ve Özkorkmaz, 2011).

Mitokondriyal DNA gibi Y-STR haplotipleri de birden fazla kişi tarafından paylaşılan rekombine olmayan bölgelere ait olan bilgiyi taşımaktadır. Bu elverişli bölgeler NRY adı verilen bölgeler içerisinde bulunmaktadır. Bu bölgeler herhangi bir değişime uğramadan babadan oğula aktarılırlar. NRY bölgelerinin çok sayıda X-Y homologu veya Y otozomal homolog dizileri içermesi erkeğe özel tanımlanmasında önemli bir yere sahiptir (Redd vd., 2002). Y-STR'lerin kullanışlı olması Y kromozomundaki rekombine olmayan kısımlarda bulunması sebebiyle soy ve kalıtım çalışmalarında kullanılmasını sağlamaktadır (Krenke vd., 2005). Özellikle de hücrelerin birbirinden ayrımı yapılamadığı veya mağdur kişiye ait DNA'nın faile ait DNA'yı baskıladığı ve suçlu kişinin vazektomi ameliyatı olduğu veya azospermik olması gibi durumların varlığında kullanımı oldukça önemli bir yere sahiptir (Hammer vd., 2006). Cinsel taciz gibi çok fazla karışım örneklerinin bulunduğu olaylarda ise yalnızca otozomal STR'lerin kullanımı ile ayırım yapılabilmesi oldukça güç bir durumdur.

İki veya daha fazla erkek kişiden alınan DNA karışımlarında erkek şüphelinin bilinmediği durumlarda, kurban ile şüphelinin DNA örneklerinin karıştığı durumlarda veya karışımlardaki dişilere ait DNA'nın yüksek oranda olması sebebiyle erkeğe ait DNA'dan profil elde edilmesinin maskelendiği durumlarda Y-STR'lerin kullanımı otozomal STR çalışmalarından daha bilgilendirici ve kullanışlı olmaktadır. Bu sayede dişiye ait örneklerin uzaklaştırılması ile analiz yapılması kolaylaşmaktadır (Wurmb-Schwark vd., 2003; Mulero vd., 2006).

#### 1.4.4. Tek nükleotit polimorfizmi (Single Nucleotide Polymorphism-SNP)

Genom üzerinde tek bir nokta üzerindeki tek baz dizi varyasyonu tek nükleotid polimorfizmi (SNP) olarak adlandırılmaktadır. Bu değişimin baz eklenmesi olarak meydana gelmesi insersiyon, baz eksilmesi şeklinde olması ise insersiyon olarak tanımlanmaktadır. Bu nükleotid değişimleri transversiyonlar ve transisyonlar sonucu oluşmaktadır.

İnsan genom projesi çok sayıda SNP'lerin belirlenmesine fayda sağlamıştır. Sekanslama çalışmaları sonucu 2 milyonun üzerinde SNP tespit edilmiştir (Lander vd., 2001). SNP'lerin çok fazla değişim göstermemeleri sebebiyle evrimsel açıdan kararlılıkları populasyon çalışmalarında genetik işaretçiler olarak kullanılmasına olanak sağlamaktadır. Adli amaçlı kimliklendirmede ise sınırlı olarak kullanılmakla beraber polimorfizm tayini farmogenetik çalışmaların, aday gen tayini ve haritalamada da kullanımı mevcuttur (Brookes, 1999).

SNP'lerin kullanılmasının en önemli avantajlarından birisi ise PCR ürünlerinin büyüklüklerinin 100 baz çiftinden küçük olması sebebiyle geleneksel olarak kullanılan STR'lerin kullanımının başarısız olduğu çok fazla degrede olmuş örneklerde bile tiplendirme sağlanabilmesidir (Bell vd., 2002). Düşük mutasyon oranlarına sahip olmaları soy tayinlerinde güvenilir olarak kullanılmasına neden olmuştur. Yapılan babalık araştırmaları, STR lokusundaki uyumsuzluk görülme oranının %3.9 iken SNP 'lerin incelenmesi ile bu olasılığın %0.0006 olduğunu göstermektedir (Jeffreys vd., 1985).

SNP'ler şüphelinin populasyon grubunun tanımlanabilecek durumlarının tespit edilmesi ile savcılık ya da mahkemenin değerlendirmesi açısından fayda sağlayabilmektedir. Mitokondriyal DNA SNP'leri ile Y kromozunda bulunan SNP'lerin bu kapsamda kullanılabileceği belirtilmiştir (Dilmec vd., 2010). Ancak belirtilen SNP'lerin kullanımının sadece anne veya baba soyları hakkında bilgi vermesi yapılacak analizleri sınırlandırmaktadır. SNP'ler bazı pigmentasyon ve ksenobiyotik genlerini içermeleri sebebiyle coğrafi soyların yanı sıra kişiye ait deri saç ve göz rengi gibi fenotipik özellikleri hakkında da bilgi edinme amaçlı kullanılabilir (Kanter vd., 1986; Nakano vd., 2008; Yeşildağ, 2009).

SNP'lerin kullanılmasında bazı avantajlar olduğu gibi dezavantajlar da bulunmaktadır. Bir SNP lokusu iki allel içermekteyken bu rakam STR lokusu için 8-15 farklı allele kadar ulaşmaktadır. Bu tür polimorfizmler SNP'lerden elde edilecek analiz bilgilerine sınırlandırma getirmekte çok fazla sayıda SNP analizine ihtiyaç duyulmasına sebebiyet vermektedir. (Brión vd., 2005).

Çok fazla kişiye ait DNA örneklerinin olduğu karışım durumlarında SNP'lerin kullanılmasıyla ayırım yapılabilmesi güçleşmektedir. Yine günümüze kadar DNA veri bankalarının veri tabanları ise STR lokuslarının çalışılmasıyla oluşturulmuş olduğundan yeni SNP markırlarının

kullanımına geçilmesi ile birlikte bu örneklerin yeniden çalışılması gerekmektedir (Freakish vd., 2003).

Yakın gelecekte adli amaçlı kimliklendirmede SNP'lerin STR lokuslarının yerine kullanılması beklenmemekle birlikte, SNP'ler ileri derecede degrades olmuş DNA örnekleri ile akrabalık ilişkilerinin belirlenmesinde, ayırım gücünün artırılmasında, kimliği belirsiz ve kayıp kişilerin kimliklendirilmesinde ve zorlu adli olguların analiz edilmesinde önemli bir yere sahip olacaktır. Ayrıca şüphelinin belirsiz olduğu olayların araştırma alanlarının daraltılmasında da kullanımı söz konusu olacaktır. Bunun beraber zorlu biyolojik örneklerden objektif, güvenilir ve geçerli sonuçlar elde edilmesinde kullanılan araçların artırılması için uygun SNP'lerin belirlenmesi ve buna uygun yöntemlerin geliştirilmesi süreci devam etmektedir (Grimes, 2001).

## **1.5. DNA Zincirindeki Polimorfik Bölgelerin Analizinde Kullanılan Yöntemler**

### **1.5.1. Klasik DNA dizi analizi yöntemleri**

Adli Bilimler alanında anne ve babalık tayini, kimlik tespiti ve adli olaylara karışan suçluların tespit edilmesinde ve daha birçok alanda DNA temelli birçok moleküler genetik yöntem kullanılmaktadır.

#### **1.5.1.1. RFLP (Restriction Fragment Length Polimorphism)**

Çift zincirli DNA'nın restriksiyon enzimleri kullanılarak enzimlere özgü bölgelerden kesilmesi ve uzunluk farklılığının kullanılması temeline dayanan RFLP yöntemi ile uzun bir müddet tek nükleotid değişimi sonucu ortaya çıkan polimorfizmlerin incelenmesi yapılmaktaydı. Kullanılan bu restriksiyon enzimleri bakterilerde doğal olarak bulunan enzimlerdir. Enzimler DNA'yı kendine özgü olan kısımlardan tanıyarak keser. Bu sebeple bu enzimler 'moleküler makas' olarak da adlandırılmaktadır.

Hae III, Hinf I, Pst I, EcoRI adli amaçlı RFLP analizinde sık olarak kullanılan enzimlerdendir. Uzun olan DNA molekülü kesim işleminin ardından çok sayıda ve küçük parçalara ayrılırlar. Bu parçalara ise restriksiyon fragmanları ismi verilmektedir. Bu küçük DNA parçaları birkaç yüz ile birkaç bin baz çifti uzunlukta olabilir. Elde edilen bu DNA fragmanlarının görünür hale getirilmesi 1975 yılında Edwin Southern tarafından geliştirilen "Southern Blot" tekniği ile yapılmaktadır. Bu yöntemde kesilen bir çok DNA fragmanı agaroz veya akrilamid jel elektroforezi ile elektroforetik olarak ayrılır ve bu fragmanlar denature edilerek naylon membrana transferi sonucunda spesifik problemler ile hibridize olmaktadır. Kullanılan bu problemler, komplementer DNA dizisine spesifik olarak dizayn edilen tek zincirli, radyoaktif izotoplarla işaretlenmiş, kısa DNA parçacıklarıdır. Hibridizasyonun uygun hibridizasyon

solusyonları içeren banyolarda gerçekleştirilmesinin ardından nonspesifik bağlanmalar yıkanarak uzaklaştırılır ve oluşan bandlar X-ray'de otoradyografik olarak gösterilir.

Adli amaçlı kimliklendirme birçok single-lokus prob ile yapılabildiği gibi multi-lokus problemler ile de yapılabilmektedir. Elde edilen otoradyogramlar parmak izindeki gibi bireye özgü olması sebebiyle DNA parmak izi olarak adlandırılmaktadır. Ancak görünüşleri sebebiyle sistemin sonuçlarını değerlendirmek oldukça güç olmaktadır (Jeffreys vd., 1985, Dilmec 2010, Sturm vd., 2008; Chakraborty vd., 1999). Multi lokus RFLP yönteminin kullanılması ile ayırt etme gücünün çok yüksek olması önemli bir avantaj sağlasa da yüksek moleküler ağırlıklı 500 ng seviyesinde DNA'ya ihtiyaç duyulması ve degrades olan DNA kullanımında başarılı sonuçlar elde edilememesi yöntemin kullanımını sınırlayan faktörlerdendir. (Kanter vd., 1986; Gill, 2001; Levo vd., 2003). Yöntemin güvenilirliği yüksek olmakla birlikte uzun süre zarfında yapılması, zahmetli olması, radyoaktif madde ile temas edilmesi ve yüksek miktarda DNA gerektirmesi gibi dezavantajları da bulunmaktadır. Bu sebeplerden dolayı PCR tekniğine dayalı STR analizleri yöntemin yerine kullanılmaya başlanmıştır (Serin vd., 2016).

Rutin adli DNA analizi sırasıyla DNA ekstraksiyonu ve ölçümü, polimeraz zincir reaksiyonu ve elektroforezin yapılması şeklinde sıralanmaktadır.

#### 1.5.1.2. DNA Ekstraksiyonu ve Miktarının Ölçümü

Adli kimliklendirmenin ilk basamağı olan DNA ekstraksiyonu DNA'nın sonraki basamaklarda kullanımını sağlamak için saf hale getirilmesidir. Az miktarda örneklerde önemli bir yere sahip olan bu işlem üç aşamadan meydana gelmektedir. Bu aşama, hücre zarının bozulması DNA'nın ise bu protein ve diğer hücresel bileşenlerinden arındırılması işlemleri şeklinde sıralanabilir. DNA izolasyonu için birçok yöntem kullanılmakta ve bu yöntemlerin kullanılması birçok faktöre göre değişmektedir. Kan ve epitelyum hücreleri ile birlikte laboratuvarında kullanılan birçok örneğin izolasyonu; Chelex ekstraksiyonu, fenol-kloroform bazlı ekstraksiyon, FTA ekstraksiyonu, silika bazlı ekstraksiyon gibi yöntemler kullanılarak yapılmaktadır (Goodwin vd., 2011).

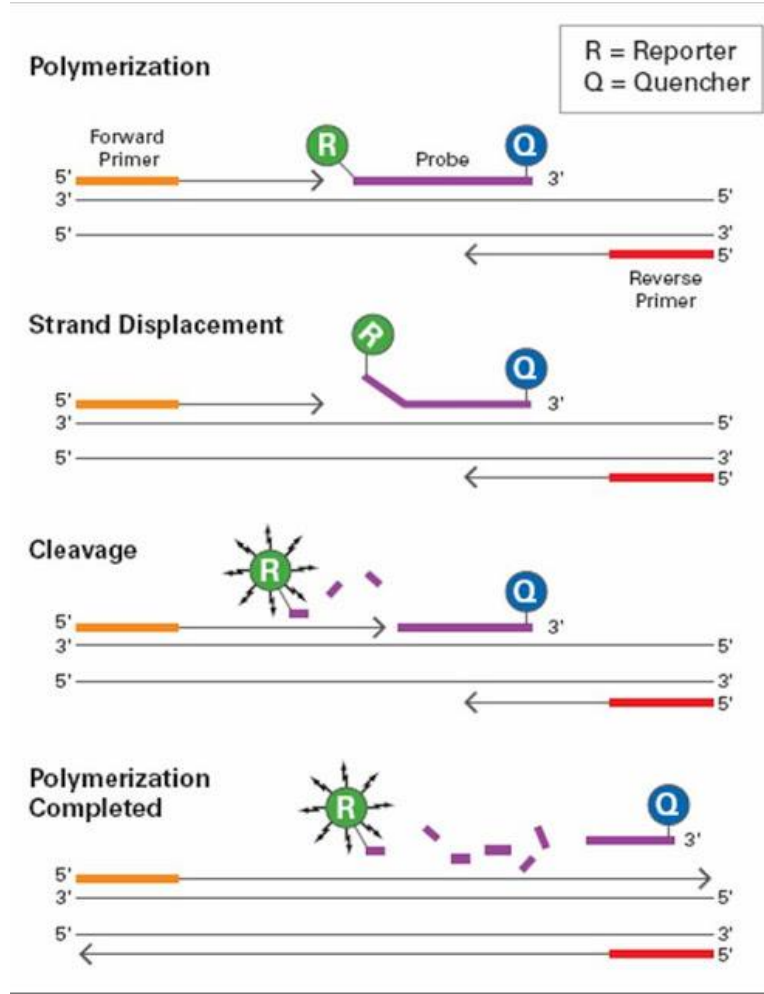
DNA'nın elde edilmesi aşamalarından bir diğeri ise DNA miktarının ölçülmesi işlemidir. PCR işlemine tabi tutulmak istenen DNA'nın uygun miktarda olmaması yorumlanması zor bir profil elde edilmesine yol açacağından öncelikli olarak miktar tayininin yapılması gerekmektedir. İzole edilen DNA'nın miktarının belirlenmesi referans örnekler için değişkenlerin daha az olması sebebiyle her defasında benzer miktarlara ulaşılması beklenildiğinden daha az öneme sahiptir. Ancak laboratuvarında kullanılan standart analizlerin bir parçası olarak referans örneklerde de miktar analizi yapılmaktadır (Nicklas ve Buel, 2003). Elde edilen örneklerin türüne göre değişmekle birlikte her çekirdekli hücre 6 pg genomik DNA içermektedir (Thormann vd., 1994). DNA kantitasyonunun yapılmasında

geçmiş yıllarda farklı analiz metodları kullanılmış olsa da günümüzde ise Real Time PCR kullanımı ile miktar tayini yapılmaktadır (Boehnke vd., 1989).

#### 1.5.1.3. Real-Time PCR

Real-time teknolojisi nükleik asitlerin çoğaltılması ile elde edilen ürünlerin miktarlarının belirlenmesini sağlayan son zamanlarda kullanılan popüler yöntemlerdendir. Moleküler genetik yöntemlerinde floresan ışımaya teknolojisinin kullanılmasıyla birlikte PCR yöntemleri geliştirilmiş olup, bu yeni teknolojik gelişmeler ise gen anlatım çalışmalarının hızlandırılmasına katkıda bulunmuştur (Klein, 2002). Bu teknik PCR çoğaltımının görünür hale getirildiği floresan işaretli prob ve boyaların kullanıldığı ve floresanın DNA ile doğru orantılı bir şekilde arttığı bir tekniktir. Real-time PCR metodu sayesinde hızlı güvenilir ve hassas bir şekilde eser miktardaki bir örneğin dahi tespiti yapılabilmektedir (Günel ve Aydın, 2009).

Genellikle kullanılan Real-Time PCR yöntemlerinden biri olan Tagman Prob Yöntemi 5' ucunda reporter florofor, 3' ucunda ise quencer olarak adlandırılan iki grupta işaretlenmiştir (Şekil 1.1). Bu işaretlenmiş proplar çoğaltılmak istenen primer bölgesine bağlanır. Primerlerin hedef DNA'ya bağlanması ve Tag Polimeraz enziminin yeni zincir oluşturması sırasında bahsedilen Tagman Proba gelinmesi ile enzimin sahip olduğu ekzonükleaz aktivitesi sayesinde reporter florofor probdan ayrılır ve sinyal oluşumuna neden olmaktadır. Ortamdaki ürün miktarına bağlı olarak da sinyal artışı meydana gelmektedir (Navarro vd., 2015).



**Şekil 1.1.** Tagman Prob yöntemine ait işlem akışı

#### 1.5.1.4. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

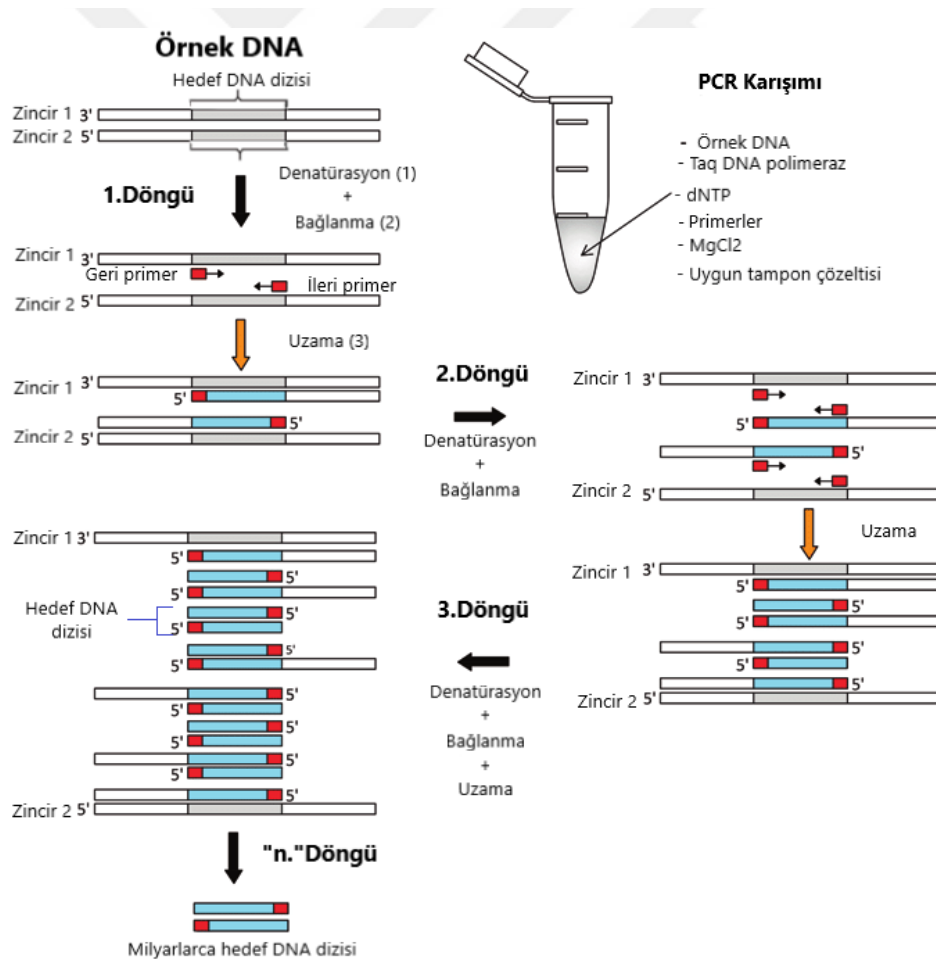
1983 yılındaki keşfiyle DNA analizinde devrim yaratan PCR, DNA içerisinde bulunan iki segment arasındaki bir dizinin enzimlerin kullanımıyla çoğaltılması esasına dayanan bir tekniktir (Boehnke vd., 1989). Uygun koşullar altında tek bir hücre varlığında dahi DNA amplifikasyonu gerçekleşmektedir (Li vd., 1990). PCR kullanımı sayesinde degrade olan örneklerden profillemeye yapılmasına olanak sağlanmıştır. PCR gerçekleştirilebilmesi için; kalıp DNA, deoksinükleotid trifosfatlar (dNTPs), çoğaltılacak bölgenin 5' ve 3' ucuna komplementer iki adet primer, termostabil DNA polimeraz (Taq polimeraz) enzimi ve DNA polimerazın optimum aktivite ve stabilitesinin sağlanabilmesi amacıyla uygun pH ve iyon ( $Mg^{+2}$ ) konsantrasyonunu sağlayan tampon çözeltinin kullanılması gerekmektedir. PCR üç aşamada gerçekleşmektedir.

Denatürasyon: Çoğaltılması istenilen DNA'nın bu aşama içerisinde yüksek sıcaklıklar ile birlikte çift zincir yapısı bozularak tek zincir haline getirilmesi işlemlerine dayanmaktadır. Bu aşama sonrasında oluşan tek zincir şeklindeki DNA kalıp olarak kullanılmaktadır.

Bağlanma (Annealing): Reaksiyon sıcaklığının 60°C'ye düşürülmesi ile primerlerin kalıp DNA'ya bağlandığı aşamaya verilen isimdir. Sıcaklık değerleri primerlerin baz dizisi, primer konsantrasyonu ve iyonik tepkime ortamı gibi faktörlerle ilişkili olarak değişmektedir.

Uzama (Extension/Elongation): Ortalama 68-72°C'de kalıp DNA zincirinin 5' ucundan 3' ucuna doğru dNTP'lerin DNA polimeraz enzimi tarafından eklenmesi sayesinde yeni komplementer DNA zinciri oluşmaktadır. Bahsedilen her aşamanın toplamı bir döngü olarak kabul edilmektedir ve bu döngü sayısı 20-35 arasında değişebilmektedir (Goodwin vd., 2011). Sadece birkaç hücrenin bulunduğu örneklerden dahi çoğaltma yapabildiği PCR tekniğinin en önemli avantajlarından biridir.

Şekil 1.2'de PCR analiz işlemleri akışı şematik olarak görülmektedir.



Şekil 1.2. PCR analiz işlemleri akışı

#### 1.5.1.5. Sanger Dizileme Yöntemi ve STR Analizi

Enzimatik yolla zincir sonlandırma prensibine dayalı olarak geliştirilen bu yöntem en fazla kullanıma sahip analiz tekniğidir. Tek iplikli DNA'nın kalıp olarak kullanıldığı bu reaksiyonda DNA primeri, DNA polimeraz, normal deoksinükleotitfosfatlar (dNTP'ler) ve DNA zincir büyümesini sonlandıran modifiye edilmiş nükleotitler (dideoksinükleotidler; ddNTP) kullanılmaktadır. Dideoksinükleotidin (ddA, ddC, ddG veya ddT) eklenmesiyle birlikte parçalardaki uzama sona ermektedir.

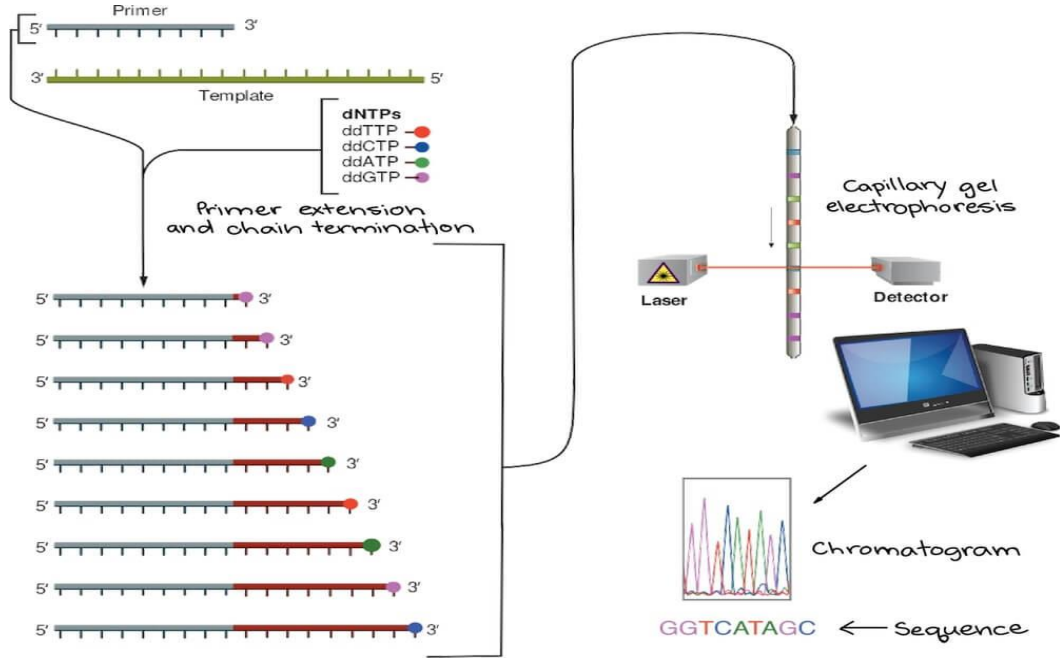
Bu yöntemin kullanılmasıyla birlikte dideoksinükleotid eklenmesi sonucu sentezi durdurulan farklı uzunlukta DNA fragmanları elektroforez yöntemi ile birbirinden ayrılmaktadır. Negatif yüklü DNA fragmanları pozitif yüklü elektroda doğru hareket eder. DNA'ya bağlanmış olan florasan boyanın uygun dalga boyunda ışığı geri yansıtmasıyla oluşan ışık demeti dedektör tarafından kaydedilir. Bilgisayar ortamında değerlendirilen veriler grafiksel veya matematiksel olarak bilgisayar ekranına transfer edilir. Bu aşamada 6 bazdan 1000 baza kadar güvenli okuma gerçekleştirilebilmektedir (Tamaki ve Jeffreys, 2005; Murphy vd., 2005).

Adli amaçlı tiplendirme yöntemlerinin standart olarak kullanılan diğer yöntemler ile aynı temel prensipleri bulunmaktadır. STR analizinin yapılışı; örneklerin elde edilmesi, DNA ekstraksiyonu ile amplifikasyonu ve elektroforez sonucu değerlendirmenin yapılması olmak üzere 3 aşamada gerçekleştirilmektedir (Goodwin vd, 2007; Butler, 2012). Çeşitli metodlar kullanılarak DNA molekülünün protein ve diğer hücresel bileşenlerinden ayrılması sonucu açığa çıkarılması ve akabinde miktar tayini yapılmasının ardından in vitro şartlar altında PCR tekniği ile amplifikasyon işlemi gerçekleştirilmektedir. Elektroforez yöntemi ile çoğaltılan STR alellerinin birbirinden ayrılmasıyla alel uzunluklarının ölçülmesi ve değerlendirilmesi sonucunda STR analizi tamamlanmış olmaktadır (Greenspoon vd., 1998; Nicklas ve Buel, 2003).

Aynı primer seti ile hazırlanmış lokusa özel alelik ladder kullanılarak alellerin pik büyüklükleri genotiplendirilmektedir (Borsting ve Morling, 2015). Elektroforegram farklı alellere ait boyut, pik yüksekliği ve pik alanı gibi bilgileri vermektedir. Analiz yapılırken farklı boya renklerinin ayrılması ile DNA parçalarını temsil eden pikler uygun renk ile ilişkilendirilerek internal size ile karşılaştırılarak boyutlandırılır. Söz konusu örneğe ait PCR sonuçları ile alelik ladder karşılaştırılması yapılmaktadır. STR lokusundaki tekrar ünitelerinin sayısının tespit edilmesinde tekrar sayısı bilinen alelik ladder bir cetvel gibi kullanılarak bilinmeyen örneğin alel ve genotipinin belirlenmesine yardımcı olmaktadır (Goodwin vd., 2007; Hartzell vd., 2003).

STR genotiplendirme işleminin adımları Şekil 1.3'te kısaca gösterilmektedir.





**Şekil 1.3.** DNA fragmanlarının sanger yöntemiyle dizilenmesi

## 1.6. Adli DNA Analizindeki Yeni Gelişmeler

### 1.6.1. Yeni nesil dizileme (Next-Generation Sequencing)

Sanger yöntemi floresan boya ile işaretli dideoksinükleotid trifosfatlar (ddNTP)'nin kullanıldığı çok sayıda örneğin aynı anda dizilenebildiği bir yöntem olması ve 400-800 bazlık uzunluktaki DNA dizilerini doğrulukla okuyabilmesi gibi özellikleri sayesinde günümüze kadar en çok kullanılan yöntem olarak gelmiştir (Bagirova, 2016). Bu yöntem kullanılarak DNA dizilerinin çoğunluğu tanımlanmış, İnsan Genom Projesinin büyük bir bölümü ise Sanger dizileme cihazlarının kullanımı ile gerçekleştirilmiştir. Proje 10 yıllık süre zarfında 3 milyarlık maliyet ile sonuçlandırılmıştır.

Projenin akabinde Yeni Nesil Dizileme (YND) olarak adlandırılan masif dizileme yöntemleri geliştirme aşamaları başlamıştır. Buna paralel olarak 2005 yılında ilk Next-Generation Sequencing (NGS) cihazının kullanımına başlanmıştır. Bu geliştirilen NGS platformları moleküler genetik alanında büyük bir gelişmeye neden olmuş, kullanımı giderek artan farklı moleküler genetik teknikleri sayesinde büyük bir gelişme kaydedilmeye başlanmıştır (Doğan vd., 2017).

YND yöntemi STR, mitokondrial DNA ve Y-kromozom haplotipleri gibi belirteçlerin ortaya konulmasında, nihai genotiplendirmenin yapılmasında önemli bir potansiyele sahiptir. STR analizinin yapılamadığı elde edilen örneğin az ve degrade olduğu ya da veritabanında eşleşmenin gerçekleşmediği durumlarda alternatif yöntemlerin kullanılması gerekli hale gelmektedir (Goodwin vd., 2007).

NGS teknolojisinin diğer birçok alanda kullanımı söz konusu olmakla birlikte Adli Bilimler alanında belirtilen özelliklerdeki örneklerin üzerinde çalışılması sebebiyle NGS teknolojisinin bu analizlerin yapılmasında birçok avantajı bulunmaktadır. Analiz yapılırken ortaya çıkan bu sorunlar NGS teknolojisi sayesinde aşılabilmektedir. Genellikle klasik yöntemde; çalışılan STR markırlarının haricinde daha fazla STR belirteçlerinin analizinin yapılmaması, DNA fragmanlarının uzunluklara göre ayrımının yapıp yakın uzunluğa sahip alellerin ayrımının yapılamaması ve karışım örneklerinde düşük deteksiyon oranlarının yer alması gibi problemler yaşanmaktadır (Mulero ve Hennessy, 2012).

Teknolojinin gelişmesiyle birlikte NGS teknolojisinin avantajları sayesinde benzer boyuttaki DNA fragmanlarının ayrımı yapılmakta ve karmaşık vakaların çözümlenmesi sağlanmaktadır. NGS teknolojisindeki gelişmeler yakın gelecekte maliyetin azalmasına ve bu teknolojinin kullanımının artmasına önemli katkılar sağlayacaktır.

Sanger yönteminin kullanılmasında substitüsyonlar, küçük insersiyonlar ve delesyonların tespitinin kısıtlanması sebebiyle bu değişikliklerin tespit edilmesi için zaman FISH, microarray, array-CGH gibi farklı analizlerin yapılmasına ihtiyaç duyulmaktadır. NGS yönteminde ise biyoinformatik algoritmaların kullanılması sayesinde tek seferde verileri elde etmek mümkün hale gelmektedir.

Sanger yöntemi DNA analizinde bugün hala yaygın olarak kullanılmakta olup, sonucun elde edilmesine kadar geçen sürenin uzunluğu ve yöntemin kullanımında yüksek maliyetlerin olması gibi dezavantajlara sahiptir. Gelişen NGS teknolojisi ile hızlı ve düşük maliyetlerle yüksek miktarda veri analizi yapılmaktadır (Behjati ve Tarpey, 2013; Rizzo ve Buck, 2012). Yapılan araştırmalar neticesinde NGS yöntemi kullanılarak daha güvenilir sonuçların elde edildiği ortaya konmaktadır. Bu teknoloji sayesinde aynı zamanda milyonlarca kısa DNA fragmanları dizilenebilmekte olup, elektroforeze ihtiyaç duyulmadan okuma yapılmakla birlikte bu okumalar ise göreceli olarak kısa okumalardır (Taşlıdere, 2016).

NGS teknolojisi kullanımında bazı bölgelerin fazla guanin ve sitozin içermeleri sebebiyle yanlış hızlanması ve hatalı dizilenmesi gibi aksaklıklar yaşanabilmektedir. Ayrıca bu teknoloji kullanımı kapasitesi ve depolama özelliği gelişen sistemlerin yorumlamasını detaylı şekilde yapabilecek uzman personele ihtiyaç duymaktadır. Devam eden çalışmalarla önümüzdeki süreçte yeni nesil dizi analizinde nanoporların kullanımı ile herhangi bir polimerizasyona ihtiyaç duyulmaksızın kısa süre içerisinde ve düşük maliyetlerle tüm genom analizinin yapılabileceği planlanmaktadır (Schneider ve Dekker, 2012).

YND yöntemi temelde DNA'nın enzimatik yollar kullanımıyla kesilmesi ve bu DNA parçaları ile bir kütüphanenin oluşturulması ile akabinde DNA parçalarının çoğaltılması işlemine dayanmaktadır. Paralel sekanslama sayesinde DNA'nın milyonlarca küçük parçası eş zamanlı olarak dizilenmektedir. Bu çalışma prensibi sayesinde her bir bazın birden çok okunması yapılabildiğinden varyasyonların doğru tespiti yapılabilmektedir (Buermans ve Dunnen,

2014). Klasik olarak kullanılan Sanger Sekanslama Metoduna kıyasla 120 SNP, tüm mitokondrial DNA gibi çok uzun DNA bölgesini hızlı ve yüksek kalitede ileri seviye analiz sağlayarak YND sisteminin Adli Bilimler alanında kullanımı araştırma konusu olmuştur. Birkaç şirketin yeni nesil teknolojiye sahip olan cihazı ve buna uygun kitleri üretmesiyle adli laboratuvarlarda da bu teknolojinin uygulanma süreci başlamıştır (Borsting vd., 2014; Dijk vd., 2014).

Son zamanlardaki gelişmelerle birlikte STR'lerin NGS yöntemi kullanılarak çalışılmasında artış göze çarpmaktadır. NGS analizi ile STR lokuslardan fragman analizine kıyasla daha fazla bilgi edinildiği görülmektedir. Bu yöntemin hem otozomal hem cinsiyet kromozomlarında bulunan STR lokuslarının aynı anda analizinin yapılması, benzer uzunluktaki allelerin dijital okuma sayısı ile analizinin yapılabilmesi, STR üzerindeki dizi varyasyonlarının ortaya konması gibi birçok avantajları bulunmaktadır. Yalnızca dizi uzunluğu değil bununla birlikte alel dizisinin de tespit edilebilmesi sebebiyle ortaya konan bu ek varyasyonlar ile ayırım gücü de daha fazla olmaktadır (Yang vd., 2014; Kim vd., 2015; Van der Gaag vd., 2016).

Kadın ve erkek DNA'sının karışım halinde bulunduğu cinsel saldırı vakaları, erkek soy bağıнын belirlenmesi ve babalık akrabalık ilişkilerinin ortaya konmasında Y-STR analizlerinin önemli bir yeri bulunmaktadır. Aynı aileden gelen erkek bireylerde aktarımı ortak olduğu için Y-STR analizleri yetersiz olmaktadır. Yapılan çalışmalarla NGS teknolojisi kullanılarak STR ve SNP bölgelerinin analizi yapılarak genetik farklılıklar tespit edilebilmektedir (Xue vd., 2009).

Son gelişmeler ışığında ve yapılan çalışmalar neticesinde NGS teknolojisinin kullanımıyla tüm mitokondriyal genomun dizilenmesi, heteroplazmik mutasyonların tespit edilmesi ve miktarlarının tayini yapılabilmektedir (Magalhaes vd., 2015). Adli olguların çözümünde epigenetik markırların kullanımı ile monozigot ikizlerin ayırt edilebilmesi ve örneğin yaşının ve doku tipinin belirlenmesi olası hale gelmiştir. NGS teknolojisi ile tüm genomu ait bisülfıt sekans ve immuno sekans analizleri yapılabilmektedir. Bu yöntemler yüksek DNA miktarı gerektirdiğinden olay yeri örnekleri üzerinde de çalışabilir olması gelecek vaat etmektedir (Weber vd., 2005).

Adli genetik analizlerinde NGS teknolojisinin çok daha fazla avantajı olmasına rağmen laboratuvara geçiş sürecinin yapılması ve uygulamaya başlanmasında daha çok geçerli ve güçlü kitlerin yapılması ekipman maliyetlerinin fazlalığı kütüphane hazırlanması aşamaları hata oranları veri işleme ve uzman personelin eğitimi ve optimizasyon ve validasyon çalışmaları gibi konularda bazı zorluklar bulunmaktadır. Yapılacak AR-GE çalışmaları ile NGS'in Adli Bilimler alanında kullanımının yaygın hale gelmesi mümkün olacaktır (Kim vd., 2015; Van der Gaag vd., 2016; Weber vd., 2005; Borsting ve Morling, 2015).

## 2. BÖLÜM

### GEREÇ ve YÖNTEM

Çalışmamızda Ankara ve Çorum illerinde meydana gelen adli olaylardan elde edilen bulgulardan DNA analiz sonuçlarının incelenmesi, sonuca etki eden parametrelerin DNA elde edilmesine olan etkilerinin belirlenmesi ve istatistiksel analizinin yapılarak kriminal açıdan değerlendirilmesi sonucunda DNA elde edilme verimliliğinin artırılmasına yönelik tedbirlerin alınması ile maddi gerçekliğin doğru bir şekilde ortaya konmasına yardımcı olunması amaçlanmıştır.

Bu tez çalışmasında 2021 yılında Ankara ve Çorum illerinde meydana gelen adli olaylar sonucunda İçişleri Bakanlığı Jandarma Genel Komutanlığı Ankara Kriminal Daire Başkanlığı Biyolojik İnceleme Şube Müdürlüğü'ne adli merciler tarafından inceleme yapmak üzere gönderilen bulgulara ait bilgiler yer almaktadır. Çeşitli adli vakalar neticesinde olay ile ilgisi olduğu değerlendirilerek kuruma gelen, olay yerinden elde edilen biyolojik deliller (kıl, kan, sperm, doku parçası, tükürük, kepek, idrar, biyolojik svap'lar vb.) vajen veya anüste spermatozoid aramak üzere alınan frottiler ve fiziksel delillerin (mağdurlara veya şüpheli şahıslara ait giysiler, olay yerinde bulunan yiyecek artıkları, kullanılmış malzemeler, izmarit, çiğnenmiş sakız vb.) DNA analiz sonuçları kullanılarak istatistiksel bir çalışma yapılmıştır.

#### 2.1. Araştırma Şekli

Retrospektif bir çalışmadır.

#### 2.2. Araştırmanın Yapıldığı Yer ve Zaman

Bu çalışma, Eylül 2022- Ocak 2023 tarihleri arasında İçişleri Bakanlığı Jandarma Genel Komutanlığı Ankara Kriminal Daire Başkanlığı Biyolojik İnceleme Şube Müdürlüğü'ne Ankara ve Çorum illerinden gelen veriler toplanarak yapılmıştır.

#### 2.3. Araştırmanın Evreni ve Örneklemi

Veriler, İçişleri Bakanlığı Jandarma Genel Komutanlığı Ankara Kriminal Daire Başkanlığı Biyolojik İnceleme Şube Müdürlüğü'ne gelen 2021 tarihli 391 olaya ait adli kayıtların dosyalarından alınan 1.700 numune üzerinden yapılmıştır.

## **2.4. Araştırmanın Bağımlı ve Bağımsız Değişkenleri**

**Bağımlı değişken:** DNA'nın profillenme durumu (cevap verdi ve vermedi)

**Bağımsız değişkenler:** Olay yeri, bulgunun cinsi (kıl, kan, semen, biyolojik svap ve leke svabı), süre (delillerin elde edildiği olay tarihi ile laboratuara incelenmek üzere geldiği güne kadar geçen zaman aralığı), numune sayısı, DNA'nın herhangi bir kişi ile eşleşip eşleşmediği.

## **2.5. Veri Toplama Araçları**

Çeşitli Adli vakalar neticesinde olay ile ilgisi olduğu değerlendirilerek kuruma gelen olay yerinden elde edilen biyolojik deliller (kıl, kan, sperm, doku parçası, tükürük, kepek, idrar, biyolojik svap'lar vb.) vajen veya anüste spermatozoid aramak üzere alınan frottiler ve fiziksel delillerin (mağdurlara veya şüpheli şahıslara ait giysiler, olay yerinde bulunan yiyecek artıkları, sigara izmaritleri, kullanılmış malzemeler, izmarit, çiğnenmiş sakız vb.) DNA analiz sonuçları geriye dönük araştırma yöntemiyle toplanmıştır.

## **2.6. DNA Analiz Aşamaları**

### **2.6.1. Ön inceleme-ön tanı**

Kuruma gelen bulgulara herhangi bir inceleme yapılmadan önce hukuki şartların uygunluğunun kontrolü yapılması sonucu gelen bulgular dikkatli bir şekilde açılmaktadır. Müteakiben adli olayın içeriği ve gelen numunelerin niteliğine göre değişen ön inceleme işlemine tabi tutulmaktadır. Bu aşamada yapılan farklı testler (kan lekesi tespiti, meni lekesi tespiti vb.) neticesinde elde edilen numuneler tasniflenerek DNA analiz işlemlerine geçilmektedir.

### **2.6.2. DNA ekstraksiyonu ve kantifikasyonu**

Kuruma incelenmek üzere gönderilen adli olaylar sonucu elde edilen deliller ön inceleme işlemi sonrasında Qiagen firmasına ait QIASymphony DNA Investigator Kiti kullanılarak bu kite ait izolasyon prosedürüne tabi tutulmaktadır. Kan, sperm, kıl, tükürük, idrar, tırnak kiri, doku vb. materyallerin herbiri için uygun protokole göre DNA izolasyonu yapılmaktadır. Tüm numuneler izole edilmesinin ardından sonraki analizlere kadar -20°C'de saklanmaktadır. Her bir DNA ekstraktı, üreticinin tavsiyelerine göre Applied Biosystems 7500 Real Time PCR cihazında Quantifiler Pro DNA Miktar Tayin Kiti kullanılarak gerçek zamanlı bir PCR ile kantitatif analize tabi tutulmaktadır. Reaksiyon sırasında PCR inhibitörlerini izlemek için dâhili pozitif kontroller (IPC'ler) ve çalışmanın her aşamasında negatif kontroller yer almaktadır. DNA ölçümü sonuçlarına göre konsantrasyonu <0,0088

ng/ $\mu$ L olan numunelerin yetersiz DNA'ya sahip olduđu kabul edilmektedir. Bu konsantrasyonun altında DNA içeren numuneler 'cevap alınmadı' olarak kategorize edilmektedir. Bu konsantrasyonun üzerinde DNA miktarına sahip olan numuneler profil oluşturmak için yeterli olarak kabul edilmektedir. Bu nedenle yeterli DNA ( $>0,0088$  ng/ $\mu$ L) veren numuneler STR profili oluşturmak maksadıyla PCR işlemine tabi tutulmaktadır.

### **2.6.3. PCR amplifikasyonu**

PCR amplifikasyonu, Applied Biosystems Veriti Thermal Cycler Cihazı kullanılarak gerçekleştirilmekte olup, ekstre edilen DNA örnekleri, 24 otozomal STR lokusunu (D3S1358, D2S441, D22S1045, SE33, D10S1248, D1S1656, D13S317, D16S539, D18S51, D2S1338, CSF1PO, TH01, vWA, D21S11, D7S820, D5S818, TPOX, D8S1179, D12S391, D19S433, FGA, DYS391 Y-INDEL ve amelogenin işaretleyici ) aynı anda çoğaltan Globalfiler Kiti ile amplifiye edilmektedir. Amplifikasyon, üreticinin protokolüne göre yapılmaktadır. Reaksiyon sırasında Amplifikasyon işleminin doğruluğunu tespit etmek amacıyla pozitif kontrol ve negatif kontroller kullanılmaktadır.

### **2.6.4. DNA tespiti ve veri analizleri**

PCR reaksiyonu sonrasında ise elde edilen amplifiye edilmiş DNA ürünlerinin analizi 3500XL Genetic Analyzer System (Applied Biosystems) kullanılarak gerçekleştirilmektedir. Veri analizi, GeneMapper ID-X yazılımı kullanılarak yapılmaktadır. Her bir DNA parçacığının adlandırılması işlemi için Allelik Ladder (Allelik Cetvel) kullanılır. Allelik Ladder bir STR bölgesi için popülasyonda yaygın olan tüm allellerin bulunduğu multipleks sistemlerin üreticileri tarafından sağlanan bir karışımdır. Veri analizi programları yardımıyla allelik Ladder ile bilinmeyen örnek karşılaştırılarak bilinmeyen örneğin analizi gerçekleştirilir. Yapılan bu analizler sonucunda olay yerinden alınan biyolojik materyalden elde edilen veriler uzman personel tarafından sonuçların yorumlandığı bir rapor haline getirilir.

## 3. BÖLÜM

### BULGULAR

#### 3.1. İstatistiksel Yöntem

Tez çalışmamızda incelenen kriminal dosyalar üzerinden elde edilen verilerin istatistiksel analizleri SPSS (Versiyon 22, SPSS Inc., Chicago, IL, ABD) yazılımı kullanılarak yapılmıştır. Kriminal dosyalarından elde edilen kategorik verilerin tanımlayıcı istatistikleri sayı (n) ve yüzde (%) kullanılarak raporlanmıştır. Kategorik değişkenler arasındaki oran ve ilişki karşılaştırmaları çapraz tablo hücrelerinde örneklem büyüklüğüne bağlı olarak Ki-kare testi veya Fisher kesin testi ile gerçekleştirilmiştir. Dosyalardan elde edilen sayısal verilerin tanımlayıcı istatistikleri ise verilerin normal dağılıp dağılmadığına bağlı olarak ortalama±standart sapma ve medyan (min-maks) değerleri ile sunulmuştur. Verilerin normal dağılıma uygunluğunu test etmek için Kolmogorov Smirnov ve Shapiro-Wilk testi kullanılmıştır. Bağımsız iki grup arasında normal dağılmayan verileri karşılaştırmak için Mann Whitney U testi ve üç bağımsız grup arasında normal dağılmayan verileri karşılaştırmak için ise Kruskal-Wallis testi kullanılmıştır. Varyans analizinde anlamlı farklılık saptanan karşılaştırmaların ardından farklılığın hangi ikili gruptan kaynaklandığını belirlemek amacıyla Kruskal Wallis testi ardından Dunn-Bonferroni post hoc ikili karşılaştırma testleri yapılmıştır. Sayısal değişkenler arasındaki ilişkiler veri normal dağılımına bağlı olarak Pearson veya Spearman korelasyon katsayıları kullanılarak incelenmiştir.

DNA profillenme durumunu etkileyen faktörleri belirlemek amacıyla ROC (Receiver Operating Characteristic) analizi kullanılmıştır. Eğri altındaki ROC alanı (AUC) ve bu alana ait %95 güven aralıkları hesaplanmıştır. Analizler sonucunda elde edilen AUC değerleri için 0,9-1: mükemmel, 0,8-0,9: iyi, 0,7-0,8: orta, 0,6-0,7: zayıf ve 0,5-0,6: başarısız olarak yorumlanmıştır. ROC analizinde en iyi kesme noktasını belirlemek için Youden indeksi (maksimum duyarlılık ve seçicilik) kullanılmıştır. Kesme noktalarının başarısı duyarlılık (sensitivite), seçicilik (spesifite), PPV (pozitif prediktif değer), NPV (negatif prediktif değer) değerleri ile değerlendirilmiştir. DNA profillenme durumunu etkileyen risk faktörlerini belirlemek için Tek Değişkenli ve Çok Değişkenli İkili Lojistik Regresyon analizi kullanılmıştır. Lojistik Regresyon analizinde istatistiksel olarak anlamlı bulunan her parametre için %95 güven aralığı ile birlikte Odds oranları (OR) hesaplanmıştır. Tüm istatistiksel testler için istatistiksel anlamlılık seviyesi  $P<0,05$  olarak değerlendirilmiştir.

#### 3.2. Sonuçlar

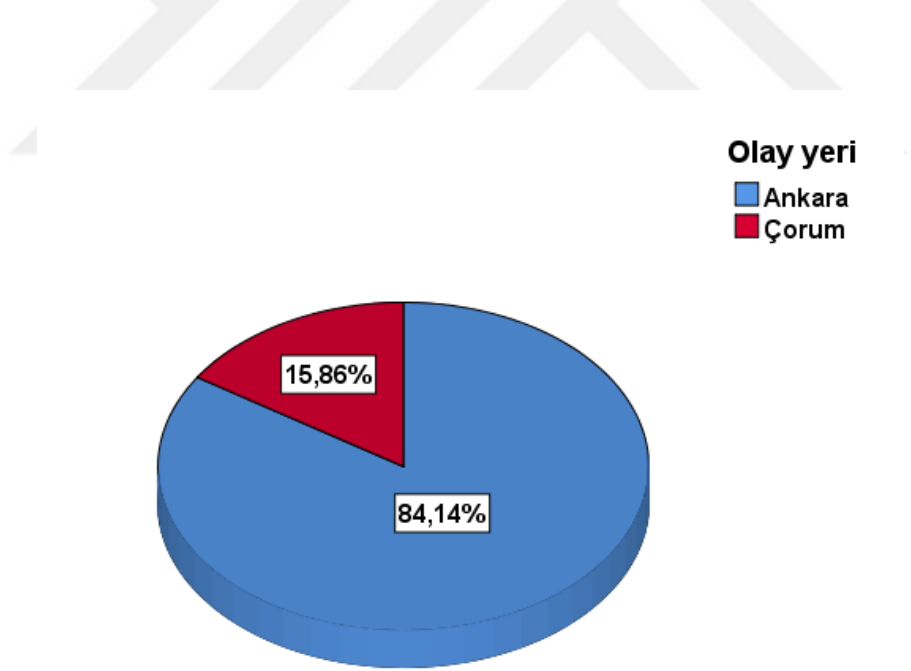
Araştırmada toplam 391 (dosya) adli olay olduğu belirlenmiştir. Araştırmaya alınan adli olayların %52,4 (n=205)'ünde DNA'nın profillendiği (DNA cevap verdi) ve %47,6

(n=186)'sında DNA'nın profillenmediği (DNA cevap vermedi) belirlenmiştir. Adli olaylarda olay yerine ilişkin tanımlayıcı istatistikleri Tablo 3.1'de sunulmuştur.

**Tablo 3.1.** Araştırmaya alınan adli olaylarda olay yerine ilişkin tanımlayıcı istatistikler

	n	Yüzde (%)	
<b>Olay yeri</b>	Ankara	329	84,1
	Çorum	62	15,9
<b>Toplam</b>	<b>391</b>	<b>100</b>	

Adli olaylarda olay yerine ilişkin dağılımı gösteren daire grafiği Şekil 3.1'de verilmiştir.



**Şekil 3.1.** Adli olaylarda olay yerine ilişkin dağılımı gösteren daire grafiği

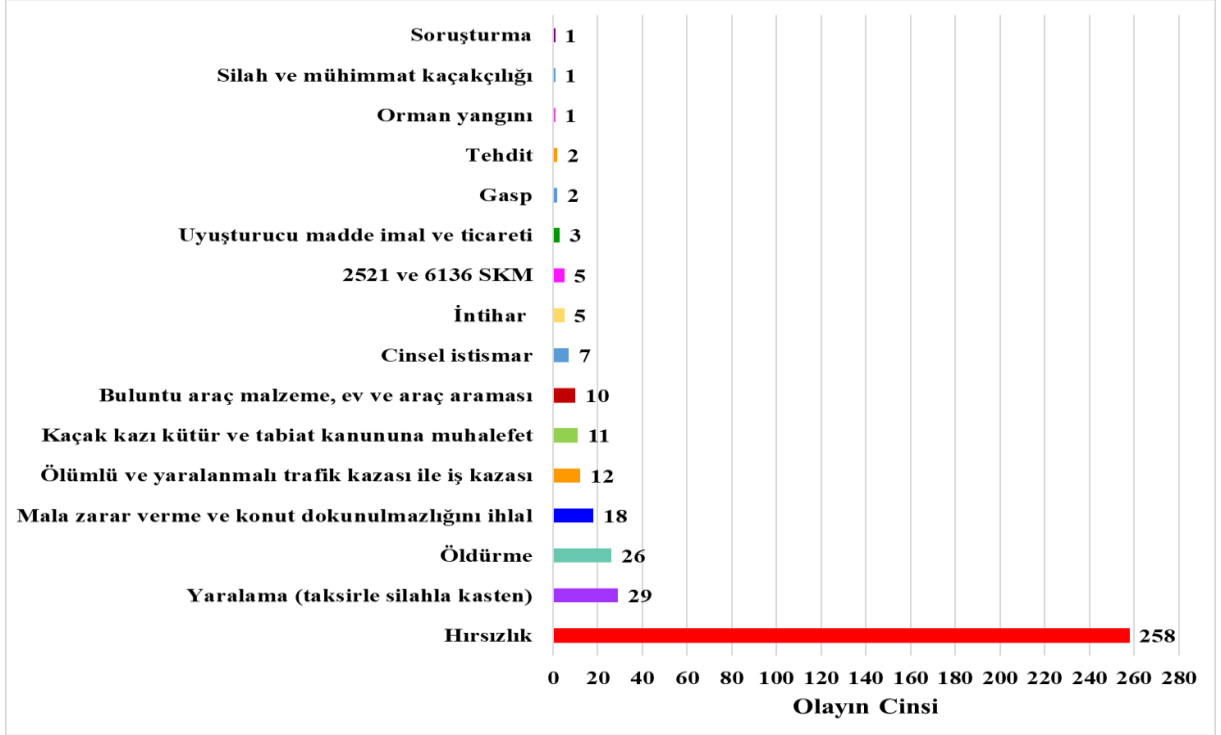


Adli olaylarda olayın cinsine ilişkin tanımlayıcı istatistikleri Tablo 3.2'de sunulmuştur.

**Tablo 3.2.** Araştırmaya alınan adli olaylarda olayın cinsine ilişkin tanımlayıcı istatistikler

	n	Yüzde (%)
Hırsızlık (oto, evden bağ ve bahçeden, işyerinden )	258	66
Mala zarar verme ve konut dokunulmazlığını ihlal	18	4,6
Ölümlü ve yaralanmalı trafik kazası ile iş kazası	12	3,1
Yaralama (taksirle, silahla, kasten)	29	7,4
Uyuşturucu madde imal ve ticareti	3	0,8
Cinsel istismar (cinsel saldırı, çocuğun cinsel istismarı)	7	1,8
Kaçak kazı ile Kültür ve Tabiat Kanununa Muhalefet	11	2,8
<b>Olayın cinsi</b>		
İntihar (intihara teşebbüs yüksekten düşme)	5	1,3
Gasp	2	0,5
Öldürme (ateşli silahla, kasten, kasten adam öldürmeye teşebbüs, şüpheli ölüm)	26	6,6
Buluntu araç malzeme, ev ve araç araması	10	2,6
Orman yangını	1	0,3
Silah ve mühimmat kaçakçılığı	1	0,3
Tehdit	2	0,5
2521 ve 6136 SKM	5	1,3
Soruşturma	1	0,3
<b>Toplam</b>	<b>391</b>	<b>100</b>

Adli olaylarda olayın cinsine ilişkin dağılımını gösteren çubuk grafiği Şekil 3.2'de gösterilmiştir.



Şekil 3.2. Adli olaylarda olayın cinsine ilişkin dağılımı gösteren çubuk grafiği

Araştırmaya alınan adli olaylarda süreye ilişkin tanımlayıcı istatistikler Tablo 3.3'de sunulmuştur.

Tablo 3.3. Araştırmaya alınan adli olaylarda süreye ilişkin tanımlayıcı istatistikler

	n	Yüzde (%)
Süre	0-5 gün	4,9
	6-10 gün	24,3
	11-20 gün	44,5
	21-30 gün	14,6
	30 gün ve üzeri	11,8
<b>Toplam</b>	<b>391</b>	<b>100</b>

Araştırmaya alınan adli olaylarda DNA'nın herhangi biri ile eşleşme durumuna ilişkin tanımlayıcı istatistikleri Tablo 3.4'de sunulmuştur.

**Tablo 3.4.** Araştırmaya alınan adli olaylarda DNA'nın herhangi biri ile eşleşme durumuna ilişkin tanımlayıcı istatistikler

		<b>N</b>	<b>Yüzde (%)</b>
<b>Herhangi biri ile eşleşme durumu</b>	Eşleşmedi	218	55,8
	Eşleşti	173	44,2
<b>Toplam</b>		<b>391</b>	<b>100</b>

Numune sayısına göre araştırmaya alınan adli olaylarda bulgunun cinsine ilişkin tanımlayıcı istatistikler Tablo 3.5'de sunulmuştur.

**Tablo 3.5.** Araştırmaya alınan adli olaylarda bulgunun cinsine ilişkin tanımlayıcı istatistikler

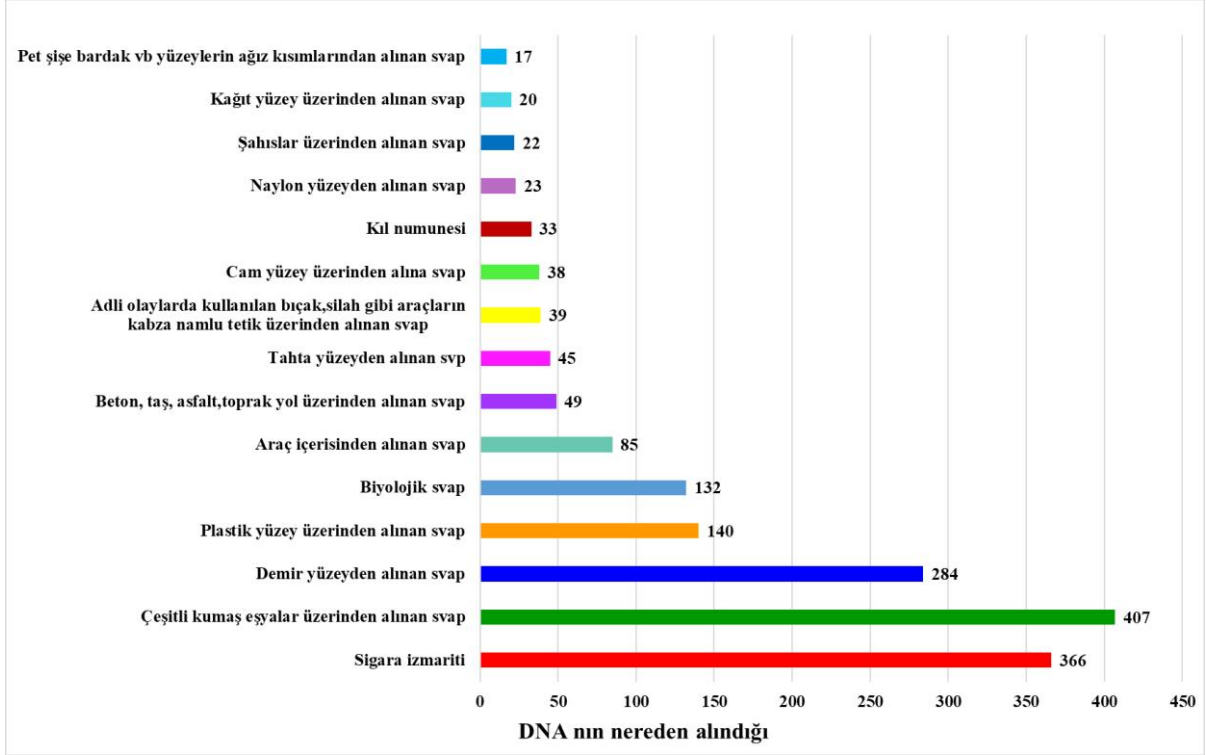
		<b>N</b>	<b>Yüzde (%)</b>
<b>Bulgunun Cinsi</b>	Kıl	34	2
	Kan	225	13,2
	Semen	10	0,6
	Biyolojik svap ve leke svabı	1.431	84,2
	<b>Toplam</b>	<b>1.700</b>	<b>100</b>

Numune sayısına göre arařtırmaya alınan adli olaylarda DNA'nın nereden alındığına ilişkin tanımlayıcı istatistikler Tablo 3.6'da sunulmuřtur.

**Tablo 3.6.** Arařtırmaya alınan adli olaylarda DNA'nın nereden alındığına ilişkin tanımlayıcı istatistikler

	N	Yüzde (%)
Sigara izmariti	366	21,5
Demir yüzeyden alınan svap	284	16,7
Plastik yüzey üzerinden alınan svap	140	8,2
Beton, tař, asfalt, toprak yol üzerinden alınan svap	49	2,9
Çeřitli kumař eřyalar üzerinden alınan svap	407	23,9
Kıl numunesi	33	1,9
Araç ierisinden alınan svap	85	5,0
Tahta yüzeyden alınan svp	45	2,6
Naylon yüzeyden alınan svap	23	1,4
Pet řiře bardak vb yüzeylerin ağız kısımlarından alınan svap	17	1,0
řahıslar üzerinden alınan svap	22	1,3
Adli olaylarda kullanılan bıak, silah gibi araların kabza namlu tetik üzerinden alınan svap	39	2,3
Cam yüzey üzerinden alınan svap	38	2,2
Kâğıt yüzey üzerinden alınan svap	20	1,2
Biyolojik svap	132	7,8
<b>Toplam</b>	<b>1.700</b>	<b>100</b>

Adli olaylarda DNA'nın nereden alındığına ilişkin dağılımı gösteren çubuk grafiği Şekil 3.3'de verilmiştir.



**Şekil 3.3.** Adli olaylarda DNA'nın nereden alındığına ilişkin dağılımı gösteren çubuk grafiği

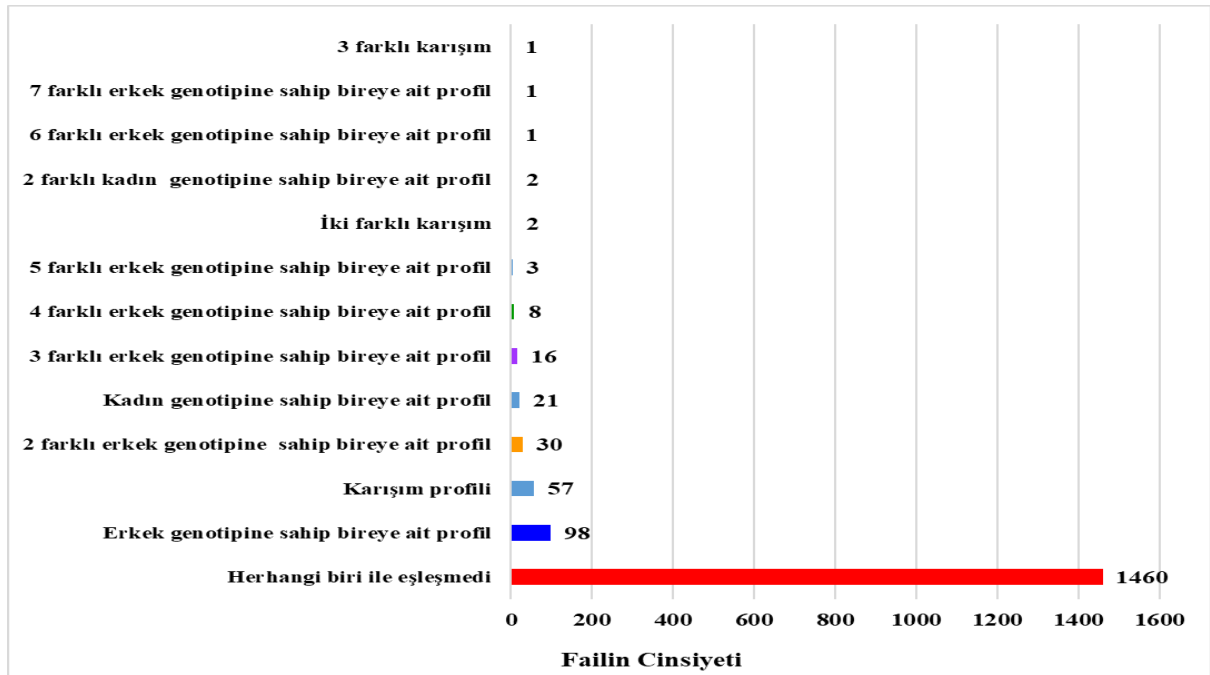
Numune sayısına göre araştırmaya alınan adli olaylarda failin cinsiyetine ilişkin tanımlayıcı istatistikler Tablo 3.7'de sunulmuştur.

**Tablo 3.7.** Araştırmaya alınan adli olaylarda failin cinsiyetine ilişkin tanımlayıcı istatistikler

	N	Yüzde (%)	
<b>Failin cinsiyeti</b>	Herhangi biri ile eşleşmedi	1460	85,9
	Erkek genotipine sahip bireye ait profil	98	5,8
	2 farklı erkek genotipine sahip bireye ait profil	30	1,8
	3 farklı erkek genotipine sahip bireye ait profil	16	0,9

4 farklı erkek genotipine sahip bireye ait profil	8	0,5
Kadın genotipine sahip bireye ait profil	21	1,2
Karışım profili	57	3,4
5 farklı erkek genotipine sahip bireye ait profil	3	0,2
İki farklı karışım	2	0,1
2 farklı kadın genotipine sahip bireye ait profil	2	0,1
6 farklı erkek genotipine sahip bireye ait profil	1	0,1
7 farklı erkek genotipine sahip bireye ait profil	1	0,1
3 farklı karışım	1	0,1
<b>Toplam</b>	<b>1.700</b>	<b>100</b>

Adli olaylarda failin cinsiyetine ilişkin dağılımı gösteren çubuk grafiği Şekil 3.4'de verilmiştir.



Şekil 3.4. Adli olaylarda failin cinsiyetine ilişkin dağılımı gösteren çubuk grafiği

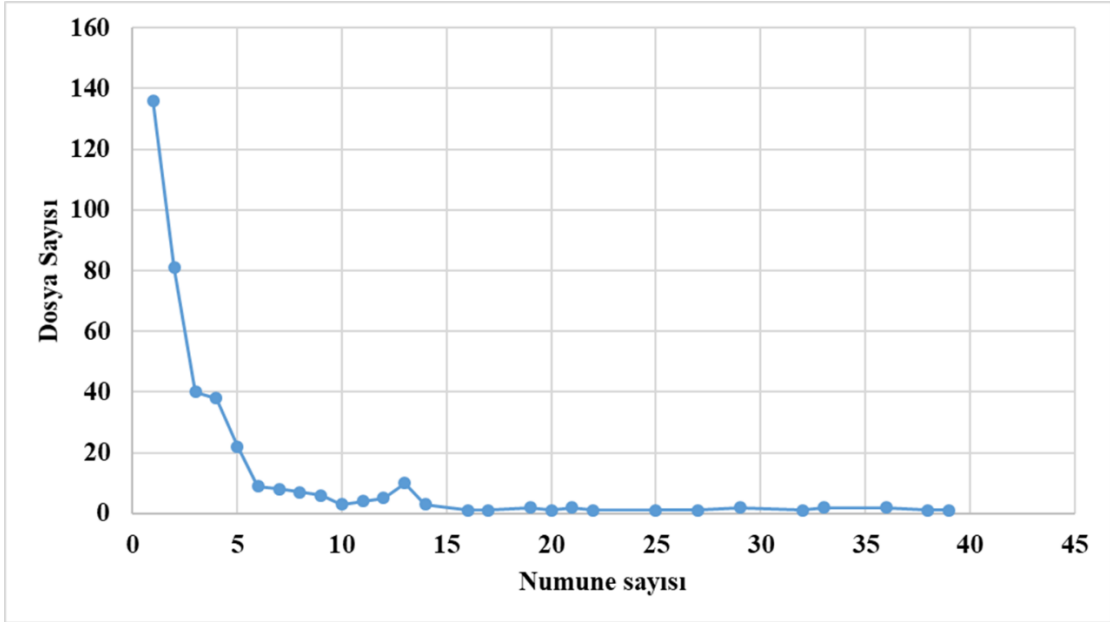
Numune sayılarına ilişkin dosya sayısı ve dosya yüzdesi Tablo 3.8'de sunulmuştur.

**Tablo 3.8.** Numune sayılarına ilişkin dosya sayısı ve dosya yüzdesi

	<b>Dosya sayısı</b>	<b>Dosya Yüzdesi (%)</b>
1	136	34,8
2	81	20,7
3	40	10,2
4	38	9,7
5	22	5,6
6	9	2,3
7	8	2,0
8	7	1,8
9	6	1,5
10	3	0,8
11	4	1,0
12	5	1,3
<b>Numune Sayısı</b>		
13	10	2,6
14	3	0,8
16	1	0,3
17	1	0,3
19	2	0,5
20	1	0,3
21	2	0,5
22	1	0,3
25	1	0,3
27	1	0,3
29	2	0,5
32	1	0,3

33	2	0,5
36	2	0,5
38	1	0,3
39	1	0,3
<b>Toplam</b>	<b>391</b>	<b>100</b>

Numune sayılarına göre dosya sayılarının dağılımına ilişkin çizgi grafiği Şekil 3.5'de verilmiştir.



**Şekil 3.5.** Numune sayılarına göre dosya sayılarının dağılımına ilişkin çizgi grafiği

DNA'nın profillenme durumları (cevap verdi ve vermedi) arasında numune sayılarının karşılaştırılması Tablo 3.9'da sunulmuştur. DNA'nın profillenme durumlarına ilişkin gruplar arasında numune sayıları istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P < 0,001$ ).

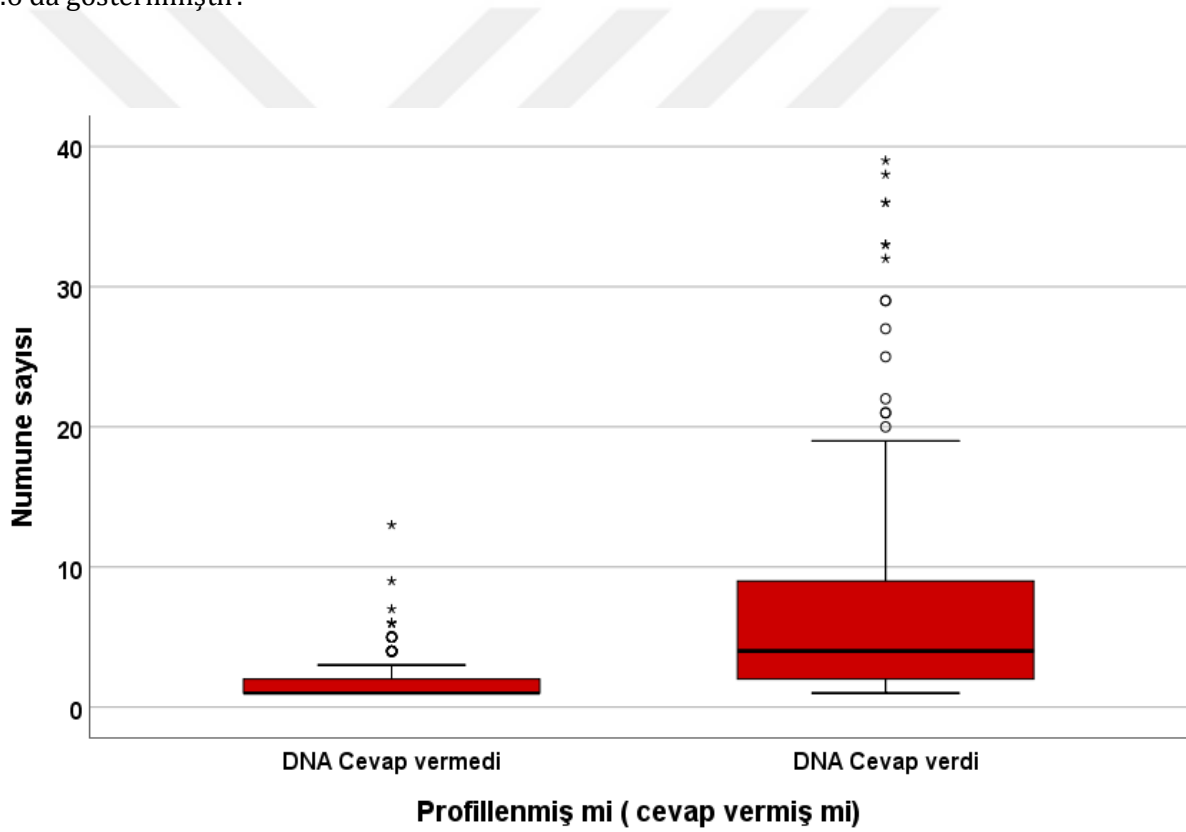


**Tablo 3.9.** DNA'nın profillenme durumları (cevap verdi ve vermedi) arasında numune sayılarının karşılaştırılması

Profillenmiş mi?	N	Ort $\pm$ SS	Medyan (min-max)	P değeri
DNA Cevap vermedi	205	1,98 $\pm$ 1,554	1 (1-13)	<b>&lt;0,001</b>
DNA Cevap verdi	186	7,06 $\pm$ 7,945	4 (1-39)	

Mann Whitney U test

DNA profillenme durumuna göre numune sayısı dağılımını gösteren box-plot grafiği Şekil 3.6'da gösterilmiştir.



**Şekil 3.6.** DNA profillenme durumuna göre numune sayısı dağılımını gösteren box-plot grafiği

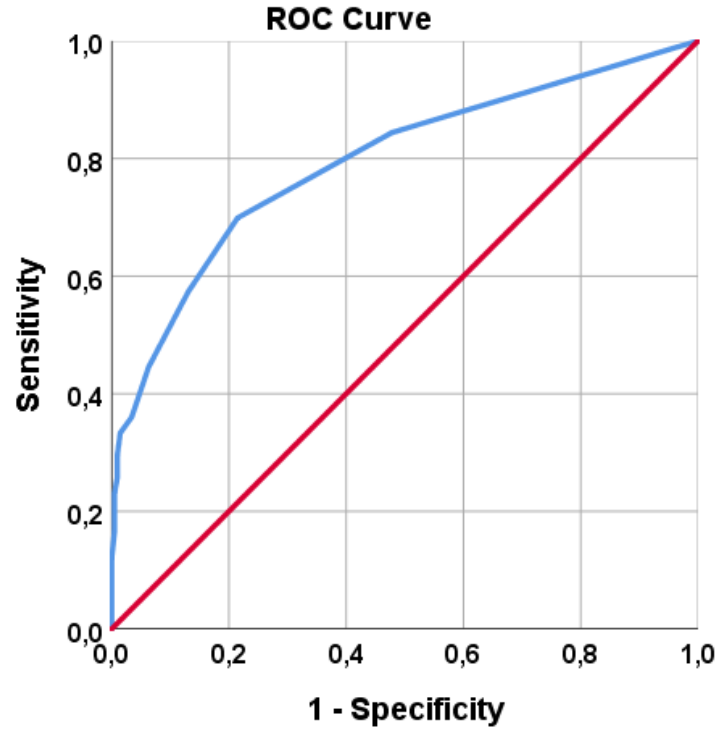
ROC analizi ile elde edilen %95 güven aralıkları ile birlikte AUC değerleri ve cut-off değerleri kullanılarak hesaplanan duyarlılık, seçicilik, pozitif-negatif prediktif değerleri Tablo 3.10'da sunulmuştur. ROC analizi sonucunda numune sayısı profillenme öngörüsünde anlamlı olarak bulunmuştur (AUC= 0,794 (0,749-0,839);  $P < 0,001$ , Tablo 3.10). Numune sayısı için kesim

noktası 2,5 olarak bulunmuştur. Bu kesim noktası için sınıflama başarısı; duyarlılık %69,8 ve seçicilik %78,5 olarak bulunmuştur. ROC eğrisi Şekil 3.7’de sunulmuştur.

**Tablo 3.10.** Profillenme öngörüsünde numune sayısının ROC analiz sonuçları ve duyarlılık (sensitivity), seçicilik (specificity), pozitif prediktif değer (PPD) ve negatif prediktif değer (NPD) sonuçları

	Numune Sayısı
<b>AUC</b>	
(95% GA)	0,794 (0,749-0,839)
<b>P değeri</b>	<b>&lt;0,001</b>
<b>Kesim noktası (Cut off)</b>	≥ 2,5
<b>Duyarlılık (Sensitivity)</b>	0,698
(95% GA)	(0,626-0,762)
<b>Seçicilik (Specificity)</b>	0,785
(95% GA)	(0,721-0,838)
<b>PPD</b>	0,747
(95% GA)	(0,674-0,808)
<b>NPD</b>	0,741
(95% GA)	(0,677-0,797)

PPD: pozitif prediktif değer, NPD: negatif prediktif değer, AUC: Eğri altında kalan alan, GA: güven aralığı



Şekil 3.7. Profillenme öngörüsünde numune sayısı için ROC eğrisi

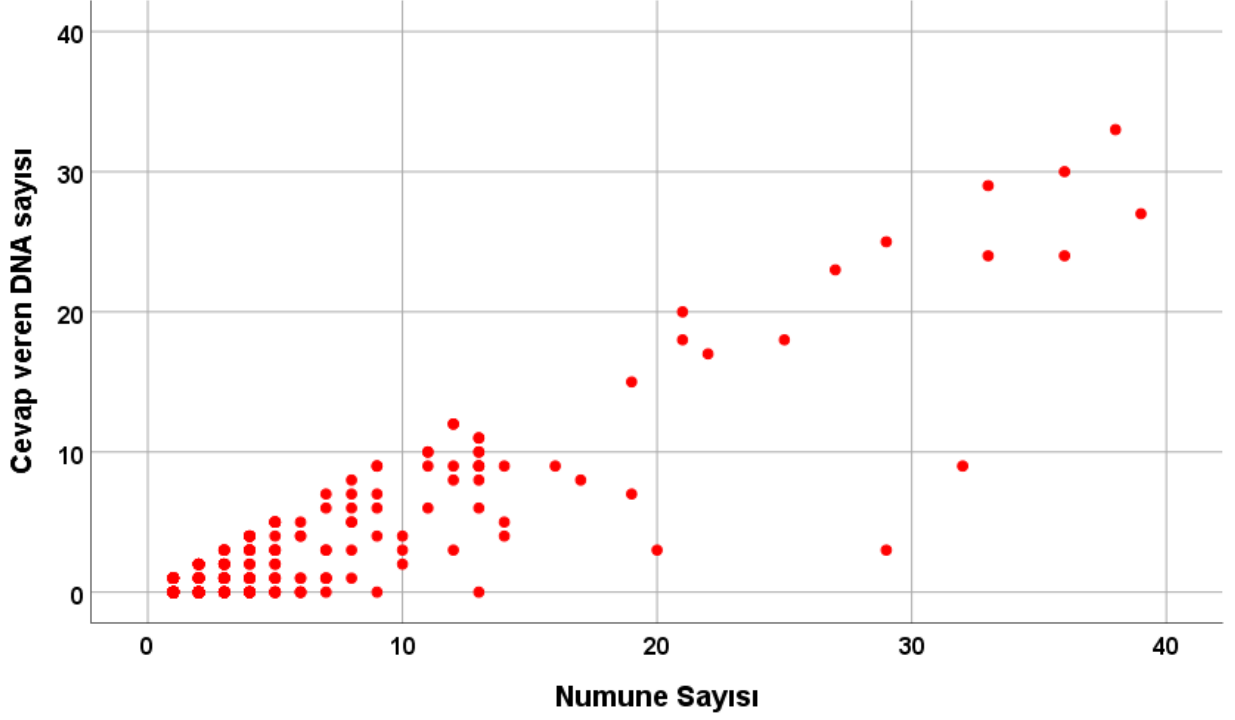
Numune sayısı ile cevap veren DNA sayısı ve DNA başarı yüzdesi arasındaki korelasyon analizi sonuçları Tablo 3.11’de verilmiştir. Numune sayısı ile cevap veren DNA sayısı arasında pozitif yönde, orta düzeyde istatistiksel olarak anlamlı bir korelasyon bulunmuştur ( $r=0,659$   $P<0,001$ ; Tablo 3.11). Numune sayısı ile DNA başarı yüzdesi arasında pozitif yönde, zayıf düzeyde istatistiksel olarak anlamlı bir korelasyon bulunmuştur ( $r=0,392$   $P<0,001$ ; Tablo 3.11).

**Tablo 3.11.** Numune sayısı ile cevap veren DNA sayısı ve DNA başarı yüzdesi arasındaki korelasyon analizi sonuçları

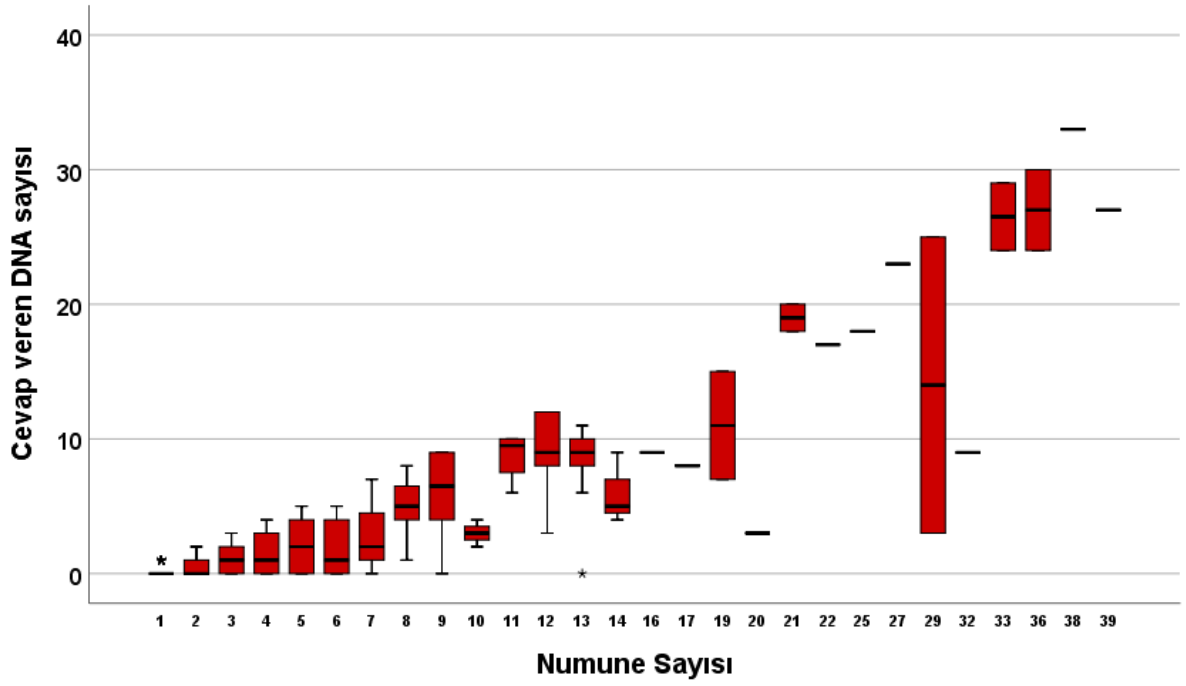
		Cevap veren DNA sayısı	DNA başarı yüzdesi
Numune Sayısı	R	<b>0,659**</b>	<b>0,392**</b>
	P	<b>&lt;0,001</b>	<b>&lt;0,001</b>

Spearman korelasyon katsayısı

Numune sayısına göre cevap veren DNA sayısının dağılımını gösteren saçılım grafiği ve box-plot grafiği sırasıyla Şekil 3.8 ve Şekil 3.9'da sunulmuştur.

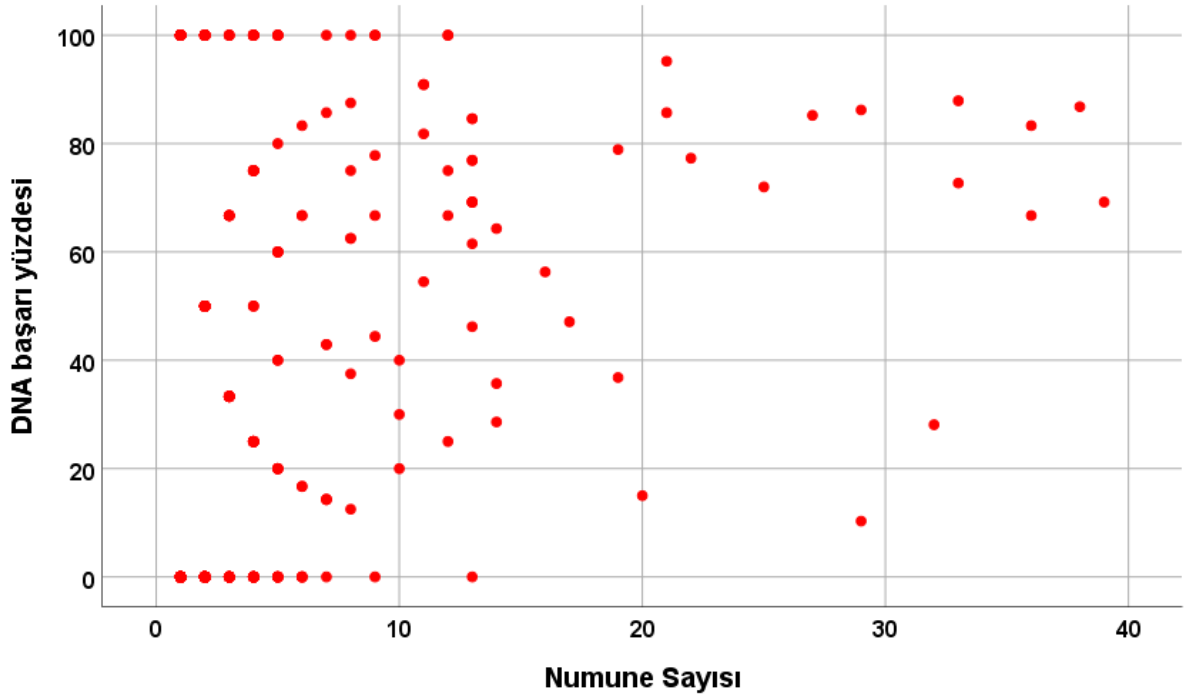


Şekil 3.8. Numune sayısına göre cevap veren DNA sayısının dağılımını gösteren saçılım grafiği

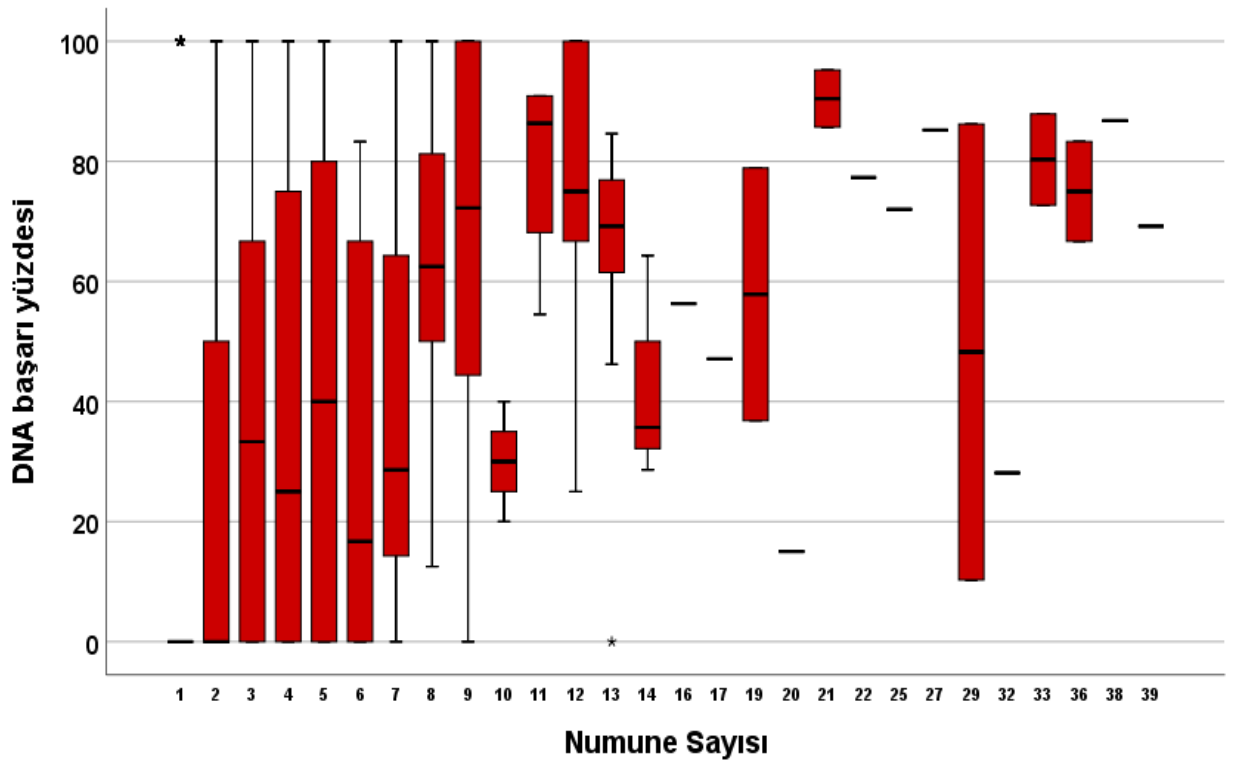


**Şekil 3.9.** Numune sayısına göre cevap veren DNA sayısının dağılımını gösteren box-plot grafiği

Numune sayısına göre DNA başarı yüzdesinin dağılımını gösteren saçılım grafiği ve box-plot grafiği sırasıyla Şekil 3.10 ve Şekil 3.11’de sunulmuştur.



Şekil 3.10. Numune sayısına göre DNA başarı yüzdesinin dağılımını gösteren saçılım grafiği



Şekil 3.11. Numune sayısına göre DNA başarı yüzdesinin dağılımını gösteren box-plot grafiği

Numune sayısına ilişkin gruplar arasında cevap veren DNA sayısı ve DNA başarı yüzdesinin karşılaştırılması Tablo 3.12’de sunulmuştur. Numune sayısına ilişkin gruplar arasında cevap veren DNA sayısı ve DNA başarı yüzdesi istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur (Sırasıyla,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ; Tablo 3.12).

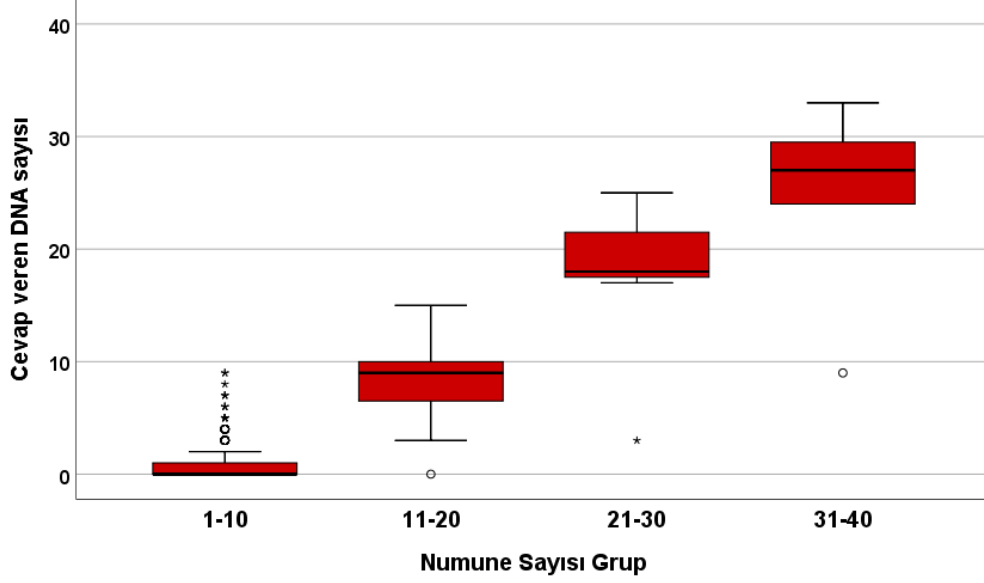
Post-hoc test sonuçlarına göre numune sayısı 1-10 arasında olan grubun cevap veren DNA sayısının, numune sayısı 11-20, 21-30 ve 31-40 arasında olan gruplarının cevap veren DNA sayısından anlamlı daha düşük olduğu belirlenmiştir (Sırasıyla,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ; Tablo 3.12). Numune sayısı 1-10 arasında olan grubun DNA başarı yüzdesinin, numune sayısı 11-20, 21-30 ve 31-40 arasında olan grupların DNA başarı yüzdesinden anlamlı daha düşük olduğu belirlenmiştir (Sırasıyla,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ; Tablo 3.12).

**Tablo 3.12.** Numune sayısına ilişkin gruplar arasında cevap veren DNA sayısı ve DNA başarı yüzdesinin karşılaştırılması

	Numune Sayısı				P value	Post-Hoc P değeri
	1-10	11-20	21-30	31-40		
	(n=350)	(n=27)	(n=7)	(n=7)		
	(1)	(2)	(3)	(4)		
						1-2:<0,001
						1-3:<0,001
<b>Cevap veren DNA sayısı</b>	0,94±1,60 0 (0-9)	8,22±3,21 9 (0-15)	17,71±7,11 18 (3-25)	25,14±7,81 27 (9-33)	<0,001	1-4:<0,001 2-3:1,000 2-4:1,000 3-4:1,000
						1-2:<0,001
						1-3:0,032
<b>DNA başarı yüzdesi</b>	28,72±39,30 0 (0-100)	62,43±25,92 69,2 (0-100)	73,12±28,65 85,2 (10,3-95,2)	70,67±20,61 72,7 (28,1-87,9)	<0,001	1-4:0,023 2-3:1,000 2-4:1,000 3-4:1,000

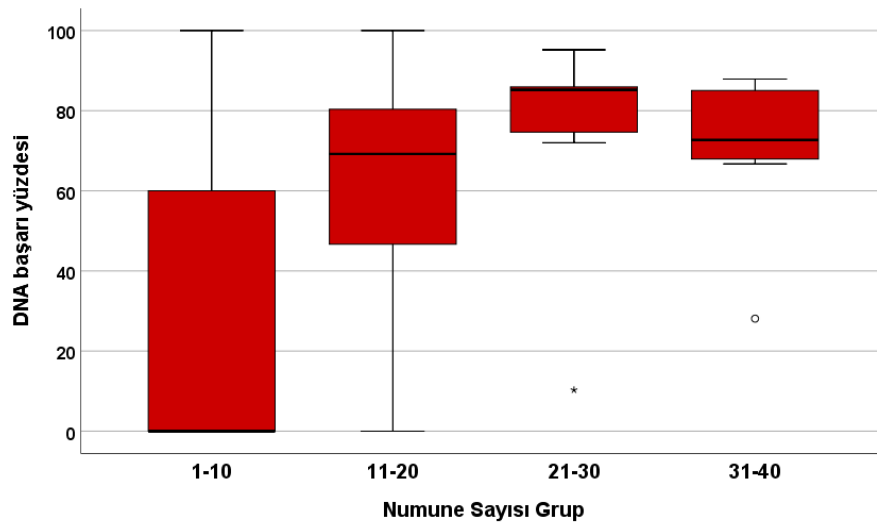
Kruskal Wallis Test

Numune sayısına ilişkin gruplar arasında cevap veren DNA sayısı dağılımını gösteren box-plot grafiği Şekil 3.12’de sunulmuştur.



**Şekil 3.12.** Numune sayısına ilişkin gruplar arasında cevap veren DNA sayısı dağılımını gösteren box-plot grafiği

Numune sayısına ilişkin gruplar arasında DNA başarı yüzdesi dağılımını gösteren box-plot grafiği Şekil 3.13’de sunulmuştur.



**Şekil 3.13.** Numune sayısına ilişkin gruplar arasında DNA başarı yüzdesi dağılımını gösteren box-plot grafiği



DNA'nın profillenme durumu arasında olay yeri oranları karşılaştırmaları Tablo 3.13'de sunulmuştur. DNA'nın profillenme durumu arasında olay yeri oranları istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P=0,019$ ; Tablo 13).

**Tablo 3.13.** DNA'nın profillenme durumları arasında olay yeri oranlarının karşılaştırılması

		Profillenmiş mi?			Toplam P değeri
		DNA Cevap vermedi	DNA Cevap verdi	Toplam	
Olay yeri	Ankara	N	164	165	329
		%	49,8%	50,2%	100%
	Çorum	N	41	21	62
		%	66,1%	33,9%	100%
Toplam	N	205	186	391	
	%	52,4%	47,6%	100%	

Ki-kare test

DNA'nın profillenme durumlarına göre olayın cinsine ilişkin tanımlayıcı istatistikler Tablo 3.14'de sunulmuştur.

**Tablo 3.14.** DNA'nın profillenme durumlarına göre olayın cinsine ilişkin tanımlayıcı istatistikler

		Profillenmiş mi?			Toplam
		DNA Cevap vermedi	DNA Cevap verdi	Toplam	
Olayın cinsi	Hırsızlık (oto, evden bağ ve bahçeden, işyerinden)	n	161	97	258
		%	62,4%	37,6%	100%
	Mala zarar verme ve konut dokunulmazlığını ihlal	n	14	4	18
		%	77,8%	22,2%	100%
	Ölümlü ve yaralanmalı trafik kazası ile iş kazası	n	2	10	12
		%	16,7%	83,3%	100%

Yaralama (taksirle silahla kasten)	n	9	20	29
	%	31%	69%	100%
Uyuşturucu madde imal ve ticareti	n	1	2	3
	%	33,3%	66,7%	100%
Cinsel istismar (cinsel saldırı, çocuğun cinsel istismarı)	n	1	6	7
	%	14,3%	85,7%	100%
Kaçak kazı ile kültür ve tabiat kanununa muhalefet	n	2	9	11
	%	18,2%	81,8%	100%
İntihar (intihara teşebbüs, yüksekten düşme)	n	1	4	5
	%	20%	80%	100%
Gasp	n	1	1	2
	%	50%	50%	100%
Öldürme (ateşli silahla, kasten, kasten adam öldürmeye teşebbüs, şüpheli ölüm)	n	5	21	26
	%	19,2%	80,8%	100%
Buluntu araç, malzeme, ev ve araç araması	n	3	7	10
	%	30%	70%	100%
Orman yangını	n	0	1	1
	%	0%	100%	100%
Silah ve mühimmat kaçakçılığı	n	0	1	1
	%	0%	100%	100%
Tehdit	n	1	1	2
	%	50%	50%	100%
2521 ve 6136 SKM	n	4	1	5
	%	80%	20%	100%
Soruşturma	n	0	1	1
	%	0%	100%	100%
<b>Toplam</b>	n	205	186	391
	%	52,4%	47,6%	100%

DNA'nın profillenme durumu arasında süreye ilişkin oran karşılaştırmaları Tablo 3.15'de sunulmuştur. DNA'nın profillenme durumu arasında süreye ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı olmadığı belirlenmiştir ( $P=0,061$ ; Tablo 3.15).

**Tablo 3.15.** DNA'nın profillenme durumları arasında süreye ilişkin oran karşılaştırmaları

		Profillenmiş mi?		Toplam	P değeri
		DNA Cevap vermedi	DNA Cevap verdi		
Süre	0-5 gün	N	8	11	19
		%	42,1%	57,9%	100%
	6-10 gün	N	40	55	95
		%	42,1%	57,9%	100%
	11-20 gün	N	98	76	174
		%	56,3%	43,7%	100%
	21-30 gün	N	29	28	57
		%	50,9%	49,1%	100%
	30 gün ve üzeri	N	30	16	46
		%	65,2%	34,8%	100%
Toplam	N	205	186	391	
	%	52,4%	47,6%	100%	

0,061

Ki-kare Test

DNA'nın profillenme durumu arasında herhangi biri ile eşleşme durumuna ilişkin oran karşılaştırmaları Tablo 3.16' da verilmiştir. DNA'nın profillenme durumu arasında herhangi biri ile eşleşme durumuna ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P<0,001$ ; Tablo 3.16).

**Tablo 3.16.** DNA'nın profillenme durumu arasında herhangi biri ile eşleşme durumuna ilişkin oran karşılaştırmaları

		Profillenmiş mi?			Toplam P değeri
		DNA Cevap vermedi	DNA Cevap verdi		
Herhangi bir kişi ile eşleşip eşleşmediği	Eşleşmedi	n	205	13	<b>&lt;0,001</b>
		%	94%	6%	
	Eşleşti	n	0	173	
		%	0%	100%	
<b>Toplam</b>	n	205	186	391	
	%	52,4%	47,6%	100%	

Ki-kare test

DNA profillenme durumunu etkileyen faktörleri belirlemek amacıyla yapılan Tek değişkenli (Univariate Binary) ve Çoklu (Multiple Binary) Lojistik Regresyon analizi sonuçları ile birlikte istatistiksel olarak anlamlı bulunan her bir parametre için odds ratio (OR) ve %95 güven aralıkları Tablo 3.17'de verilmiştir. Tek değişkenli modelde olay yeri, kan ve numune sayısının istatistiksel olarak anlamlı olduğu belirlenmiştir ( $P=0,020$ ,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ). Tek değişkenli modelde OR (%95 CI) olay yeri için 1,96 (1,11 - 3,46), kan parametresi için 16,03 (5,64-45,6) ve numune sayısı için 1,624 (1,422 - 1,854) olarak belirlenmiştir (Tablo 3.17). Çoklu modelde ise olay yeri, kan ve numune sayısının, istatistiksel olarak anlamlı olduğu belirlenmiştir ( $P=0,048$ ,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ). İstatistiksel olarak anlamlı bulunan olay yeri parametresi için OR (%95 CI): 2,04 (1,00-4,14), kan parametresi için OR (%95 CI): 13,95 (4,47-43,47) ve süre için OR (%95 CI): 1,58 (1,38-1,81) olduğu belirlenmiştir.

**Tablo 3.17.** Profillenme öngörüsünde etkili olan risk faktörlerini belirlemek için yapılan tek değişkenli ve çoklu ikili lojistik regresyon analizi sonuçları

		Tek Değişkenli		Çoklu	
		P values	OR (GA 95%)	P values	OR (GA 95%)
<b>Olay yeri</b>	Ankara vs. Çorum	0,020	1,96 (1,11 - 3,46)	0,048	2,04 (1,00- 4,14)
<b>Kıl</b>	Var vs.Yok	0,245	-	de	-
<b>Kan</b>	Var vs.Yok	<0,001	16,03 (5,64- 45,6)	<0,001	13,95 (4,47- 43,47)
<b>Semen</b>	Var vs.Yok	0,999	-	de	-
<b>Biyolojik svap ve leke svabı</b>	Var vs.Yok	0,093	-	de	-
<b>Süre</b>	6-10 gün vs. 0-5 gün	1,000	-	de	-
	11-20 gün vs. 0-5 gün	0,242	-	de	-
	21-30 gün vs. 0-5 gün	0,509	-	de	-
	30 gün ve üzeri vs. 0-5 gün	0,090	-	de	-
<b>Numune Sayısı</b>		<0,001	1,624 (1,422 - 1,854)	<0,001	1,58 (1,38- 1,81)
<b>Herhangi bir kişi ile eşleşip eşleşmediği</b>	Eşleşti vs. eşleşmedi	0,994	-	de	-

Çoklu model:

Nagelkerke R kare=0,444, Sınıflama başarısı: %75,7

de: dahil edilmedi, OR: Odds oranı, GA: Güven aralığı

Olayın cinsine göre her bir bulgu cinsindeki cevap veren DNA sayılarına ilişkin tanımlayıcı istatistikler Tablo 3.18’de verilmiştir.

**Tablo 3.18.** Olayın cinsine göre her bir bulgu cinsindeki cevap veren DNA sayılarına ilişkin tanımlayıcı istatistikler

Olayın cinsi	Kıl	Kan	Semen	Biyolojik svap ve lekesvabı
	Ort ±SS (n=)	Ort ±SS (n=)	Ort ±SS (n=)	Ort ±SS (n=)
Hırsızlık (oto, evden, bağ ve bahçeden, işyerinden )	4,40±9,35 (n=10)	7,71±10,38 (n=7)	- (n=0)	1,31±3,51 (n=255)
Mala zarar verme ve konut dokunulmazlığını ihlal	- (n=0)	- (n=0)	- (n=0)	0,67±2,11 (n=18)
Ölümlü ve yaralanmalı trafik kazası ile iş kazası	1±0 (n=1)	2±2,87 (n=8)	- (n=0)	2,22±2,94 (n=9)
Yaralama(taksirle, silahla, kasten)	- (n=0)	3,94±5,72 (n=18)	- (n=0)	2,90±5,42 (n=21)
Uyuşturucu madde imal ve ticareti	- (n=0)	- (n=0)	- (n=0)	8,67±14,15 (n=3)
Cinsel istismar(cinsel saldırı, çocuğun cinsel istismarı)	20,5±4,95 (n=2)	- (n=0)	16±11,31 (n=2)	9,43±8,69 (n=7)
Kaçak kazı ve Kütür ve Tabiat Kanununa Muhalefet	18±0 (n=1)	- (n=0)	- (n=0)	8±8,30 (n=11)
İntihar(intihara teşebbüs, yüksekten düşme)	- (n=0)	4±0 (n=1)	- (n=0)	1,60±1,51 (n=5)
Gasp	8±0 (n=1)	- (n=0)	- (n=0)	4±5,65 (n=2)

Öldürme(ateşli silahla, kasten, kasten adam öldürmeye teşebbüs, şüpheli ölüm)	19±1,41 (n=2)	7,73±8,98 (n=15)	- (n=0)	6,13±8,02 (n=24)
Buluntu araç malzeme, ev ve araç araması	0±0 (n=1)	- (n=0)	- (n=0)	2,70±3,30 (n=10)
Orman yangını	- (n=0)	- (n=0)	- (n=0)	5±0 (n=1)
Silah ve mühimmat kaçakçılığı	- (n=0)	- (n=0)	- (n=0)	3±0 (n=1)
Tehdit	- (n=0)	- (n=0)	- (n=0)	1,5±2,12 (n=2)
2521 ve 6136 SKM	- (n=0)	- (n=0)	- (n=0)	1,40±3,13 (n=5)
Soruşturma	- (n=0)	- (n=0)	- (n=0)	10±0 (n=1)

Olay yeri grupları arasında numune sayılarının karşılaştırılması Tablo 3.19'da verilmiştir. Olay yeri grupları arasında numune sayıları istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P=0,047$ ).

**Tablo 3.19.** Olay yeri grupları arasında numune sayılarının karşılaştırılması

Olay yeri	N	Ort ±SS	Medyan (min-max)	P değeri
<b>Çorum</b>	62	3,29±4,72	2 (1-32)	<b>0,047</b>
<b>Ankara</b>	329	4,60±6,35	2 (1-39)	

Mann Whitney U test

Olayın cinsine göre olay yeri oranlarının karşılaştırmaları Tablo 3.20'de verilmiştir. Olayın cinsi grupları arasında olay yeri oranları istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P=0,048$ ).

**Tablo 3.20.** Olayın cinsine göre olay yeri oranlarının karşılaştırmaları

		Olayyeri			P değeri
		Çorum	Ankara	Toplam	
Hırsızlık (otodan, evden, bağ ve bahçeden, işyerinden )	n	42	216	258	
	%	67,7%	65,7%	66%	
Mala zarar verme ve konut dokunulmazlığını ihlal	n	3	15	18	
	%	4,8%	4,6%	4,6%	
Ölümlü ve yaralanmalı trafik kazası ile iş kazası	n	0	12	12	
	%	0%	3,6%	3,1%	
Yaralama (taksirle silahla kasten)	n	7	22	29	
	%	11,3%	6,7%	7,4%	
Uyuşturucu madde imal ve ticareti	n	0	3	3	
	%	0%	0,9%	0,8%	
Olayın cinsi Cinsel istismar (cinsel saldırı, çocuğun cinsel istismarı)	n	4	3	7	0,048
	%	6,5%	0,9%	1,8%	
Kaçak kazı, kültür ve tabiat kanununa muhalefet	n	0	11	11	
	%	0%	3,3%	2,8%	
İntihar (intihara teşebbüs yüksekten düşme)	n	1	4	5	
	%	1,6%	1,2%	1,3%	
Gasp	n	0	2	2	
	%	0%	0,6%	0,5%	
Öldürme (ateşli silahla, kasten, kasten adam öldürmeye teşebbüs, şüpheli ölüm)	n	2	24	26	
	%	3,2%	7,3%	6,6%	
Buluntu araç, malzeme, ev ve araç araması	n	1	9	10	
	%	1,6%	2,7%	2,6%	



Orman yangını	n	1	0	1
	%	1,6%	0%	0,3%
Silah ve mühimmat kaçakçılığı	n	0	1	1
	%	0%	0,3%	0,3%
Tehdit	n	0	2	2
	%	0%	0,6%	0,5%
2521 ve 6136 SKM	n	0	5	5
	%	0%	1,5%	1,3%
Soruşturma	n	1	0	1
	%	1,6%	0%	0,3%
Toplam	n	62	329	391
	%	100%	100%	100%

Fisher's Exact Test

Olay yeri grupları arasında süreye ilişkin oranların karşılaştırılması Tablo 3.21'de verilmiştir. Olay yeri grupları arasında süreye ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P<0,001$ ).

**Tablo 3.21.** Olay yeri grupları arasında süreye ilişkin oranların karşılaştırılması

		Süre					Toplam	P değeri
		0-5 gün	6-10 gün	11-20 gün	21-30 gün	30 gün ve üzeri		
Olay yeri	Çorum	N	0	4	22	21	15	62
		%	0%	6,5%	35,5%	33,9%	24,2%	100%
	Ankara	N	19	91	152	36	31	329
		%	5,8%	27,7%	46,2%	10,9%	9,4%	100%
Toplam	N	19	95	174	57	46	391	
	%	4,9%	24,3%	44,5%	14,6%	11,8%	100%	

Chi-Square

Süre grupları arasında DNA başarı yüzdelerinin ve cevap veren DNA sayılarının karşılaştırılması Tablo 3.22’de verilmiştir. Süre grupları arasında DNA başarı yüzdeleri ve cevap veren DNA sayıları istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunamamıştır ( $P=0,141$ ;  $P=0,098$ ).

**Tablo 3.22.** Süre grupları arasında DNA başarı yüzdelerinin ve cevap veren DNA sayılarının karşılaştırılması

Süre	DNA başarı yüzdesi				Cevap veren DNA sayısı			
	N	Ort $\pm$ SS	Medyan (min-max)	P değeri	N	Ort $\pm$ SS	Medyan (min-max)	P değeri
0-5 gün	19	37,17 $\pm$ 40,62	28,6 (0-100)	0,141	19	3,95 $\pm$ 6,05	1 (0-20)	0,098
6-10 gün	95	38,05 $\pm$ 39,52	33,3 (0-100)		95	2,33 $\pm$ 4,41	1 (0-27)	
11-20 gün	174	31,87 $\pm$ 40,65	0 (0-100)		174	2,21 $\pm$ 5,16	0 (0-33)	
21-30 gün	57	33,21 $\pm$ 39,18	0 (0-100)		57	1,84 $\pm$ 3,83	0 (0-25)	
30 gün ve üzeri	46	21,36 $\pm$ 35,75	0 (0-100)		46	1,46 $\pm$ 3,97	0 (0-24)	

Kruskal Wallis test

Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan kıla ilişkin oranların karşılaştırılması Tablo 3.23’de sunulmuştur. Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan kıla ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunamamıştır ( $P=0,504$ ).

**Tablo 3.23.** Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan kıla ilişkin oranların karşılaştırılması

Olay yeri		Kıl		Toplam	P değeri
		Yok	Var		
Çorum	N	58	4	62	0,504
	%	93,5%	6,5%	100%	
	N	315	14	329	
	%	95,7%	4,3%	100%	

Toplam	N	373	18	391
	%	95,4%	4,6%	100,0%

Fisher's Exact Test

Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan kana ilişkin oranların karşılaştırılması Tablo 3.24'de sunulmuştur. Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan kana ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunamamıştır ( $P=0,903$ ).

**Tablo 3.24.** Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan kana ilişkin oranların karşılaştırılması

		Kan		Toplam	P değeri
		Yok	Var		
Olay yeri	Çorum	N	54	8	0,923
		%	87,1%	12,9%	
	Ankara	N	288	41	
		%	87,5%	12,5%	
Toplam	N	342	49	391	
	%	87,5%	12,5%	100%	

Chi-Square

Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan semene ilişkin oranların karşılaştırılması Tablo 3.25'de sunulmuştur. Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan semene ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunamamıştır ( $P=0,292$ ).

**Tablo 3.25.** Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan semene ilişkin oranların karşılaştırılması

		Semen		Toplam	P değeri
		Yok	Var		

<b>Olay yeri</b>	<b>Çorum</b>	N	61	1	62	0,292
		%	98,4%	1,6%	100%	
	<b>Ankara</b>	N	328	1	329	
		%	99,7%	0,3%	100%	
<b>Toplam</b>		N	389	2	391	
		%	99,5%	0,5%	100%	

Fisher's Exact Test

Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan biyolojik svap ve lekesvabına ilişkin oranların karşılaştırılması Tablo 3.26'da sunulmuştur. Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan biyolojik svap ve lekesvabına ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P=0,006$ ).

**Tablo 3.26.** Olay yeri grupları arasında bulgu cinsi olan biyolojik svap ve leke svabına ilişkin oranların karşılaştırılması

		<b>Biyolojik svap ve leke svabı</b>		<b>Toplam</b>	<b>P değeri</b>
		<b>Yok</b>	<b>Var</b>		
<b>Olay yeri</b>	<b>Çorum</b>	N	7	55	62
		%	11,3%	88,7%	100%
	<b>Ankara</b>	N	9	320	329
		%	2,7%	97,3%	100%
<b>Toplam</b>		N	16	375	391
		%	4,1%	95,9%	100%

Fisher's Exact Test

Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan kıla ilişkin oranların karşılaştırılması Tablo 3.27'de sunulmuştur. Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan kıla ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmamıştır ( $P=0,085$ ).

**Tablo 3.27.** Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan kıla ilişkin oranların karşılaştırılması

		Kıl		Toplam	P değeri	
		Yok	Var			
Olayın cinsi	<b>Hırsızlık (oto, evden, bağ ve bahçeden, işyerinden )</b>	N	248	10	258	0,085
		%	96,1%	3,9%	100,0%	
	<b>Mala zarar verme ve konut dokunulmazlığını ihlal</b>	N	18	0	18	
		%	100%	0%	100%	
	<b>Ölümlü ve yaralanmalı trafik kazası ile is kazası</b>	N	11	1	12	
		%	91,7%	8,3%	100%	
	<b>Yaralama (taksirle silahla kasten</b>	N	29	0	29	
		%	100%	0%	100%	
	<b>Uyuşturucu madde imal ve ticareti</b>	N	3	0	3	
		%	100%	0%	100%	
	<b>Cinsel istismar (cinsel saldırı, çocuğun cinsel istismarı)</b>	N	5	2	7	
		%	71,4%	28,6%	100%	
	<b>Kaçak kazı ile kültür ve tabiat Kanununa Muhalefet</b>	N	10	1	11	
		%	90,9%	9,1%	100%	
	<b>İntihar (intihara teşebbüs yüksekten düşme)</b>	N	5	0	5	
%		100%	0%	100%		
<b>Gasp</b>	N	1	1	2		
	%	50%	50%	100%		
<b>Öldürme (ateşli silahla, kasten, kasten adam öldürmeye teşebbüs, şüpheli ölüm)</b>	N	24	2	26		
	%	92,3%	7,7%	100,0%		
<b>Bulutnu araç malzeme, ev ve</b>	N	9	1	10		
	%	90%	10%	100%		

<b>araç araması )</b>	%	90%	10%	100%
	N	1	0	1
<b>Orman yangını</b>	%	100%	0%	100%
	N	1	0	1
<b>Silah ve mühimmat kaçakçılığı</b>	%	100%	0%	100%
	N	2	0	2
<b>Tehdit</b>	%	100%	0%	100%
	N	5	0	5
<b>2521 ve 6136 SKM</b>	%	100%	0%	100%
	N	1	0	1
<b>Soruşturma</b>	%	100%	0%	100%
	N	373	18	391
<b>Toplam</b>	%	95,4%	4,6%	100%

Fisher's Exact Test

Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan kana ilişkin oranların karşılaştırılması Tablo 3.28'de sunulmuştur. Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan kana ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P<0,001$ ).

**Tablo 3.28.** Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan kana ilişkin oranların karşılaştırılması

		Kan		Toplam	P değeri
		Yok	Var		
	<b>Hırsızlık (oto, evden, bağ ve bahçeden, işyerinden )</b>	n	251	7	258
		%	97,3%	2,7%	100%
<b>Olayın cinsi</b>	<b>Mala zarar verme ve konut dokunulmazlığını ihlal</b>	n	18	0	18
		%	100%	0%	100%
	<b>Ölümlü ve yaralanmalı trafik kazası ile iş kazası</b>	n	4	8	12
		%	33,3%	66,7%	100%

<b>Yaralama (taksirle silahla kasten)</b>	n	11	18	29
	%	37,9%	62,1%	100%
<b>Uyuşturucu madde imal ve ticareti</b>	n	3	0	3
	%	100%	0%	100%
<b>Cinsel istismar (cinsel saldırı, çocuğun cinsel istismarı)</b>	n	7	0	7
	%	100%	0%	100%
<b>Kaçak kazı ile kültür ve tabiat kanununa muhalefet</b>	n	11	0	11
	%	100%	0%	100%
<b>İntihar (intihara teşebbüs yüksekten düşme)</b>	n	4	1	5
	%	80%	20%	100%
<b>Gasp</b>	n	2	0	2
	%	100%	0%	100%
<b>Öldürme (ateşli silahla, kasten, kasten adam öldürmeye teşebbüs, şüpheli ölüm)</b>	n	11	15	26
	%	42,3%	57,7%	100%
<b>Buluntu araç, malzeme, ev ve araç araması)</b>	n	10	0	10
	%	100%	0%	100%
<b>Orman yangını</b>	n	1	0	1
	%	100%	0%	100%
<b>Silah ve mühimmat kaçakçılığı</b>	n	1	0	1
	%	100%	0%	100%
<b>Tehdit</b>	n	2	0	2
	%	100%	0%	100%
<b>2521 ve 6136 SKM</b>	n	5	0	5
	%	100%	0%	100%
<b>Soruşturma</b>	n	1	0	1
	%	100%	0%	100%
<b>Toplam</b>	n	342	49	391
	%	87,5%	12,5%	100%

Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan semene ilişkin oranların karşılaştırılması Tablo 3.29'da sunulmuştur. Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan semene ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P=0,006$ ).

**Tablo 3.29.** Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan semene ilişkin oranların karşılaştırılması

		Semen		Toplam	P değeri	
		Yok	Var			
Olayın cinsi	<b>Hırsızlık (oto, evden, bağ ve bahçeden, işyerinden)</b>	n	258	0	258	0,006
		%	100%	0%	100%	
	<b>Mala zarar verme ve konut dokunulmazlığını ihlal</b>	n	18	0	18	
		%	100%	0%	100%	
	<b>Ölümlü ve yaralanmalı trafik kazası ile iş kazası</b>	n	12	0	12	
		%	100%	0%	100%	
	<b>Yaralama (taksirle silahla kasten)</b>	n	29	0	29	
		%	100%	0%	100%	
	<b>Uyuşturucu madde imal ve ticareti</b>	n	3	0	3	
		%	100%	0%	100%	
	<b>Cinsel istismar (cinsel saldırı, çocuğun cinsel istismarı)</b>	n	5	2	7	
		%	71,4%	28,6%	100%	
	<b>Kaçak kazı ile kültür ve tabiat kanununa muhalefet</b>	n	11	0	11	
		%	100%	0%	100%	
	<b>İntihar (intihara teşebbüs yüksekten düşme)</b>	n	5	0	5	
		%	100%	0%	100%	
<b>Gasp</b>	n	2	0	2		
	%	100%	0%	100%		
<b>Öldürme (ateşli silahla, kasten, kasten adam öldürmeye teşebbüs, şüpheli ölüm)</b>	n	26	0	26		
	%	100%	0%	100%		
<b>Buluntu araç, malzeme, ev ve araç</b>	n	10	0	10		



araması)	%	100%	0%	100%
	n	1	0	1
<b>Orman yangını</b>	%	100%	0%	100%
	n	1	0	1
<b>Silah ve mühimmat kaçakçılığı</b>	%	100%	0%	100%
	n	2	0	2
<b>Tehdit</b>	%	100%	0%	100%
	n	5	0	5
<b>2521 ve 6136 SKM</b>	%	100%	0%	100%
	n	1	0	1
<b>Soruşturma</b>	%	100%	0%	100%
	n	389	2	391
<b>Toplam</b>	%	99,5%	0,5%	100%

Fisher's Exact Test

Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan biyolojik svap ve leke svabına ilişkin oranların karşılaştırılması Tablo 3.30'da sunulmuştur. Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan biyolojik svap ve lekesvabına ilişkin oranlar istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P<0,001$ ).

**Tablo 3.30.** Olay cinsi grupları arasında bulgu cinsi olan biyolojik svap ve leke svabına ilişkin oranların karşılaştırılması

		Biyolojik svap ve leke svabı		Toplam	P değeri
		Yok	Var		
<b>Hırsızlık (oto, evden, bağ ve bahçeden, işyerinden)</b>	N	3	255	258	
	%	1,2%	98,8%	100,0%	
<b>Olayın cinsi</b>	<b>Mala zarar verme ve konut dokunulmazlığını ihlal</b>	N	0	18	<b>&lt;0,001</b>
		%	0%	100%	
	<b>Ölümlü ve yaralanmalı trafik</b>	N	3	9	12

<b>kazası ile iş kazası</b>	%	25%	75%	100%
<b>Yaralama (taksirle, silahla, kasten)</b>	N	8	21	29
	%	27,6%	72,4%	100%
<b>Uyuşturucu madde imal ve ticareti</b>	N	0	3	3
	%	0%	100%	100%
<b>Cinsel istismar (cinsel saldırı, çocuğun cinsel istismarı)</b>	N	0	7	7
	%	0%	100%	100%
<b>Kaçak kazı ile kültür ve tabiat kanununa muhalefet</b>	N	0	11	11
	%	0%	100%	100%
<b>İntihar (intihara teşebbüs, yüksekten düşme)</b>	N	0	5	5
	%	0%	100%	100%
<b>Gasp</b>	N	0	2	2
	%	0%	100%	100%
<b>Öldürme (ateşli silahla, kasten, kasten adam öldürmeye teşebbüs, şüpheli ölüm)</b>	N	2	24	26
	%	7,7%	92,3%	100%
<b>Buluntu araç, malzeme, ev ve araç araması )</b>	N	0	10	10
	%	0%	100%	100%
<b>Orman yangını</b>	N	0	1	1
	%	0%	100%	100%
<b>Silah ve mühimmat kaçakçılığı</b>	N	0	1	1
	%	0%	100%	100%
<b>Tehdit</b>	N	0	2	2
	%	0%	100%	100%
<b>2521 ve 6136 SKM</b>	N	0	5	5
	%	0%	100%	100%

<b>Soruşturma</b>	N	0	1	1
	%	0%	100%	100%
<b>Toplam</b>	N	16	375	391
	%	4,1%	95,9%	100%

Fisher's Exact Test

Bunun yanında olayın cinsine göre her bir bulgu cinsindeki cevap veren DNA başarı yüzdesine ilişkin tanımlayıcı istatistikler Tablo 3.31'de, araştırmaya alınan adli olaylarda DNA'nın elde edildiği yerin DNA elde edilme başarı yüzdelerine ilişkin tanımlayıcı istatistikler ise Tablo 3.32'de sunulmuştur.

**Tablo 3.31.** Olayın cinsine göre her bir bulgu cinsindeki cevap veren DNA başarı yüzdesine ilişkin tanımlayıcı istatistikler

Olayın cinsi	Bulgunun cinsi	n	% Ort ±SS
Hırsızlık (otodan evden bağ ve bahçeden, işyerinden)	Biyolojik svap, leke svabı	242	26,57±39,51
	Kıl	2	0±0
	Kan	1	0±0
	Biyolojik svap, leke svabı ve kıl	7	22,8±30,57
	Biyolojik svap, leke svabı ve kan	5	64,5±23,95
	Biyolojik svap, leke svabı, kıl ve kan	1	83,3±0
Mala zarar verme ve konut dokunulmazlığını ihlal	Biyolojik svap, leke svabı	18	6,42±13,99
Ölümlü ve yaralanmalı trafik kazası ile iş kazası	Biyolojik svap, leke svabı	3	54,16±50,51
	Kan	3	100±0
	Biyolojik svap, leke svabı ve kıl	1	25±0

	Biyolojik svap, leke svabı ve kan	5	27,38±24,10
	Biyolojik svap, leke svabı	11	18,18±33,70
Yaralama (taksirle silahla kasten)	Kan	8	72,91± 39,78
	Biyolojik svap, leke svabı ve kan	10	56,32± 33,04
Uyuşturucu madde imal ve ticareti	Biyolojik svap, leke svabı	3	37,06±44,34
	Biyolojik svap, leke svabı	4	71,15± 47,98
	Biyolojik svap, leke svabı ve kıl	1	77,3±0
Cinsel istismar (cinsel saldırı, çocuğun cinsel istismarı)	Biyolojik svap, leke svabı ve semen	1	66,7±0
	Biyolojik svap, leke svabı, kıl ve semen	1	66,7±0
Kaçak kazı, kültür ve tabiat kanununa muhalefet	Biyolojik svap, leke svabı	10	51,63± 35,74
	Biyolojik svap, leke svabı ve kıl	1	85,70± 0
İntihar (intihara teşebbüs yüksekten düşme)	Biyolojik svap, leke svabı	4	45,82± 41,67
	Biyolojik svap, leke svabı ve kan	1	100±0
Gasp	Biyolojik svap, leke svabı	1	0±0
	Biyolojik svap, leke svabı ve kıl	1	61,5±0
	Biyolojik svap, leke svabı	10	41,53± 42,51
	Kan	2	33,35± 47,16
Öldürme (ateşli silahla, kasten, kasten adam öldürmeye teşebbüs, şüpheli ölüm)	Biyolojik svap, leke svabı ve kıl	1	72±0
	Biyolojik svap, leke svabı ve kan	12	59,79± 18,74
	Biyolojik svap, leke svabı, kıl ve kan	1	95,20± 0
Buluntu araç, malzeme, ev ve araç araması	Biyolojik svap, leke svabı	9	39,9±32,66
	Biyolojik svap, leke svabı ve kıl	1	0±0
Orman yangını	Biyolojik svap, leke svabı	1	100±0
Silah ve mühimmat kaçakçılığı	Biyolojik svap, leke svabı	1	15±0
Tehdit	Biyolojik svap, leke svabı	2	50±70,71

2521 ve 6136 SKM	Biyolojik svap, leke svabı	5	15,56± 34,79
Soruşturma	Biyolojik svap, leke svabı	1	90,9±0

**Tablo 32.** Araştırmaya alınan adli olaylarda DNA'nın elde edildiği yerin DNA elde edilme başarı yüzdelerine ilişkin tanımlayıcı istatistikler

	Profillenme durumu			Toplam
		Cevap vermedi	Cevap verdi	
Sigara izmariti	N	65	301	366
	%	17,8%	82,2%	100%
Demir yüzeyden alınan svap	N	254	30	284
	%	89,4%	10,6%	100%
Plastik yüzey üzerinden alınan svap	N	107	33	140
	%	76,4%	23,6%	100%
Beton, taş, asfalt, toprak yol üzerinden alınan svap	N	30	19	49
	%	61,2%	38,8%	100%
Çeşitli kumaş ve eşyalar üzerinden alınan svap	N	100	307	407
	%	24,6%	75,4%	100%
Kıl numunesi	N	26	7	33
	%	78,8%	21,2%	100%
Araç içerisinden alınan svap	N	65	20	85
	%	76,5%	23,5%	100%
Tahta yüzeyden alınan svap	N	35	10	45
	%	77,8%	22,2%	100%
Naylon yüzeyden alınan svap	N	21	2	23
	%	91,3%	8,7%	100%
Pet şişe bardak vb yüzeylerin ağız kısımlarından alınan svap	N	6	11	17
	%	35,3%	64,7%	100%
Şahıslar üzerinden alınan svap	N	5	17	22
	%			

**DNA'nın  
nereden  
alındığı**

	%	22,7%	77,3%	100%
Adli olaylarda kullanılan bıçak, silah gibi araçların kabza namlu tetik üzerinden alınan svap	N	16	23	39
	%	41,0%	59,0%	100%
Cam yüzey üzerinden alınan svap	N	36	2	38
	%	94,7%	5,3%	100,0%
Kâğıt yüzey üzerinden alınan svap	N	15	5	20
	%	75,0%	25,0%	100%
Biyolojik svap	N	67	65	132
	%	50,8%	49,2%	100%
Toplam	N	848	852	1.700
	%	49,9%	50,1%	100%

## 4. BÖLÜM

### TARTIŞMA

#### 1. Genel Bakış

Alınan izin doğrultusunda Ankara ve Çorum illerinde 2021 yılında meydana gelen adli olaylar neticesinde elde edilen ve Jandarma Genel Komutanlığı Ankara Kriminal Daire Başkanlığı Biyolojik İnceleme Şube Müdürlüğü'ne incelenmek üzere gönderilen 391 adli olay dosyasında yer alan 1.700 numuneye ait veriler toplanmıştır. Bu verilerden yola çıkılarak istatistiksel analizleri SPSS (Versiyon 22, SPSS Inc., Chicago, IL, ABD) yazılımı kullanılarak analiz edilmiştir. Bu istatistik programından elde edilen verilerin değerlendirilmesiyle;

Ankara ve Çorum illerinde meydana gelen adli olaylardan Ankara ilinde meydana gelen adli olaylar sonucu oluşturulan dosya ve numune sayısının Çorum iline oranla daha fazla olduğu ortaya konmuştur. Ankara iline ait olaylar toplam olayların %84,1'ini oluşturmaktadır. Dosya kapsamında yer alan olayların cinsine bakıldığında en fazla yer alan adli olayın hırsızlık ve mala zarar verme olduğu görülmektedir (Tablo 3.2). Hırsızlık (oto, evden, bağ ve bahçeden, işyerinden) olayına ait toplamda 258 adli dosyanın düzenlendiği ve olaylar içerisinde toplam olayların %66'sını oluşturduğu ortaya konmaktadır.

#### 2. Detaylı İnceleme

Olay yerinden hangi tür biyolojik bulguların laboratuvara DNA analiz çalışmaları için gönderildiği incelenecek olursa; olay yerinden elde edilen 1.700 örnek üzerinde yapılan çalışmada elde edilen bulguların cinslerinin kıl %2 (34), kan %13,2 (225), semen %0,6 (10), biyolojik svap %84,2 (1.431) olduğu görülmektedir. Burada en çok elde edilen biyolojik bulgu örneğinin biyolojik svap olduğu tespit edilmiştir.

Hırsızlık olayından elde edilen numune çeşidi incelendiğinde ise toplam 258 hırsızlık olayına ait 253 adet dosya kapsamında; %98,2 oranında biyolojik svap örneğinin incelenmek üzere gönderildiği gösterilmiştir. Hırsızlık olayı içerisinde toplanan biyolojik svap ya da leke svaplarının başarı yüzdesi incelendiğinde (Tablo 3.31) ise bu örneklerden DNA elde etme başarısının %26,57 olduğu görülmektedir. 1.700 örnekten alınan genel DNA profili sonuçları, gönderilen örneklerin %52,4'ünün analizi sonucunda bir DNA tiplene sonuca vermediğini göstermektedir. 2260 örnek kullanılarak DNA analizinin yapıldığı başka bir çalışmanın sonuçları örneklenen ve gönderilen örneklerin %50'sinin bir DNA tiplene sonuca vermediğini göstermektedir (Mapes vd., 2015).

Bazı çalışmalarda; dokunmatik DNA genellikle kan lekelerinde veya diğer vücut sıvılarında bulunan DNA'dan daha küçük miktarlarda depolandığından, dokunmatik DNA örneklerinden DNA profilleri elde etmenin zor olduğu ve başarılı Touch DNA sonuçları elde etmenin

anahtarının Touch DNA analizi için uygun olabilecek ögelerin tanınmasına ve en yüksek sayıda cilt hücresini kurtaracak örnekleme tekniğinin kullanılmasına bağlı olduğu belirtilmiştir (Aditya vd., 2011). Yaptığımız çalışmadaki adli olaylar sonucu düzenlenen dosyaların büyük yüzdesinin hırsızlık ve mala zarar verme olaylarına ait olduğu ve bu dosyalarda %98,2 gibi yüksek oranda biyolojik svap örneklerin yer alması ve bu örneklerin Touch DNA içeren materyalden elde edilmesi hususları göz önüne alındığında başarı sonuçlarının azalmasında bu bulguların önemli bir etkisinin olduğu değerlendirilmektedir.

Olay yerinden elde edilen bulguların toplam numune sayısına göre yüzdeleri ve hangilerinin başarılı sonuçlar verdiği bakacak olursak (Tablo 3.6); çeşitli kumaş eşyalar üzerinden alınan svap %23,9 (407), sigara izmariti %21,5 (366), demir yüzeyden alınan svap %16,7 (284), araç içerisinden alınan svap %5,0 (85) ve biyolojik svap %7,8 (132) olduğu görülmektedir.

Yukarıdaki bahsettiğimiz olay yerinden elde edilen 1.700 adet biyolojik bulgulardan 366 tanesi sigara izmariti olup bunlardan 301 tanesinin profillemeye cevap verdiği, 65'inin cevap vermediği, demir yüzeyden alınan 284 biyolojik svap numunesinden 254'ünün profillemeye cevap vermediği yalnızca 30'unun cevap verdiği, plastik yüzey üzerinden alınan 140 biyolojik svaptan 107'sinin profillemeye cevap vermediği, 33'ünün cevap verdiği; beton, taş, asfalt, toprak yol üzerinden alınan 49 biyolojik svaptan 19'unun profillemeye cevap verdiği, 30'unun cevap vermediği; çeşitli kumaş eşyalar üzerinden alınan 407 biyolojik svaptan 307'sinin profillemeye cevap verdiği, 100'ünün profillemeye cevap vermediği; 33 kıl numunesinden 7'sinin cevap verdiği, 26'sının cevap vermediği; araç içerisinden alınan 85 biyolojik svap numunesinden 20'sinin profillemeye cevap verdiği, 65'inin cevap vermediği; tahta yüzeyden alınan 45 biyolojik svaptan 10'unun profillemeye cevap verdiği, 35'inin cevap vermediği; naylon yüzeyden alınan 21 biyolojik svaptan 2'sinin profillemeye cevap verdiği, 23'ünün cevap vermediği; pet şişe, bardak vb. yüzeylerin ağız kısımlarından alınan 17 biyolojik svaptan 11'inin profillemeye cevap verdiği, 6'sının cevap vermediği; şahıslar üzerinden alınan 22 biyolojik svaptan 17'sinin profillemeye cevap verdiği, 5'inin cevap vermediği; adli olaylarda kullanılan bıçak, silah gibi araçların kabza, namlu ve tetik üzerinden alınan 39 biyolojik svaptan 23'ünün profillemeye cevap verdiği, 16'sının cevap vermediği; cam yüzey üzerinden alınan 38 biyolojik svaptan 2'sinin profillemeye cevap verdiği 6'sının cevap vermediği; kâğıt yüzey üzerinden alınan 20 biyolojik svaptan 5'sinin profillemeye cevap verdiği, 15'inin cevap vermediği; 132 biyolojik svaptan, 65'sinin profillemeye cevap verdiği, 67'sinin cevap vermediği görülmüştür. Hangi biyolojik bulgudan daha çok DNA profil sonucunun elde edildiği hakkında yapılan istatistiğe göre (Tablo 3.32) olay yerinden elde edilen bulgulardan sigara izmaritinden % 82,2; kumaş yüzeyden alınan biyolojik bulgudan %75,4; şahıs üzerinden alınan biyolojik bulgudan % 77,3; pet şişe ağzından elde edilen biyolojik bulgudan %64,7 çok yüksek oranda profillemeye elde edildiği görülmektedir. Yine Tablo 3.17'ye baktığımızda olay yerinden elde edilen numunenin kan olmasının DNA başarı oranını 13,95 kat artırdığı ortaya konmaktadır.



Yapılan çalışmalarda elde ettiğimiz verileri destekleyecek biçimdeki DNA başarı olasılıkları incelendiğinde; sigara izmaritleri, kan, kar maskesi, şapkalar (diğer), top şapkaları, yakalar, manşetler ve çorapların (kişilere ait eşyalar) en yüksek başarı oranına sahip materyal olduğu, en düşük DNA konsantrasyonu veya başarı oranının ( $\leq$  %20) ise kovanlar, levyeler, anahtarlar, bantlar vb. bulgularda bulunduğu görülmektedir (Mapes vd., 2016).

DNA'nın nesnelere tutarak veya dokunarak elden aktarılması hakkında yapılan çalışmalarda cam, kumaş ve ahşap materyallere gönüllü kişilerin dokunması sonucu elde edilen DNA miktarı incelenmiş ve DNA'nın elde edilmesinde yüzeyin önemli bir faktör olduğunu ortaya konmuştur. Sonuçlara göre kumaş ve cam yüzeyden DNA elde etme başarısı çalışmamızla örtüşmektedir (Daly vd., 2010).

Başka bir çalışma ise giysi ve araba eşyaları ya da uzun süreli temas içeren DNA temas izlerinin nispeten DNA elde etme konusunda daha başarılı olduğuna işaret edilmektedir (Raymond vd., 2009).

Tablo 3.8'de yer alan numune sayılarına ilişkin dosya sayısı ve dosya yüzdesine baktığımızda; dosya içerisinde yer alan numune sayıları ve yüzdeleri belirtilmiştir. Tablo 3.9'da yer alan bilgilere göre cevap veren dosya içerisinde yer alan numune ortalaması ve cevap vermeyen dosyalar içerisinde yer alan numune sayılarının ortalaması verilmiştir. Bu kapsamda; numune sayısı ile DNA elde etme başarısı istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur ( $P<0,001$ ).

Tablo 3.10'da profillenmede yer alan öngörüsünde numune sayısının ROC analiz sonuçları ve duyarlılık (sensitivity), seçilim (specificity), pozitif prediktif değer (PPD) ve negatif prediktif değer (NPD) sonuçlarına göre kesim noktası  $>2,5$  olarak belirlenmiştir. Buna göre; bu değer ve bu değerden daha fazla numune bulunduran dosyalardan DNA elde etme olasılığı %70 olarak belirlenmiştir.

Numune sayısı ile cevap veren DNA sayısı arasında pozitif yönde orta düzeyde istatistiksel olarak anlamlı bir korelasyon bulunmuştur ( $r=0,659$   $P<0,001$ ; Tablo 3.11).

Numune sayısına ilişkin gruplar arasında cevap veren DNA sayısı ve DNA başarı yüzdesi istatistiksel olarak anlamlı farklı bulunmuştur (sırasıyla,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ; Tablo 3.12).

Post-hoc test sonuçlarına göre numune sayısı 1-10 arasında olan grubun cevap veren DNA sayısının, numune sayısı 11-20, 21-30 ve 31-40 arasında olan gruplarının cevap veren DNA sayısından anlamlı daha düşük olduğu belirlenmiştir (Sırasıyla,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ; Tablo 12). Numune sayısı 1-10 arasında olan grubun DNA başarı yüzdesinin, numune sayısı 11-20, 21-30 ve 31-40 arasında olan grupların DNA başarı yüzdesinden anlamlı daha düşük olduğu belirlenmiştir (sırasıyla,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ; Tablo 3.12). Bu sonuçlara göre DNA başarı oranı yüksek olan dosyalardaki numune sayısının 11-20 numune arasında değiştiği belirlenmektedir.

DNA'nın profillenme durumu arasında süreye ilişkin oran karşılaştırmaları Tablo 3.15'de sunulmuştur. DNA'nın profillenme durumu arasında süreye ilişkin oranların istatistiksel olarak anlamlı fark olmadığı belirlenmiştir ( $P=0,061$ ; Tablo 3.15). Ancak tablonun kendi içerisinde değerlendirilmesi sonucunda delilin elde edilmesinden laboratuvara gelmesi arasında geçen sürenin artışında DNA elde etme başarısında anlamlı olmasa da bir düşüş olduğu gözlenmektedir. Bu nedenle sürecin DNA elde edebilme başarısına etkisinin olduğu değerlendirilmektedir.

Yapılan literatür araştırmalarında; iz veya temas DNA'sının başarılı bir şekilde geri kazanılmasının oldukça farklı faktörlere göre değiştiği belirtilmektedir. Hırsızlık ve soygun suçlarının soruşturulmasıyla ilgili yüzeylerde eser DNA'nın kalıcılığına zamanın etkisinin araştırıldığı, çeşitli yüzeylere DNA bırakılmasıyla yapılan bir çalışmada; dış yüzeylerdeki ince tüy tabakasından geri kazanılan DNA miktarının iki hafta içinde yaklaşık olarak yarı yarıya azaldığı ve altı hafta sonra ihmal edilebilir bir miktara indiği ortaya konmuştur. Yapılan çalışmada biriken DNA miktarı, bir el teması sırasında kalan miktarın 300.000 katına kadar fazladır. Bu nedenle, kısa süre içerisinde el teması yoluyla bırakılan DNA'nın tespit edilememesi beklenmekte ve yapılan çalışma sonuçları ise istatistiksel sonuçlardaki DNA elde etme başarısındaki oranları desteklemektedir (Raymond vd, 2009).

Tablo 3.17'deki verilere bakıldığında tek değişkenli modelde olay yeri, kan ve numune sayısının istatistiksel olarak anlamlı olduğu belirlenmiştir ( $P=0,020$ ,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ). Çoklu modelde de yine olay yeri, kan ve numune sayısının, istatistiksel olarak anlamlı olduğu belirlenmiştir ( $P=0,048$ ,  $P<0,001$ ,  $P<0,001$ ). Bu veriler ışığında DNA elde etme başarısını etkileyen faktörler içerisinde olay yerinin Ankara olması, kan numunesi kullanılarak DNA analiz çalışmalarının yapılması ve numune sayısının da önemli olduğu ortaya konulmuştur.

## SONUÇ

Bu tez çalışması ile adli olaylarda olay yerinden elde edilen biyolojik bulguların laboratuvar aşaması dâhil profillemenin yapılıp şüpheli ile eşleşip eşleşmediğinin tespitine kadarki parametrelerin incelenerek bunu etkileyen faktörler ortaya çıkarılmaya çalışılmıştır. Olay yerinden elde edilen DNA'nın profillenme durumları ile süreye ilişkin oran karşılaştırmalarına baktığımızda 30 güne kadar başarı oranının çok değişmediğinin ancak 30 günden sonra %16'ya kadar bu oranın düştüğü görülmektedir. Bu sonuçlara göre olay yerinden laboratuvar analizine kadar geçen sürenin mümkün olduğu kadar kısa sürede gerçekleştirilmesi gerektiği görülmektedir.

Suç soruşturmasından elde edilen DNA'nın herhangi biri ile eşleşme durumuna ilişkin tanımlayıcı istatistiklere baktığımızda herhangi biri ile eşleşme durumunu %44,2; eşleşmeme durumu ise % 55,8'dir. Bu alanda uzmanlaşmış kolluk kuvveti personelinin ve soruşturma ekibinin suç mahallinde bu bulguları elde etme konusunda daha seçici olmalarının ve olay içerisinde eğer var ise bu numunelere yönelmelerinin daha faydalı olacağı ve maddi gerçeğin ortaya konmasında başarıyı artıracacağı görülmektedir. Bu tür bilgiler, olay mahallinde izler toplanırken ve toplanan bulguların adli laboratuvarında daha ileri analizler için seçilmesinde önemli bir husus olarak dikkate alınmalıdır. Ciddi suç vakalarında, %15 veya daha düşük bir başarı oranı muhtemelen DNA analizi için bu tür izlerin seçilmesini ve işlenmesini haklı gösterebilir. Ancak bu daha az ciddi suçlar için geçerli olmayabilir. Bu nedenle, bir DNA izinin analiz edilip edilmeyeceğine ilişkin asıl kararın vakaya bağlı olabileceğine dikkat edilmelidir. Örneğin, bir cinayet vakasında DNA profillemesi için düşük başarı oranına sahip bir nesne ya da biyolojik numune seçilirken hırsızlık ya da farklı bir olayda seçilmeyecektir.

Yukarıda belirttiğimiz sonuçlar ile adli olaylarda olay yerinden elde edilen biyolojik bulguların laboratuvar aşaması dâhil başarı oranını etkileyen faktörlerin neler olduğu çıkartılmaya çalışılmıştır. Elde edilen sonuçların başka çalışmalarla desteklenmesine, daha fazla miktarda örnek üzerinde ve daha geniş örneklem kapsamında istatistiksel çalışmaların yapılmasına ihtiyaç duyulmaktadır. DNA başarı oranlarına dayalı bir karar modelinin getirilmesinin, Jandarma Genel Komutanlığı personeli tarafından kanıta dayalı izlerin ve örneklerin seçilmesine ve adli laboratuvarında DNA profilleme kapasitesinin daha iyi kullanılmasına yol açacağını ummaktayız.

Yaptığımız bu çalışmanın akademisyenlere ve araştırmacılara yol göstereceği ve ışık tutacağı, adli soruşturmacılara ve olay yeri incelemesinde görevli kolluk kuvveti personeline de fikir vererek adaletin sağlanmasına önemli bir katkı sağlayacağı öngörülmektedir.

## KAYNAKÇA

- Açıköz, H. N., Kendi, İ. Ö., Bilge, Y. (2007). Kan Lekelerine Etki Eden Çevresel Faktörler. *Ankara Üniversitesi Hukuk Fakültesi Dergisi*, 56(3), 1-10.
- Aditya, S., Bhattacharyya, C. N., Chaudhuri, K. (2011). Generating STR Profile from "Touch DNA". *J Forensic Leg. Med.*, 18(7), 295-298.
- Alaeddini, R., Walsh S. J., Abbas, A. (2010). Forensic Implications of Genetic Analyses From Degraded DNA-a review. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 4(3), 148-57.
- Alakoç, Y. D. (2010). Adli Bilimlerde DNA Analizleri. *Ankara Üniversitesi Dikimevi Sağlık Hizmetleri Meslek Yüksekokulu Dergisi*, 9(2), 1-8.
- Albek, E., Soysal, Z., Çakalır, C. (1999). Kan ve Vücut Sıvılarından İdentifikasyon ve Diferansiasyon. *Adli Tıp Cilt II, İ.Ü. Cerrahpaşa Tıp Fakültesi Yayınları*, 22, 869-875.
- Altınsoy, E. (2022). Olay Yeri İncelemesinde Ayakkabı İzlerinin Önemi. *Uluslararası Beşeri ve Sosyal Bilimler İnceleme Dergisi*, 6(1), 5-19.
- Altunçul, H. (2001). *Kemik Dokudan DNA Çekitleme ve Tipleme Yöntemleri*, (Doktora Tezi), İstanbul: İstanbul Üniversitesi Adli Tıp Enstitüsü.
- Bagirova G. (2016). *Fanconi Anemili Olgularda İlişkili Genlerin Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi ile Taranması ve Mutasyonların Saptanması*, (Yüksek Lisans Tezi), İstanbul: İstanbul Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü.
- Bayer, M. (2003). *Olay Yeri İnceleme*. Ankara: Songür Yayıncılık.
- Behjati, S. ve Tarpey, P. S. (2013). What is next generation sequencing? *Arch. Dis. Child. Educ. Pract. Ed.*, 98(6), 236-238.
- Bell, P. A., Chaturvedi, S., Gelfand, C. A., Huang C. Y., Kochersperger, M., Kopla, R., Modica, F., Pohl, M., Varde, S., Zhao, R. (2002). SNPstream UHT: Ultra-High Throughput SNP Genotyping for Pharmacogenomics and Drug Discovery. *Biotechniques*, 32(2), 70-77.
- Brinkmann, B., Klintschar, M., Neuhuber, F., Huhne, J., Rolf, B. (1998). Mutation Rate in Human Microsatellites: Influence of the Structure and Length of the Tandem Repeat. *American Journal of Human Genetics*, 62, 1408-1415.
- Brión, M., Sanchez, J. J., Balogh, K., Thacker, C., Blanco-Verea, A., Børsting, C. (2005). Introduction of An Single Nucleotide Polymorphism-Based "Major Y-Chromosome Haplogroup Typing Kit" Suitable for Predicting the Geographical Origin of Male Lineages. *Electrophoresis*, 26(23), 4411-4420.
- Brookes, A. J. (1999). The Essence of SNPs. *Gene*, 234(2), 177-186.
- Boehnke, M., Arnheim, N., Li, H., Collins, F. S. (1989). Fine-structure Genetic Mapping of Human Chromosomes Using the Polymerase Chain Reaction on Single Sperm: Experimental Design Considerations. *American Journal of Human Genetics*, 45, 21-32.
- Borsting, C. ve Morling, N. (2015). Next Generation Sequencing and Its Applications in Forensic Genetics. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 18, 78-89.
- Borsting, C., Fordyce, S. L., Olofsson, J., Mogensen, H. S., Morling, N. (2014). Evaluation of the Ion Torrent™ HID SNP 169-plex: A SNP Typing Assay Developed for Human Identification by Second Generation Sequencing. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 12, 144-54.
- Buckingham, A. K., Harvey, M. L., Van Oorschot, R. A. (2016). The Origin Of Unknown Source DNA from Touched Objects. *Forensic Science International: Genetics*, 25, 26-33.
- Buermans, H. P. J. ve den Dunnen J. T. (2014). Next Generation Sequencing Technology: Advances and Applications. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1842(10), 1932-1941.

- Butler, J. M. (2012). *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology (1. Baskı)*. USA: Elsevier, Academic Press.
- Ceylan, B. (2008). *Ülkemizde Olay Yeri İnceleme Uygulamalarına Genel Bakış ve Mevcut Sistemin Değerlendirilmesi*, (Doktora Tezi), İstanbul: İstanbul Üniversitesi Adli Tıp Enstitüsü.
- Chakraborty, R., Stivers, D. N., Su, B., Zhong, Y. (1999). The Utility of Short Tandem Repeat Loci Beyond Human Identification: Implications for Development of New DNA Typing. *Electrophoresis*, 20(8), 1682-1696.
- Daly, D. J., Murphy, C., McDermott, S. D. (2012). The Transfer of Touch DNA from Hands to Glass, Fabric and Wood. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 6(1), 41-46.
- Deniz, T. (2016). *Olay Yeri İncelemesinde Delilden Sanığa Gitmenin İnsan Haklarının Korunmasındaki Önemi*, (Yüksek Lisans Tezi), İstanbul: Maltepe Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü.
- Dijk, E. L., Auger, H., Jaszczyszyn, Y., Thermes, C. (2014). Ten Years of Next Generation Sequencing Technology. *Trends Genet.*, 30(9), 418- 26.
- Dilmec, F., Uzer, E., Akkafa, F., Köse, E., Kuilenburg, A. (2010). Detection of VDR Gene ApaI and TaqI Polymorphisms in Patients with Type 2 Diabetes Mellitus Using PCR-RFLP Method in a Turkish Population. *Journal of Diabetes and its Complications*, 24(3), 186-191.
- Di Rienzo, A., Peterson, A. C., Garza, J. C., Valdes, A. M., Slatkin, M., Freimer, N. B. (1994). Mutational Processes of Simple-Sequence Repeat Loci in Human Populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 91, 3166-3170.
- Doğan, M., Eröz, R., Yüce, H., Özmerdivenli, R. (2017). Yeni Nesil Dizileme (YND) Hakkında Bilinenler. *Düzce Tıp Duzce Medical Journal*, 19(1), 27-30.
- Dönbak, L. (2002). Kısa Ardarda Tekrar Eden DNA Dizilerinin Adli Amaçlı DNA Çalışmalarındaki Yeri. *T. Clin. J. Med. Sci.*, 22, 233-238.
- Edwards, A., Civitello, A., Holl, H., Thomas, C. (1991). DNA Typing And Genetic Mapping With Trimeric And Tetrameric Tandem Repeats. *American Journal Human Genetics*, 49, 746-756.
- Farrall, M. ve Weeks, D. E. Mutational Mechanisms for Generating Microsatellite Allele-Frequency Distributions: an Analysis of 4,558 Markers. *American Journal of Human Genetics*, 62, 1260-1262.
- Freakish, T., Venkateswarlu, K., Thomas, M. J., Gaskin, Z., Ginjupalli, S., Gunturi, S. (2003). A Classifier for the SNP-Based Inference of Ancestry. *J. Forensic Sci.*, 48, 771-782.
- Gill, P. (2001). An Assessment of the Utility of Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) for Forensic Purposes. *International Journal Of Legal Medicine*, 114(4-5), 204-210.
- Goodwin, W., Linacre, A., Hadi, S. (2007). *An Introduction To Forensic Genetics (2. Baskı)*. USA: Jhon Wiley & Sons.
- Goodwin, W., Linacre, A., Hadi S. (2011). *An Introduction To Forensic Genetics*. England: John Wiley & Sons.
- Gökalp Özkorkmaz, E. ve Özkorkmaz, A. (2011). Y-STR Belirteçleri: Adli Önemi ve Terminolojisi. *Türkiye Klinikleri Adli Tıp ve Adli Bilimler Dergisi*, 8(2), 85-91.
- Graw, M. ve Setiz, T. (2000). Y Chromosomal Short Tandem Repeat (Str) Loci in A Representative Group of Males Living in South Württemberg: A Database For Application in Forensic Medicine. *Forensic Sci. Int.*, 113, 43-46.
- Greenspoon, S. A., Scarpetta, M. A., Drayto, M. L., Turek, S. A. (1998). QIAamp Spin Columns as a Method of DNA Isolation for Forensic Casework. *Journal of Forensic Sciences*, 43(5), 1024-1030.

- Grimes E. A., Noake P. J., Dixon, L., Urquhart, A. (2001). Sequence Polymorphism in the Human Melanocortin 1 Receptor Gene as an Indicator of the Red Hair Phenotype. *Forensic Sci. Int.*, 122(2-3), 124-129.
- Günel, T. Ve Aydın, K. (2009). Real-Time PCR ve Uygulama Alanları. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 2(2), 43-45.
- Hallenberg, C. ve Morling, N. (2001). A Report of the 1997, 1998 and 1999 Paternity Testing Workshops of the English Speaking Working Group of the International Society for Forensic Genetics. *For. Sci. Int.*, 116(1), 23-33.
- Hammer M. F., Chamberlain, V. F., Kearney, V. F., Stover, D., Zhang, G., Karafet, T., Walsh, B., Redd, A. J. (2006). Population Structure of Y Chromosome SNP Haplogroups in the United States and Forensic Implications for Constructing Y Chromosome STR Databases. *For. Sci. Int.*, 164(1), 45-55.
- Hartzell, B., Graham, K., McCord, B. (2003). Response of Short Tandem Repeat Systems to Temperature and Sizing Methods. *For. Sci. Int.*, 133(3), 228-234.
- Henderson, J. P. (2002). The Use of DNA Statistics in Criminal Trials. *For. Sci. Int.*, 128, 183-186.
- Holland, M. M., Cave, C. A., Holland, C. A., Bille, T. W. (2003). Development of A Quality, High Throughput DNA Analysis Procedure for Skeletal Samples to Assist with the Identification of Victims from the World Trade Center Attacks. *Croatian Medical Journal*, 44(3), 264-272.
- Innis, M. A., Gelfand, D. H., Sninsky, J. J., White, T. (1990). PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, (ss. 28-38), London: Academic Press.
- İnanıcı, M. A., Çolak, B., Özaslan, A. (2004). Olay Yeri İncelemesi ve Adli Tıp Uzmanının Yeri. *Türkiye Klinikleri J. Foren. Med.*, 1(2), 97-109.
- James, H. H. ve Nordby, J. J. (2003). An Introduction to Scientific and Investigative Techniques, (ss. 115-134), Florida: CRC press.
- Jeffreys, A. J., Wilson, V., Thein, S. L. (1985). Hypervariable Minisatellite Regions in Human DNA. *Nature Journal*, 314, 67-73.
- Kalfaoğlu, E. A ve Yükseloğlu, H. (2002). İnsan Genomu, Suç ve Suçun Önlenmesi. *DEU Tıp Fakültesi Dergisi (Özel Sayı)*, 71-81.
- Karabey E. (2017). *Hırsızlık Olaylarında Gözeneksiz Yüzeylerde Tespit Edilen Parmak İzlerinin Ortam Koşullarına Göre Değerlendirilmesi*, (Yüksek Lisans Tezi), Bursa: Uludağ Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Karakuş, O. ve Ünal, B. (2013). Olay Yeri İnceleme, *Kriminalistik (2. Baskı)*, Ed. Oğuz Karakuş, (ss. 1-85), Ankara: Adalet Yayınevi.
- Kanter, T., Baird, M., Shaler, R., Balazs, I. (1986). Analysis of Restriction Fragment Length Poly 81 Morphisms in Deoxyribonucleic Acid Recovered from Dried Bloodstains. *Journal of Forensic Sciences*, 31, 403-408.
- Kızılarslan, H. (2007). *Ceza Muhakemesi Hukukunda Vücutun Muayenesi ve Örnek Alma*, (Doktora Tezi), İstanbul: İstanbul Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü.
- Kim, H., Erlich, H. A., Calloway, C. D. (2015). Analysis of Mixtures Using Next Generation Sequencing of Mitochondrial DNA Hypervariable Regions. *Croat. Med. J.*, 56, 208-217.
- Klein, D. (2002). Quantification using real-time PCR technology: Applications and Limitations. *Trends in Molecüler Medicine*, 8, 257-260.
- Krenke, B. E., Viculis, L., Richard, M. L., Prinz, M., Milne, S. C., Ladd, C., Gross, A. M., Gornall, T., Frappier, J. R. H., Eisenberg, A. J., Barna, C., Aranda, X. G., Adamowicz, M. S., Budowle, B. (2005). Validation of A Male-Specific, 12-Locus Fluorescent Short Tandem Repeat (STR) Multiplex. *Forensic Sci. Int.*, 148(1), 1-14.

- Lander, E. S., Linton, L. M., Birren, B., Nusbaum, C., Zody, M. C., Baldwin, J., Devon, K., Dewar, K., Doyle, M., FitzHugh, W. (2001). International Human Genom Consortium. Initial Equencing and Analysis of the Human Genome. *Nature*, 409(6822), 860-921.
- Lee, H. C. ve Ladd, C. (2001). Preservation and Collection of Biological Evidence. *Croatian Medical Journal*, 42(3), 225-228.
- Lee, H. C., Ladd, C., Scherzinger, C. A., Bourke, M. T. (1998). Forensic Applications of DNA Typing. Part II: Collection and Preservation of DNA Evidence. *The American Journal of Forensic Medicine and Pathology*, 19(1), 10-18.
- Levo, A., Koski, A., Ojanperä, I., Vuori, E., Sajantila A. (2003). Post-mortem SNP Analysis of CYP2D6 Gene Reveals Correlation Between Genotype and Opioid Drug (Tramadol) Metabolite Ratios in Blood. *Forensic Sci. Int.*, 135(1), 9-15.
- Li, H, Cui, X., Arnheim, N. (1990). Direct Electrophoretic Detection of the Allelic State of Single DNA Molecules in Human Sperm by Using the Polymerase Chain Reaction. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 87, 4580-4584.
- Magalhaes, S., Marques, S. L., Alves, C., Amorim, A., Alvarez, L., Goios, A. (2015). Evaluation of Heteroplasmy Detection in the Ion Torrent PGM. *Forensic Sci. Int. Genet. Suppl.*, 5, e13-e15.
- Mapes, A. A., de Poot, C. J., Kloosterman, A. D. (2015). DNA in the Criminal Justice System: the DNA Success Story in Perspective. *J. Forensic Sci.*, 60(4), 851-856.
- Mapes, A. A., Kloosterman, A. D., van Marion, V., de Poot, C. J. (2016). Knowledge on DNA Success Rates to Optimize the DNA Analysis Process: From Crime Scene to Laboratory. *J. Forensic Sci.*, 61(4), 1055-1061.
- Meakin, G. ve Jamieson, A. (2013). DNA Transfer: Review and Implications for Casework. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 7(4), 434-443.
- Moller, A., Vigand, P., Griischov, C., Seuchter, S. A., Baur, M. P., Brinkmann, B. (1994). Population Data and Forensic Efficiency Values for STR Systems HLTMVWA, HUMIVIBP, HUMFAMBP. *International Journal of Legal Medicine*, 106, 183-189.
- Mulero, J. J., Chang, C. W., Calandro, L. M., Green, R. L., Li, Y., Johnson, C. L., Hennessy, L. K. (2006). Development and Validation of the AmpFI STRs Yfiler™ PCR Amplification Kit: A Male Specific, Single Amplification 17 Y-STR Multiplex System. *J. Forensic Sci.*, 51(1), 64-75.
- Mulero, J. J. ve Hennessy, L. K. (2012). Next-Generation STR Genotyping Kits for Forensic Applications. *Forensic Sci. Rev.*, 24(1), 1-13.
- Murphy, K. M., Berg, K. D., Eshleman, J. R. (2005). Sequencing of Genomic DNA by Combined Amplification and Cycle Sequencing Reaction. *Clin. Chem.*, 51(1), 35-39.
- Nakano, Y., Takeshita, T., Kamio, N., Shiota, S., Shibata, Y., Yasui, M., Yamashita, Y. (2008). Development and Application of a T-RFLP Data Analysis Method Using Correlation Coefficient Matrices. *Journal of Microbiological Methods*, 75, 501-505.
- Naslund, K., Saetre, P., von Salome, J., Bergström, T. F., Jareborg, N., Jazin, E. (2005). Genome-Wide Prediction Of Human VNTR's. *Genomics*, 85(1), 24-35.
- Navarro, E., Serrano-Heras, G., Castaño, M. J. (2015). Real-Time PCR Detection Chemistry. *Clinica Chimica Acta*, 439, 231-250.
- Nicklas, J. A. ve Buel, E. (2003). Quantification of DNA in Forensic Samples. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 376(8), 1160-1167.
- Öztürk, B. ve Erdem, M. R. (2008). *Ceza Muhakemesi Hukuku*. Ankara: Seçkin Yayınları.
- Pai, C., Chou, S., Huang, F. (2007). Assessment of The Role of A Functional VNTR Polymorphism İn MAOA Gene Promoter: A Preliminary Study. *Forensic Science Journal*, 6(2), 37-43.

- Petridis, G. (2011). *Parmak İzlerinden Elde Edilen Dna'nın Mini STR Tekniği ile İncelenmesi*, (Doktora Tezi), İstanbul: İstanbul Üniversitesi Adli Tıp Enstitüsü.
- Raymond, J., van Oorschot, R., Gunn, P. R., Walsh, S. J., Roux, C. (2009). Trace Evidence Characteristics Of DNA: A Preliminary Investigation Of The Persistence Of DNA At Crime Scenes. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 4(1), 26-33.
- Redd, A. J., Agellon, A. B., Kearney, V. A., Contreras, V. A., Karafet, T., Park, H., de Kniff, P., Butler, J. M., Hammer, M. F. (2002). Forensic Value of 14 Novel STRs on the Human Y Chromosome. *Forensic Sci. Int.*, 130(2-3), 97-111.
- Rizzo, J. M. ve Buck, M. J. (2012). Key Principles and Clinical Applications of Next-Generation DNA Sequencing. *Cancer Prev. Res. (Phila)*, 5(7), 887-900.
- Ross, A. M. ve Harding, H. W. J. (1989). DNA Typing and Forensic Science. *Forensic Sci. Int.*, 41, 197-203.
- Saferstein, R. (2004). *Criminalistics: An introduction to forensic science*, 8th edition, (ss. 34-50), New Jersey: Pearson Prentice Hall.
- Schneider, G. F. ve Dekker, C. (2012). DNA Sequencing with Nanopores. *Nat. Biotechnol.*, 30(4), 326-328.
- Serin, A., Alper, B., Dag, H. (2002). Adli Amaçlı Kullanılan DNA Polimorfizmleri ve Tiplendirme Teknikleri. *Adli Tıp Dergisi*, 16(2-4), 72-81.
- Serin, A., Canan, H., Ulubay, A. (2016). Identifikasyona Dayalı Adli Uygulamalarda Tek Nükleotid Polimorfizmler. *Türkiye Klinikleri J Foren Med.*, 13(2), 47-54.
- Semizoğlu, İ. (2013). Biyolojik incelemeler, *Kriminalistik (2. Baskı)*, Ed. Oğuz Karakuş, (ss. 215-266), Ankara: Adalet Yayınevi.
- Sparkes, R., Kimpton, C., Watson, S., Oldroyd, N., Clayton, T., Barnett, L., Arnold, J., Thompson, C., Hale, R., Chapman, J., Urquhard, A., Gill, P., Clayton, T. (1996). The Validation of A 7-Lokus Multiplex STR Test for Use in Forensic Casework: (I) Mixtures, Ageing, Degradation and Species Studies. *International Journal of Legal Medicine*, 109, 186-194.
- Sturm, R. A., Duffy, D. L., Zhao, Z. Z., Leite, F. P., Stark, M. S., Hayward, N. K. (2008). A Single SNP in An Evolutionary Conserved Region within Intron 86 of the HERC2 Gene Determines Human Blue-Brown Eye Color. *The American Journal of Human Genetics*, 82(2), 424-431.
- Tamaki, K. ve Jeffreys, A. J. (2005). Human Tandem Repeat Sequences in Forensic DNA Typing. *Legal Medicine*, 7, 244-250.
- Taşlıdere, H. (2016). *Mental Retardasyon ve/veya Multipl Konjenital Anomalili Olguların Yeni Nesil Dizileme Tekniği ile Genetik Etiyolojisinin Araştırılması*, (Uzmanlık Tezi), İzmir: Ege Üniversitesi Tıp Fakültesi.
- Thormann, W., Molteni, S., Caslavská, J., Schmutz, A. (1994). Clinical and Forensic Applications of Capillary Electrophoresis. *Electrophoresis*, 15, 3-12.
- Usal Dönmez, Ö. (2008). *DNA Analizinde Laboratuvar Kaynaklı Kontaminasyonun Tespiti ve Adli Bilimler Açısından Değerlendirilmesi*, (Yüksek Lisans Tezi), İstanbul: İstanbul Üniversitesi Adli Tıp Enstitüsü.
- Van der Gaag, K. J., de Leeuw, R. H., Hoogenboom, J., Patel, J., Storts, D. R., Laros, J. F., de Knijff, P. (2016). Massively Parallel Sequencing of Short Tandem Repeats-Population Data and Mixture Analysis Results for the PowerSeq™ System. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 24, 86-96.
- Van Oorschot, R. A., Ballantyne, K. N., Mitchell, R. J. (2010). Forensic Trace DNA: A Review. *Investig Genet.*, 1(14), 1-17.
- Van Oorschot, R. A., Szkuta, B., Meakin, G. E., Kokshoorn, B., Goray, M. (2019). DNA Transfer in Forensic Science: A Review. *Forensic Sci. Int. Genet.*, 38, 140-166.



Wame, A. (1991). Tetranucleotide Repeat Polymorphism at the Human Beta-Actin Related Pseudogene 2 (ACTBP2) Detected Using the Polymerase Chain Reaction. *Nucleic Acids Research*, 19, 69-80.

Weber, M., Davies, J. J., Wittig, D., Oakeley, E. J., Haase, M., Lam, W. L., Schübeler, D. (2005). Chromosome-Wide and Promoter-Specific Analyses Identify Sites of Differential DNA Methylation in Normal and Transformed Human Cells. *Nat. Genet.*, 37(8), 853-862.

Wurmb-Schwark, N. V., Petermann, S., Wegener, R. (2003). Y-STR Typing in Forensic Analysis. *Int. Congress Series*, 1239, 487-490.

Xue, Y., Wang, Q., Long, Q., Ng, B. L., Swerdlow, H., Burton, J., Skuce, C., Taylor, R., Abdellah, Z., Zhao, Y., Asan, MacArthur, D. G., Quail, M. A., Carter, N. P., Yang, H., Tyler-Smith, C. (2009). Human Y Chromosome Base-Substitution Mutation Rate Measured by Direct Sequencing in a Deep-Rooting Pedigree. *Curr. Biol.*, 19(17), 1453-1457.

Yang, Y., Xie, B., Yan, J. (2014). Application of Next-Generation Sequencing Technology in Forensic Science. *Genomics Proteomics Bioinformatics*, 12(5), 190-197.

Yeşildağ, Ö. A. (2009). *Adli Tıpta Kullanılan Moleküler Genetik Yöntemler ve Uygulamaları*, (Yüksek Lisans Tezi), Afyon: Afyon Kocatepe Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.

Yükseloğlu, E.H. ve Petekkaya, S. (2018). Adli DNA Analizleri İçin Örnek Alımı, *Adli Bilimlerde Örnek Alınması ve Delil (1. Baskı)*, Ed. Osman Celbiş, (ss. 183-196), Ankara: Akademisyen Kitabevi.

