

T.C.
İSTANBUL ÜNİVERSİTESİ-CERRAHPAŞA
ADLİ TIP VE ADLİ BİLİMLER ENSTİTÜSÜ

Danışman

Dr. Öğr. Üyesi Özlem BÜLBÜL ERCAN

YAKIN AKRABALARDA NGS TEKNOLOJİSİ İLE STR LOKUSLARININ
AYRIM GÜCÜNÜN BELİRLENMESİ

FEN BİLİMLERİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Mol.Bio. Naciye DURMUŞ İŞLEYEN

İstanbul-2020



İstanbul, 1 Ekim 2019

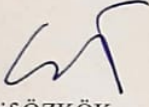
**İSTANBUL ÜNİVERSİTESİ-CERRAHPAŞA
ADLI TIP ve ADLI BİLİMLER ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜ
FEN BİLİMLERİ ANABİLİM DALI BAŞKANLIĞINA**

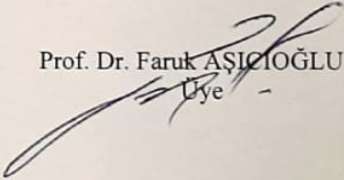
Lisansüstü Öğretim Yönetmeliğinin 36.maddesi uyarınca Enstitünüz Fen Bilimleri Anabilim Dalı'nın yüksek lisans öğrencisi Naciye DURMUŞ İŞLEYEN'in

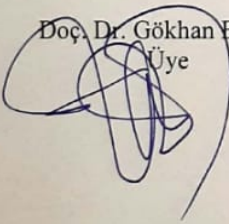
"Yakın Akrabalarda NGS Teknolojisi İle STR Lokuslarının Ayrım Gücünün Belirlenmesi"

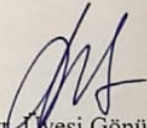
Adlı tezi jürimizce tetkik edilmiş ve kendisine 2. kez tez savunması yaptırılmıştır.

Yukarıda adı geçen tezin ve tez savunmasının kabul edilmesine oy birliğiyle karar verilmiştir.


Prof. Dr. Elif ÖZKÖK
Jüri Başkanı


Prof. Dr. Faruk AŞICIOĞLU
Üye


Doç. Dr. Gökhan ERSOY
Üye


Dr. Öğr. Üyesi Gönül FİLOĞLU
Üye


Dr. Öğr. Üyesi Özlem BÜLBÜL
Danışman



Bu tez çalışması İstanbul Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi tarafından desteklenmiştir.

Proje No: 30833



Çocuklarım Bülent ve Levent'e ithafen...

TEŞEKKÜR

Bu tez çalışmasının gerçekleşmesinde katkısı bulunan Adli Tıp Enstitüsü Müdürü Prof. Dr. Faruk AŞICIOĞLU ve Fen Bilimleri Anabilim Dalı Başkanı Prof. Dr. Münevver AÇIKKOL'a,

Tez çalışmasının deneyleri ve yazımı aşamasında beni destekleyip yardımını benden hiç esirgemeyen kıymetli danışman hocam Dr. Öğr. Üyesi Özlem BÜLBÜL ve değerli hocam Gönül FİLOĞLU'na,

Halihazırda doktora öğrencisiyken önceki okulumu bitirme fırsatını değerlendirmem için beni destekleyip bu sürede anlayış gösteren doktora tez danışmanım, kıymetli hocam Dr. Öğr. Üyesi Bülent BALTA'ya,

Analiz aşamasında sıkılmadan her soruma sabırla cevap veren Nazlı KOCAEFE'ye ve yardımlarını esirgemeyen Fatma Betül BOZKURT ve Ogün MORKOÇ'a,

Çalışmalarım süresince motivasyon kaynağım olan ve maddi manevi desteklerini esirgemeyen, başta saygıdeğer annem Hazare DURMUŞ ve kıymetli eşim Mehmet İŞLEYEN olmak üzere, ablalarım Hamdiye DİRİCAN, Medine DURMUŞ, Fatma GÜNEY, kardeşim Zeynep DURMUŞ ve sevgili yeğenlerim Zeynep ASLAN, Ayşegül DURMUŞ, Ayşe DİRİCAN ve Elif DURMUŞ'a,

Çalışmalarımı gerçekleştirirken zamanlarını oldukça fazla çaldığım ikiz çocuklarım Bülent ve Levent'e,

Bugünlere gelmemde katkıları olan değerli aileme,

Tez çalışmam süresince desteklerini esirgemeyen Adli Tıp Enstitüsü idari personeline,

Bu çalışmada yer alan tüm gönüllülere,

Teşekkürlerimi sunarım.

İÇİNDEKİLER TABLOSU

1. GİRİŞ.....	1
2. GENEL BİLGİLER.....	4
2.1 Adli Bilimlerde Kimliklendirme.....	4
2.2 STR Lokuslarının Adli Bilimlerde Kullanımı.....	5
2.2.1 STR Lokuslarının Özellikleri.....	7
2.2.2 Mini-STR Lokusları.....	9
2.3 STR Lokuslarının Kapiler Elektroforez (Capillary Electrophoresis,CE) ile Analizi	10
2.4 Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi (Next Generation Sequencing, NGS).....	12
2.4.1 İkinci Nesil Dizileme	15
2.4.2 Pirodizileme	15
2.4.3 Sentez ile Dizileme	17
2.4.4 Ligasyon ile Dizileme	18
2.4.5 İyon Yarı İletken Dizileme	19
2.4.6 Üçüncü Nesil Dizileme	20
2.5 STR Analizinde CE ve NGS Yöntemlerinin Karşılaştırılması.....	21
2.6 DNA Sonuçlarının İstatistiksel Hesabı	23
2.6.1 Frekansçı Yaklaşım.....	23
2.6.2 Benzerlik Oranı Yaklaşımı	23
2.6.3 Bayes Teoremi	25
2.6.4 Babalık İndeksi Hesaplaması.....	26
3. GEREÇ ve YÖNTEM.....	30
3.1 DNA İzolasyonu.....	32
3.2 DNA Miktarının Belirlenmesi.....	33
3.3 STR Analizlerinde Kullanılan Kitler	33
3.4 STR Lokuslarının PCR ve CE ile Analizi.....	36
3.4.1 PCR	36
3.4.2 PCR Karışımının Hazırlanması.....	36
3.4.3 PCR Ürünlerinin Kapiler Elektroforezle Yürütülmesi	37
3.5 STR Lokuslarının NGS ile Analizi.....	41
3.5.1 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)	41
3.5.2 PCR Karışımının Hazırlanması.....	41
4. BULGULAR.....	48
4.1 STR-CE Analizi Sonuçları.....	48
4.2 STR-NGS Analizi Sonuçları.....	56
5. TARTIŞMA-SONUÇ.....	66
6. KAYNAKLAR	75

7. EKLER.....	VI
8. ÖZGEÇMİŞ.....	81
	116



ŞEKİL LİSTESİ

Şekil 1 : CSF1PO STR locusundaki çekirdek ve yan bölgelerin şematik sunumu (Richard, 2015)	7
Şekil 2: STR markırları kullanılarak yapılan analiz aşamaları (Richard, 2015b adapte edilmiştir)	12
Şekil 3 : Sanger dizileme yönteminin şematik gösterimi (Bruijns et al., 2018)	13
Şekil 4 : Pirodizileme yöntemi şematik gösterimi. 1) Bağlanan adaptörler ile DNA kütüphanesi. 2) Emülsiyon bazlı klonal boncuklarla çoğaltma. 3) Sentez yoluyla dizileme yapılmak üzere kuyu içeren plate içerisine aktarma. 4) ATP sülfürlaz yardımı ile DNA şablonu sıralı nükleotidlerle uzaması (Alvarez et al., 2017).	17
Şekil 5: Illumina tarafından kullanılan sentez yolu ile dizileme yönteminin şematik gösterimi. 1) Illumina'ya özgü adaptörler ile DNA kütüphanesi oluşturulması. 2) İmmobilize adaptörler yardımı ile çoğaltma. 3) Floresan etiketli dNTP eklenmesi ile sekanslama. (Alvarez et al., 2017)	18
Şekil 6: SOLID sistemi tarafından kullanılan ligasyon yolu ile dizilemenin şematik gösterimi. 1) Adaptör sekansını tamamlayan primerin ampikon taşıyan boncuklara hibritlenmesi 2) Fragment çoğaltılması. 3) Katı yüzeye immobilizasyon. 4) Sekanslama ve sinyal algılanması (Alvarez et al., 2017).	19
Şekil 7: Ion Torrent tarafından kullanılan Ion Semikonduktör Dizileme yönteminin şematik gösterimi. 1) Bağlanan adaptörler ile DNA kütüphanesi oluşumu. 2) Kütüphanenin küre parçacıkları çevresinde çoğaltılması. 3) Kütüphane kaplı kürelerin mikroçipe aktarılması. 4) Nükleotid bağlanması ile hidrojen iyonu salınımı ile sinyal algılanması (Alvarez et al., 2017).	20
Şekil 8: Birinci aileye ait soyağacı.	30
Şekil 9: İkinci aileye ait soyağacı.	31
Şekil 10: Üçüncü aileye ait soyağacı.	31
Şekil 11: 24 DNA markırını içeren GlobalFiler™ PCR Amplification Kit (Thermo Fisher Scientific)'e ait alelik ladder (Applied Biosystems™, 2016)	39
Şekil 12: GlobalFiler™ PCR Amplification Kit (Thermo Fisher Scientific)'e ait pozitif kontrol elektroferogramı (Applied Biosystems™, 2016).	40
Şekil 13: Negatif kontrole ait elektroferogram görüntüsü.	40
Şekil 14: Ion S5 Semiconducter Sequencer cihazı kalibrasyon sonrası grafiği. R1-R4 dört farklı bazı, W1 yıkama solüsyonunu göstermektedir.	47
Şekil 15: Seçilen örnekler için soyağacı.	49
Şekil 16: F1-XY15'e ait elektroferogram.	50
Şekil 17: F1-XX19'a ait elektroferogram.	51
Şekil 18: F1-XY22'ye ait elektroferogram.	53
Şekil 19: F1-XX33'a ait elektroferogram.	53
Şekil 20: F1-XY35'e ait elektroferogram.	54
Şekil 21: Babaya ait Converge Software (Thermo Fisher Scientific) programı ile analiz edilen detaylı NGS sekans analiz sonucu	58
Şekil 22: Anneye ait Converge Software (Thermo Fisher Scientific) programı ile analiz edilen detaylı NGS sekans analiz sonucu	59
Şekil 23: Çocuğa ait Converge Software (Thermo Fisher Scientific) programı ile analiz edilen detaylı NGS sekans analiz sonucu	60
Şekil 24: Babanın D8S1179 lokusuna ait detaylı NGS sekans analiz sonucu.	61

Şekil 25: Annenin D8S1179 lokusuna ait detaylı NGS sekans analiz sonucu	61
Şekil 26: Çocuğun D8S1179 lokusuna ait detaylı NGS sekans analiz sonucu.....	62
Şekil 27: D12S391 lokusunun NGS analizi sonrasında alel ve alellerin dizi motiflerinin gösterimi.	63
Şekil 28: F1-XX14 bireyinin D12S391 lokusuna ait homozigot alellerin dizi motifleri.....	64



TABLO LİSTESİ

Tablo 1: Adli Genetik Analizinde Yaygın Olarak Kullanılan STR Lokusları (Richard, 2015).....	8
Tablo 2: Dizileme Teknolojisinin Tarihsel gelişimi (Shendure et al., 2017; Mardis, 2017).....	14
Tablo 3: Evett ve Wier tarafından geliştirilen güç gösterge tablosu	24
Tablo 4: GlobalFiler™ PCR (Thermo Fisher Scientific) ve Precision ID GlobalFiler™ NGS STR Panel v2 (Thermo Fisher Scientific) Amplifikasyon kiti lokusları.....	34
Tablo 5: PCR bileşenleri ve miktarları.....	36
Tablo 6: PCR koşulları	37
Tablo 7: ABI 3130 cihazında yapılan elektroforez yürütme koşulları	38
Tablo 8: PCR bileşenleri ve miktarları.....	42
Tablo 9: PCR koşulları	42
Tablo 10: FUPA enzimi inkübasyon koşulları	43
Tablo 11: FUPA enzim karışımı sonrası uygulanan protokol.	43
Tablo 12: Barkod ve adaptör bağlanması için inkübasyon koşulları.	43
Tablo 13: PCR bileşenleri ve miktarları.....	44
Tablo 14: PCR koşulları	45
Tablo 15: Seçilen örnek aileye ait genotip sonuçları.	48
Tablo 16: Anne, baba ve çocuğa ait STR-CE genotip sonuçları.....	55
Tablo 17: Anne, baba ve çocuğa ait STR-NGS genotip sonuçları.....	56
Tablo 18: CE ve NGS metodları ile elde edilen alel sayılarının karşılaştırılması.....	65

KISALTMALAR

CE	Capillary Electrophoresis (Kapiler Elektroforez)
CODIS	Combined Maternity Index (Kombine Annelik İndeksi)
LR	Likelihood Ratio (Benzerlik Oranı)
NGS	Next Generation Sequencing (Yeni Nesil Dizileme)
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
PE	Probability Exclusion (Olasılık Dışlama)
PGM	Personal Genome Machine (Kişisel Genom Makinesi)
PI	Paternity Index (Babalık İndeksi)
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism (Sınırlandırılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi)
STR	Short Tandem Repeat (Kısa Ardışık Tekrar)
VNTR	Variable Number of Tandem Repeats (Değişken Sayılı Ardışık Tekrar)

1. GİRİŞ

Adli amaçla kullanılan DNA profillemeye teknikleri 30 yıldan fazla bir süredir kullanılmaktadır (A. J. Jeffreys et al., 1985). Bu süre zarfında bu tekniklerin evrimi moleküler biyoloji tekniklerinin gelişmesiyle paralellik göstermiştir. Jeffreys tarafından geliştirilmeye başlanan bu teknoloji, temel metodoloji, yani Southern blot'tan polimeraz zincir reaksiyonuna (polymerase chain reaction, PCR), radyoaktif maddeden floresan etiketlere, levha jellerinden kapiller elektroforeze (capillary electrophoresis, CE) kadar önemli gelişmelerden geçmiştir (Roewer, 2013). Kapiller elektroforez ile STR (kısa tekrar dizinleri, Short Tandem Repeats) analizi 1995 yılından beri rutin olarak kullanılmaktadır (Jobling & Gill, 2004). Fakat günümüzde yeni nesil dizileme teknolojisinde (next generation sequencing, NGS) yaşanan gelişmeler bu teknolojinin adli amaçla yapılan DNA profillemesinde de kullanılabileceğini göstermiştir. Yeni nesil dizileme teknolojisi ile parça uzunluğu farklarına dayalı kapiller elektroforez ile yapılan analizlerin yerine dizi farklarına dayalı daha detaylı analizler yapabilmek mümkündür (Butler, 2007).

Genetik bilimini temel alan analizlerin adli amaçla kullanılması genetik parmak izi (genetic fingerprinting) metodunun geliştirilmesiyle başlamıştır (A. J. Jeffreys et al., 1985). Bu metodun adli vakalarda kimliklendirme çalışmalarında kullanılabileceği düşünülmüştür. Amaç suç mahallinde bulunan biyolojik örneklerden elde edilen DNA ile şüpheli bulunan kişilerin DNA'sı karşılaştırılarak suçlu tespit etmeye çalışmaktır. Bu yöntem ilk defa 1985 yılında İngiltere'de adli bir göçmenlik vakasının çözümü için kullanılmıştır (Alec J. Jeffreys et al., 1985). Daha sonraki yıllarda metodun geliştirilmesi, yaygınlaştırılması ve adli amaçlı analizlerde rutin olarak kullanılabilmesi için dünya genelinde çalışmalar yapılmaya başlanmıştır (Roewer, 2013).

Geleneksel DNA parmak izi yöntemi, restriksiyon endonükleaz (RE) enzimi ile kesilen DNA parçalarının agaroz jel elektroforez ile yürütülmesi ardından Southern blot yöntemi ile membrana transfer edilip işaretli DNA probu ile hibridize edilip görüntülenmesi prensibine dayanır (Schäfer et al., 1988). Kullanılan işaretli proplar genomun minisatelit bölgelerine hibridize olurlar. RE ile oluşturulan parçaların uzunlukları, tekrar eden ardışık dizilerin sayılarının çeşitli olmasından dolayı bireyler arasında farklılık gösterir. Her birey için elde edilen bu polimorfizm adli amaçla kullanılan genetik analizlerin temelini oluşturmaktadır. Bu yöntem ile genomda bulunan değişken sayıdaki ardışık tekrar eden dizilerin (variable number of tandem repeats, VNTR) uzunluk polimorfizminden faydalanılır. VNTR lokusları 2-30 arası baz çifti içerirler ve adli çalışmalarda yaygın olarak kullanılırlar (Üstek et al., 2011). Kullanılan proplar ise genomda bulunan çeşitli lokusları aynı anda inceleyebildikleri için çoklu-lokus (multi-locus) propları olarak adlandırılırlar (A.J. Jeffreys et al., 1985). Çoklu-lokus propları kullanılan bu yöntem birçok adli vakada başarılı bir şekilde kullanılmasına rağmen çeşitli dezavantajlara sahiptir. Bunlardan en önemlisi elde edilen bantların istatistiksel olarak analizindeki güçlüklerdir (Roewer, 2013). Çoklu-lokus propları kullanılarak yapılan analizdeki güçlüklerin üstesinden gelebilmek için Tek-lokus (single-locus) proplarının kullanıldığı analiz yöntemi geliştirilmiştir (Wong et al., 1987). Fakat daha sonra polimeraz zincir reaksiyonunun adli DNA profillemeye analizlerine entegre edilmesiyle bu metot artık kullanılmamaya başlanmıştır (Roewer, 2013).

Adli amaçlı yapılan genetik analizlerde karşılaşılan en önemli problemlerden birisi alınan DNA örneğinin yeterli miktarda ve kalitede olmamasıdır. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ile alınan DNA örneğinin çoğaltılmasıyla bu sorunun üstesinde kısmi olarak gelinebilmektedir (Butler, 2007). PCR, kantitatif DNA analizi, STR profili ve mitokondriyal DNA (mtDNA) dizilimi gibi birçok adli DNA tahlilinin temelini oluşturur. PCR ile istenilen genom bölgesinin in-vitro koşullarda amplifikasyonu sağlanır.(Richard, 2015a).

Bu çalışmada yakın akrabalarda yeni nesil sekanslama (NGS) teknolojisi ile STR lokuslarına ait alellerin tayini ve dizilemesi hedeflenmektedir. Yakın akrabalarda STR profilleri oldukça benzerdir. Uzunluğa dayalı STR analizi ile ortaya konan polimorfizm yakın akrabaların ayırt edilmesi için yetersiz kalabilir. Geleneksel metotta STR alellerinin kapiller elektroforez ile sadece uzunluk ve tekrar sayısı bilgisi elde edilebilmektedir. Bununla beraber NGS teknolojisi kullanılarak STR lokuslarına ait alellerin nükleotid dizilerinin tanımlanması ile uzunluk ve polimorfizminin yanı sıra nükleotid dizisi polimorfizmi de analiz edilmiş olur. Bu sayede yakın akrabaların dahil olduğu birçok davanın (kardeşlik, iki kardeşin dahil olduğu babalık vakaları vb.) çözüme kavuşturulması, ayırım gücü yüksek NGS teknolojisi kullanılarak STR alellerinin sekanslaması ile mümkün olabilecektir.

Bu çalışmanın amacı; adli genetikte yeni nesil sistemler olarak adlandırılan NGS metodu ile daha fazla sayıda STR lokusu ve bu bölgelerin dizindeki farklardan yararlanarak özellikle göç, babanın veya annenin öldüğü durumlar veya yakın akrabalık ilişkilerinin belirlenmesi gerektiği adli olgularda yüksek güvenilirlikle akrabalığın belirlenebilmesini sağlamaktır. Bu çalışma ile geleneksel (Kapiller Elektroforez temelli STR Analizi) metottan daha yüksek doğruluk oranına sahip, sonuç elde edilmesi hedeflenmektedir. Ayrıca bu çalışma daha sonra yapılacak araştırmalar için öncü niteliğinde olacaktır.

2. GENEL BİLGİLER

2.1 Adli Bilimlerde Kimliklendirme

Son 30 yıldır DNA'nın moleküler analizi adli soruşturmalarda kullanılan en önemli araç haline gelmiştir. DNA profillemeye rutin olarak STR markırları kullanılarak biyolojik örnekler ile kimliklendirme yapılmaktadır (Dumache et al., 2016).

Günümüzde kullanılan DNA veritabanları adli birimlerde kimliklendirme için önemli bir kaynak oluşturmaktadır. Bir araya getirilen ve belgelenen DNA profilleri olay yerlerinden elde edilen örnekler ile kişilerin DNA profillerini sistematik ve otomatik olarak karşılaştırma/ eşleştirme imkanı sağlamaktadır (Jakovskilow, et al. 2017) . Birleşik DNA İndeks Sistemi (Combined DNA Index System, CODIS) Federal Araştırma Bürosu (Federal Bureau of Investigation, FBI) tarafından oluşturulan, adli bilimlerle bilgisayar teknolojisinin bir araya getirildiği bir yazılımdır. CODIS'te DNA profillerinin saklandığı ve araştırılabildiği birçok seviye vardır. Analistler CODIS'i kullanarak olay yerinden elde ettikleri kanıtların DNA profillerini diğer olay yerlerinden elde ettikleri DNA profilleriyle, suçlu bulunanların ve tutukluların DNA profilleriyle kıyaslayabilirler. Böylece suçlular ve birbiri ile ilişkili vakalar tespit edilebilir.

1989 yılında evinden kaçırılarak tecavüze uğrayan Debbie Smith'in vakası CODIS'in ortaya çıkmasında büyük rol oynamıştır. Olay sonrası şüpheli tutuklanmış, yapılan serolojik testler sonucunda şüpheli suçlu bulunmamıştır. Fakat kurbandan alınan fiziksel kanıtlar saklanmıştır. Debbie Smith'in yaşamış olduğu civarda 1994 yılında birçok cinsel saldırı ve tecavüz olayı daha rapor edilmiştir. Bunun üzerine şüpheli tutuklanmış ve suçlunun tespiti için DNA teknolojisi kullanılmıştır. Kurbanlardan alınan fiziksel kanıtların DNA profilleriyle Debbie Smith vakasından elde edilen DNA profilleri şüphelinin profiliyle karşılaştırılmış ancak bir eşleşme bulunamamıştır. Faili meçhul vakaların DNA profilleri düzenli olarak saklanıp belgelenmeye başlanılmış ve

böylece suçluların DNA profilleri bir veritabanı haline getirilmiştir. Periyodik olarak faili meçhul vakalardan elde edilen DNA profilleri suçluların DNA profilleriyle karşılaştırılmıştır. Sonunda Debbie Smith'in tecavüzcüsü bu veri tabanındaki bir eşleşme sonucunda tespit edilmiştir (Panneerchelvam & Norazmi, 2003).

CODIS ile belirlenen çoklu STR lokuslarının birlikte analiz edilmesi sonucunda kimlik ve akrabalık ilişkisi tespiti yapılmaktadır. CODIS'te 13 STR lokusu içeren CSF1PO, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, TH01, TPOX, ve vWA markerları kullanılır. Bu lokusların belirlenmesinde çeşitli etnik kökenlerden alınan DNA örnekleri kullanılmıştır. Günümüzde bu 13 STR lokusuna ek olarak yedi lokus daha eklenerek (D1S1656, D2S441, D2S1338, D10S1248, D12S391, D19S433 ve D22S1045) CODIS STR bölgeleri 20 çıkarılmıştır(Hajiyev, 2018).

2.2 STR Lokuslarının Adli Bilimlerde Kullanımı

1980 yılında David Botstein ve arkadaşları tarafından keşfedilen ve RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) olarak adlandırılan bölgeler bireylerin DNA'larında küçük farklılıklar göstermektedir. 1984 yılında İngiliz genetikçi Alec Jeffreys bu varyasyonların kişiden kişiye farklılık göstermesinin bir kimliklendirme yöntemi olarak kullanılabilceğini keşfederek genetik parmak izi (genetic fingerprinting) yöntemini geliştirmiştir. Bu teknik ilk olarak 1985'te İngiltere'de gerçekleşen bir suç vakasının çözümlenmesinde kullanılmıştır. Çözümlemenin başarılı olmasının ardından DNA parmak izi yöntemi adli analizlerde kullanılan temel bir yöntem haline gelmiştir (Doğan-Alakoç, 2010).

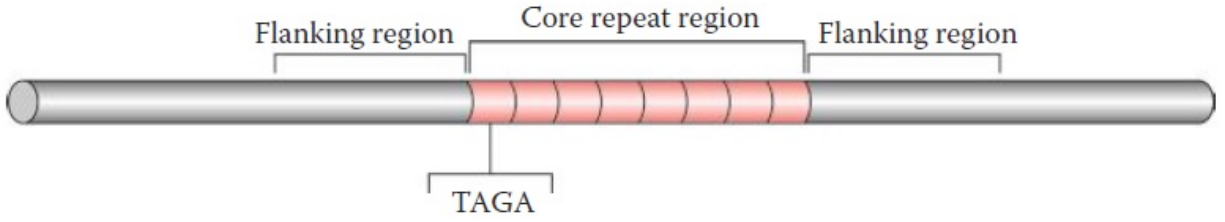
İnsan genomu art arda tekrar eden kısa DNA sekansları içerir. Bu sekansların tekrar sayıları akraba olmayan bireylerde çokça farklılık gösterir. Tekrar eden bu diziler VNTR olarak bilinir. VNTR'ler tekrar eden dizinin uzunluğuna göre mini ve mikrosatelit olmak üzere ikiye ayrılır. Mikrosatelitler

2-9 baz çifti, minisatelitler ise 9-100 baz çifti uzunluğunda tekrar eden dizilerden oluşur. RFLP'ye dayalı yöntemler mevcut DNA'nın kalitesi ve miktarı bakımından kısıtlıdır ve farklı kaynaklardan farklı yöntemlerle elde edilen genetik profillerin güvenilir bir şekilde karşılaştırılmasında zorluklarla karşılaşmaktadır. PCR yönteminin keşfedilmesiyle birlikte RFLP analiz yöntemi yerini DNA'nın potansiyel olarak sınırsız amplikasyonunu sağlayan, daha duyarlı, daha hızlı ve daha kesin sonuçlar veren PCR'a dayalı STR analiz yöntemine bırakmıştır (Panneerchelvam & Norazmi, 2003; Roewer, 2013).

STR lokusları yapısal olarak mikrosatelit özellik gösteren 2-7 baz çifti uzunluğundaki DNA dizileridir (Butler, 2005). STR'lerin tekrar sayıları yaklaşık olarak yarım düzine ile birkaç düzine arasında değişkenlik göstermektedir. En çok kullanılan STR lokuslarının uzunluğu 100-500 baz çiftidir. Bu uzunluk yaklaşık 1000 bp uzunluğunda olan VNTR'lerden daha azdır. STR lokusları VNTR lokuslarına kıyasla adli genetik analizlerinde daha sık kullanılır. Bunun temel nedeni STR lokuslarının sahip olduğu avantajlardır. STR'lerin sahip olduğu daha kısa tekrar dizileri PCR ile daha kolay amplifikasyon yapılabilmesine, bozulmuş DNA örneklerinden bile analiz yapılabilmesine, elektroforez de yüksek çözünürlük elde edilmesine, PCR ile çoklu amplifikasyon yapılmasına ve dolayısıyla daha hassas sonuçlar alınmasına olanak sağlar (Richard, 2015b). İnsan genomunda yaklaşık 100000 STR markırı bulunmaktadır. Bu markırların bir kısmı adli amaçla yapılan babalık/soy, insan kimliklendirme testlerinde kullanılabilir. (Butler, 2007; Roewer, 2013; Richard, 2015b).

STR lokusları art arda tekrarlanan çekirdek ve sabit yan bölgelerden oluşmaktadır. (Şekil 1). STR lokusları kullanılarak yapılan adli genetik analizler, çekirdek bölgede bulunan ardışık tekrar dizilerinin tekrar sayıları arasındaki farklılık kullanılarak yapılır. STR tekrar ünitelerinin sayısı bireyler arasında değişmektedir. Öte yandan çekirdek diziyi çevreleyen sabit yan bölgeler

ise genellikle PCR primerleri hazırlamak için kullanılır. İnsan genomunda iki, üç, dört, beş, altı baz uzunluğunda tekrar dizileri bulunur. Adli genetik analizlerinde en çok dört baz uzunluğundaki STR lokusları kullanılır. Dörtlü tekrar dizileri yüksek polimorfizme sahiptirler ve insan genomunda analiz için yeterli bollukta bulunurlar (Richard, 2015b).



Şekil 1 : CSF1PO STR locusundaki çekirdek ve yan bölgelerin şematik sunumu (Richard, 2015)

Adli genetik analizinde kullanılan STR lokusları tekrar dizilerine bağlı olarak üç grupta incelenebilirler.;

- 1) Basit STR'ler: Tekrar dizilerinin baz sayısı ve baz dizilim sırası aynıdır.
- 2) Bileşik STR'ler: Birden fazla basit tekrar dizisinden oluşurlar.
- 3) Kompleks STR'ler: Baz sayısı ve baz dizilimi farklı olan aralarına farklı diziler girmiş tekrar dizilerinden oluşur.

2.2.1 STR Lokuslarının Özellikleri

Adli genetik analizinde kullanılacak olan STR lokusları aşağıda tarif edildiği gibi belirli özelliklere sahip olmalıdır. İlk olarak, seçilen STR lokuslarının alelleri bireyler arasında oldukça değişken olmalıdır. İkincisi, aynı kromozom üzerinde birden fazla STR bölgesi seçildiğinde, bu bölgelerin birbiriyle bağlantısı (linkage) olmamalı veya birlikte kalıtımı yapılmamalıdır. Kullanılan STR lokusları, birbirlerine bağlı olmadıklarından emin olmak için genellikle farklı kromozomlarda bulunur. Son olarak insan kimliklendirmede kullanılan STR'ler, DNA'nın

kodlamayan bölgelerinde, genlerin (intronların) içinde veya genler arasında bulunmalıdır. STR lokusları genom içerisindeki konumlarına göre adlandırılır. Bir genin içinde bulunan STR markırları bulundukları gene göre adlandırılırlar. Örneğin TH01 STR markeri, tirozin hidroksilaz geninin intronu içinde bulunur. Öte yandan bir genin içinde bulunmayan STR markırları ise aşağıdaki örnekte belirtilen şekilde adlandırılır:

DxSy, burada D, DNA'dır, x, kromozom sayısıdır, S dizinin genomda sadece bir kez meydana geldiğini (single), y ise kromozom üzerinde hangi bölgenin tanımlandığını ifade eder. Örneğin, D21S11, kromozom 21 üzerinde keşfedilen 11. bölgeyi tarif eder (Bright, 2009). (Tablo 1).

Tablo 1:Adli Genetik Analizinde Yaygın Olarak Kullanılan STR Lokusları (Richard, 2015)

Lokus	Tekrar Motifi	Kromozom lokalizasyonu	Tekrar kategorisi
CSF1PO	TAGA	5q33.1	Basit
FGA	[CTTT] [CCTT]	4q31.3	Bileşik
TH01	AATG	11p15.5	Basit
TPOX	TGAA	2p25.3	Basit
SE33/ACTBP2	AAAG	6q14	Kompleks
VWA	[TCTG] [TCTA]	12p13.31	Bileşik
D1S1656	[TAGA] [TAGC]	1q42.2	Bileşik
D2S441	[TCTA] [TCAA]	2p14	Bileşik
D2S1338	[TGCC] [TTCC]	2q35	Bileşik
D3S1358	[TCTG] [TCTA]	3p21.31	Bileşik
D5S818	AGAT	5q23.2	Basit

D7S820	GATA	7q21.11	Basit
D8S1179	[TCTA] [TCTG]	8q24.13	Bileşik
D10S1248	GGAA	10q26	Basit
D12S391	[AGAT] [AGAC]	12p13.2	Bileşik
D13S317	TATC	13q31.1	Basit
D16S539	GATA	16q24.1	Basit
D18S51	AGAA	18q21.33	Basit
D19S433	[AAGG] [TAGG]	19q12	Bileşik
D21S11	[TCTA] [TCTG]	21q21.1	Kompleks
D22S1045	ATT	22q12.3	Basit

Tabloda verilen lokuslara ek olarak Y indel, DYS391, Penta E, Penta D, Amelogenin (AMEL), SRY, D1S1677, D12ATA63, D2S1776, D3S4529, D4S2408, D6S474, D5S2800 ve D6S1043 lokusları da STR analizlerinde kullanılan lokuslara örnek olarak verilebilir (Barrio et al., 2019; E. Butler & Li, 2014; Teng et al., 2012).

2.2.2 Mini-STR Lokusları

Degrade olmuş ya da çok az miktarda bulunan biyolojik örneklerden genetik materyalin elde edilmesi geleneksel STR analizlerinin yanında daha özel yaklaşımlar gerektirmektedir. Mini-STR teknolojisi adli vakalarda hata oranını ve sonuçsuz verileri azaltmada oldukça etkili bir yöntemdir. Mini-STR teknolojisinde STR primerleri tekrar bölgelerine yakın bir şekilde konumlanmış olan daha kısa PCR amplikonları (<250 bp) oluşturularak PCR verimliliği önemli ölçüde arttırılmış olur. Yapılan çalışmalarda geleneksel STR analizinin yetersiz kaldığı durumlarda mini-STR teknolojisi

ile daha iyi ve hatta eksiksiz bir DNA profili elde edilebileceği görülmüştür (Constantinescu et al., 2012).

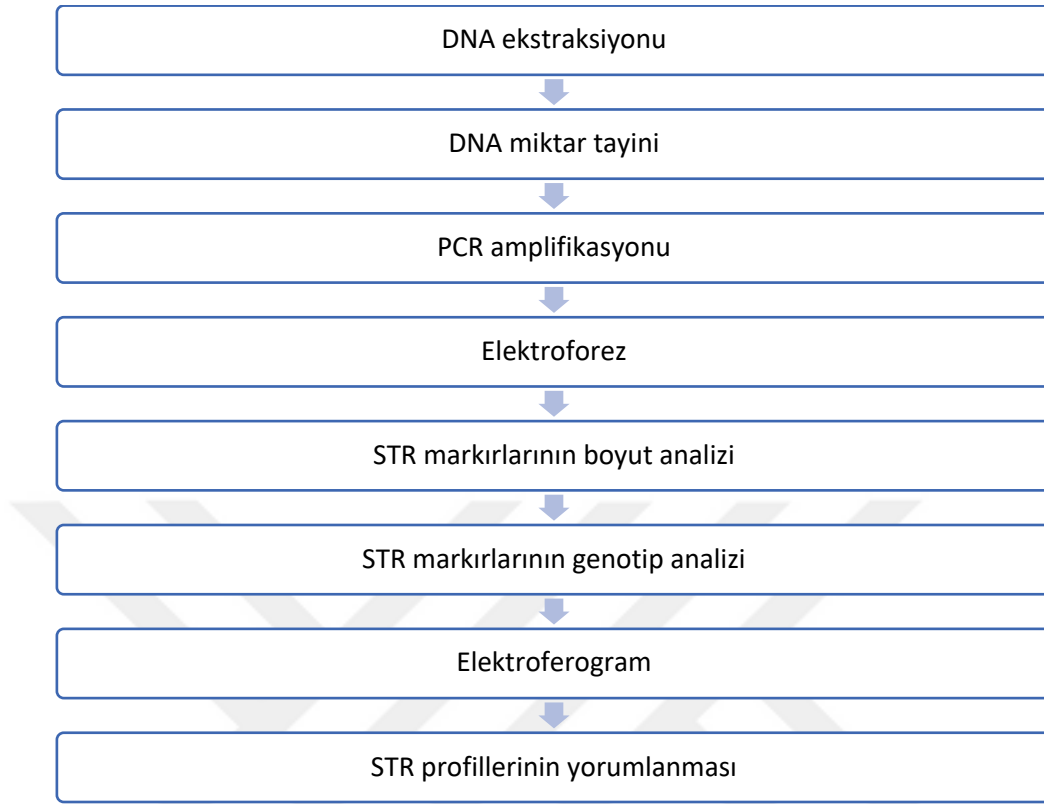
2.3 STR Lokuslarının Kapiler Elektroforez (Capillary Electrophoresis,CE) ile Analizi

Günümüzde adli amaçlı yapılan DNA profillemeleri PCR ve CE teknikleri kullanılarak yapılır (Butler, 2007). Yapılan genetik profillemeye analizinde STR markırlarının uzunluklarındaki farklılıklar temel alınır. Genomda bulunan STR markırları ile yapılan DNA profillemeleri yaygın olarak ticari kitler ile yapılır. Bu kitler analiz prosedürünün standart bir hal almasını sağlamakla birlikte PCR bileşenlerinin kalite kontrollerin yapılması aşamasını ortadan kaldırarak iş kolaylığı sağlarlar. Kapiler elektroforez yönteminde enjeksiyon, ayırma ve deteksiyon tamamen otomatik olarak yapılabilir. Kapilerde etkili ısıtının sağlanması yüksek voltajlarda hızlı ayırım yapılabilmesine olanak sağlar. Buna ek olarak bilgisayar ile tek bir adımda kantitatif bilgiye ulaşılabilir. Kullanılan örnek ve oluşturulan atık miktarının oldukça az olması bu yöntemi avantajlı hale getirmektedir (Butler, 1998). STR markırları kullanılarak yapılan analiz aşamaları:

- 1) Biyolojik örnek eldesi,
- 2) DNA ekstraksiyonu,
- 3) Çoklu STR lokuslarının PCR amplifikasyonu ile çoğaltılması,
- 4) STR allelerinin ayrılması ve boyutlandırılması,
- 5) STR markırlarının analizlerinin yapılması ve eğer gözlemlenebilmişse eşleşmenin istatistiksel olarak yorumlanması basamaklarından oluşur (Şekil 2).

PCR amplifikasyonu yapılan STR lokuslarının birbirinden ayrılması ve boyutlandırılması jel elektroforez veya kapiller elektroforez yöntemleri ile yapılmaktadır. CE ile analiz yapılabilmesi

için PCR reaksiyonu sırasında bütün STR lokusları floresan boya ile işaretlenmelidir. Her primer spesifik bir floresan boya taşır. CE detektörlerinin boya rengini ve elektroforez içerisindeki taşınma süresini ölçmesi ile bütün STR aleleri birbirinden ayrılarak boyutlandırılabilir (J. M. Butler, 2007). Bu yöntemle 30'a yakın STR markırı tek bir kapiller elektroforez yapılarak analiz edilebilir. Elde edilen analiz sonuçları adli vakalarda, kimliklendirme çalışmalarında rutin olarak kullanılmaktadır. Tek yumurta ikizleri hariç iki bireyin DNA'sındaki 13 farklı STR lokusundan her birinde aynı belirteçlere sahip olma olasılığı yaklaşık olarak milyarda birdir (Roewer, 2013). Öte yandan otozomal STR lokuslarının yanı sıra bireyler arası genetik farklılıkları ortaya çıkaracak başka markırlar da kullanılmıştır. Bunlar tek nükleotid polimorfizm (single nucleotide polymorphism, SNP), Y kromozomu ve mitokondriyal DNA (mtDNA) markırlarıdır (Jobling & Gill, 2004). Her markır adli genetik alanında spesifik uygulama alanlarına sahiptir. Y kromozomu markırları erkek bireylerin DNA örneklerinin yeterli olmadığı durumlarda, mtDNA ise alınan DNA örneklerinin aşırı derece bozulmuş olduğu adli vakalarda daha fazla kullanılırlar.

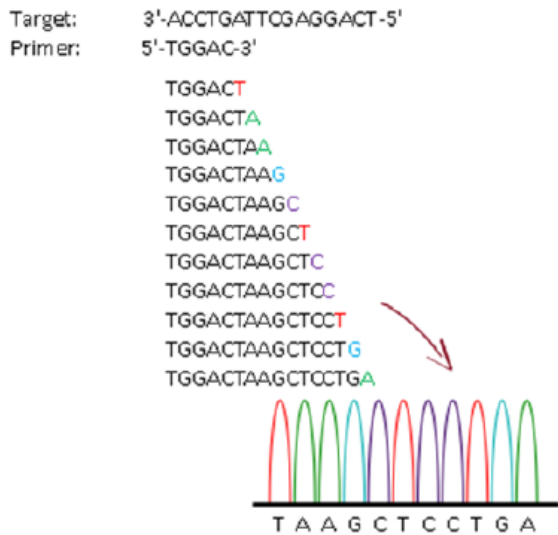


Şekil 2: STR markırları kullanılarak yapılan analiz aşamaları (Richard, 2015b adapte edilmiştir)

2.4 Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi (Next Generation Sequencing, NGS)

Sanger dizileme yönteminin 1977’de tanıtılmasından günümüze kadar geçen sürede dizileme teknolojisi moleküler biyoloji ve genetik alanında gerçekleştirilen bilimsel çalışmaların temelini oluşturmuştur (Sanger et al., 1977). Sanger dizileme yöntemi PCR ile büyük oranda benzerlik göstermektedir. Dizileme yapılabilmesi için tek zincirli DNA kalıbı, primer, DNA polimeraz enzimi, deoksi nükleotit trifosfatlar (dNTPs) ve PCR reaksiyonundan farklı olarak dideoksi nükleotit trifosfatlar (ddNTP) gereklidir. ddNTP’ler yeni sentezlenen DNA zincirine dNTP’ler gibi eklenir. Fakat dNTP’lerden farklı olarak ddNTP’ler 3’OH ucu içermezler. Böylece zincire yeni nükleotid bağlanmasını engelleyerek zincir uzamasını durdururlar. Zincir sonlandırma yöntemi olarak da bilinen bu yöntem dört farklı reaksiyon tüpünde gerçekleştirilir. Her bir tüp içerisine normal dNTP’lerin yanı sıra işaretli bir tür ddNTP düşük konsantrasyonda eklenir. DNA dizisi

elektroforez ile okunabilir. Günümüzde sekans floresan etiketli ddNTP'ler kapiler elektroforez ile tek bir tüpte belirlenebilir (Bruijns et al., 2018)(Şekil 3). Sanger dizileme teknolojisini ve kapiler elektroforez yöntemini kullanan otomatize edilmiş dizileme makineleri insan genom projesinin tamamlanmasında önemli bir rol oynamıştır. (Human Genome Sequencing Consortium, 2004). Piyasa da uzun yıllar baskın olan bu teknoloji birinci nesil dizileme teknolojisi olarak bilinmektedir (Bruijns et al., 2018). Daha sonraki yıllarda arasında sentez yoluyla dizileme prensibine dayalı ikinci nesil dizileme teknolojileri piyasaya tanıtılmaya başlanmıştır. Sanger metodundan farklı olan bu teknoloji, klonlama yapılmasına ve okuma yapılması için kapiler elektroforez yöntemine ihtiyaç duymaz. Bu teknik ile Sanger yöntemine kıyasla daha ucuz ve yüksek işlem hacmine sahip analiz yapılabilme mümkündür (Bruijns et al., 2018; Yang et al., 2014). Son yıllarda tanıtılmaya başlanan üçüncü nesil dizileme teknolojisi ise tek molekül dizileme prensibi ile dizileme yapabilmektedir. Kütüphane oluşturulmasına ve PCR amplifikasyonuna ihtiyaç duymayan bu teknoloji ile ikinci nesil dizileme teknolojisine kıyasla daha yüksek verimde dizileme yapılabilir (Børsting & Morling, 2015).



Şekil 3 :Sanger dizileme yönteminin şematik gösterimi(Bruijns et al., 2018)

Tablo 2: Dizileme Teknolojisinin Tarihsel gelişimi (Shendure et al., 2017; Mardis, 2017)

YIL	Kronolojik Olay
1953	İnsülin proteinin dizilenmesi
1965	Alanin tRNA dizilenmesi
1968	Faj lambda DNA'sının yapışkan uçlarının dizilenmesi
1977	Maxam–Gilbert dizilemesi yönteminin keşfi
1977	Sanger dizileme yönteminin keşfi
1984	PCR yönteminin geliştirilmesi
1986-1987	Elektroforetikte floresan tespiti dizileme
1988	Kademeli dNTP birleşimi ile DNA dizilemenin ilk örnekleri
1990	Eşleştirilmiş uç dizileme yönteminin keşfi
1995	Yüksek hacimli kapiler DNA dizilimi yönteminin geliştirilmesi
1996	Pirodizileme yönteminin keşfi
1999	Jellerde in vitro DNA kolonileri oluşturulması
2000	Ligasyon ile paralel imza dizileme
2003	Küreler üzerinde in vitro DNA kolonileri oluşturmak için Emülsiyon PCR yöntemi uygulanması
2003	Sentez yöntemi ile tek molekül paralel dizileme yöntemi
2003	Jellerde in vitro DNA kolonilerinin sentezlenmesi ile dizileme
2005	Küreler üzerine in vitro DNA kolonilerinin ligasyonu ile dizileme
2005	454 dizileme yönteminin piyasaya sürülmesi
2006	Solexa (Illumina) dizileme yönteminin piyasaya sürülmesi
2007	ABI SOLiD dizileme yönteminin piyasaya sürülmesi

2008	Helicos Helioscope dizileme yönteminin piyasaya sürülmesi
2010	Ion Torrent dizileme yönteminin piyasaya sürülmesi
2010	Pacific Biosciences SMRT dizileme yönteminin piyasaya sürülmesi
2014	Oxford Nanopore MinION dizileme yönteminin piyasaya sürülmesi
2015	Qiagen Gene Reader dizileme yönteminin piyasaya sürülmesi

2.4.1 İkinci Nesil Dizileme

İkinci nesil dizileme teknolojilerinin sahip olduğu temel fikir kütüphanesi oluşturulan ve bu sırada her iki ucuna spesifik adaptör sekansı bağlı DNA parçalarının bir yüzeye (düzlemsel yüzey veya küre) bağlanıp daha sonra PCR ile amplifikasyonu yapıp farklı metotlar ile dizilenmesidir (Alvarez-Cubero et al., 2017).

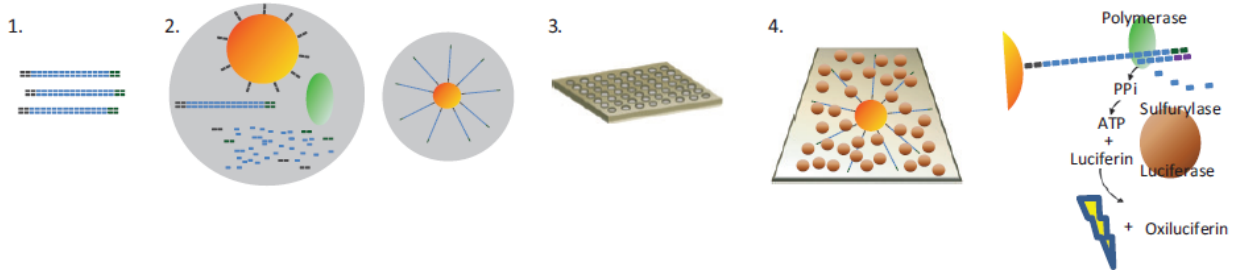
2.4.2 Pirodizileme

Yeni nesil dizileme teknolojisinin ilk ürünü olan 454 sistemi pirodizileme yöntemiyle dizileme prensibinden faydalanmaktadır Ticari olarak başarılı olan ilk ikinci nesil dizileme teknolojisi olan 454 dizileme sistemi 2005 yılında piyasaya tanıtılmıştır. Bu dizileme teknolojisi 2007 yılında Roche tarafından satın alınmıştır. Büyük ve kompleks genomları dizileyebilen teknoloji 8000-1000 bp uzunluğunda okuma yapabilmekteydi. 454 dizileme sistemi pirokeskanslama kullanarak insan genomunu 5 ayda sekanslamayı mümkün kılmıştır (Margulies, et al., 2005) Ancak gelişen yeni teknoloji ve sekanslama yöntemleriyle beraber bu cihaz 2015 yılında üretimden kaldırılmıştır (Alvarez-Cubero et al., 2017; Børsting & Morling, 2015).

Gerçek zamanlı dizileme yapabilen Pirodizileme (pyrosequencing) 1996 yılında Sanger dizileme yöntemine alternatif olarak tanıtılmıştır (Ronaghi et al., 1996). Pirodizileme yöntemi Sanger dizileme yöntemine kıyasla daha hızlı ve ucuz dizileme yapabilmektedir (Børsting &

Morling, 2015). Pirodizileme ile dizileme yapılmadan önce DNA kütüphanesi hazırlanması gerekmektedir. Kütüphane hazırlanırken, DNA fiziksel veya kimyasal yöntemler ile parçalara ayrılır. Daha sonra parçalanmış DNA dizilerinin uçlarına spesifik adaptör dizileri eklenir. Adaptör dizilerinin eklenmesi amacı DNA parçalarını katı bir yüzey üzerinde tutturabilmektir. Katı yüzey daha öncede belirtildiği gibi küresel veya düzlemsel olabilmektedir (Alvarez-Cubero et al., 2017;Bruijns et al., 2018). Eğer 454 sisteminde olduğu gibi DNA parçaları kürecikler üzerine tutturulmuş ise bir sonraki aşamada ise yüzeye tutturulmuş DNA parçaları emülsiyon bazlı klonal amplifikasyon (em-PCR) yöntemi ile çoğaltılır. Emülsiyon PCR ile DNA, bir yağ çözeltisi ile çevrili bir su damlasının içerisindeki kürecikte çoğaltılır. Bu yöntemle düşük hata oranı ile PCR yapılabilmektedir (Zhu et al., 2012).

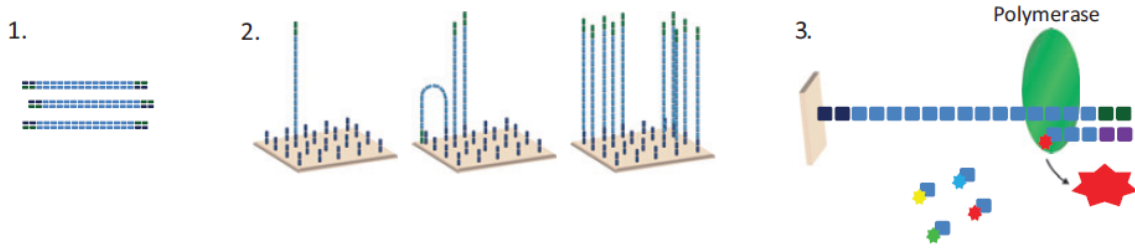
Katı yüzeye tutturulmuş DNA parçaları daha sonra sentez yoluyla dizileme yapılmak üzere 3.6 milyon kadar kuyu içeren plate içerisine aktarılır (Üstek et al., 2011). Her kuyu 1 tane kürecik ve dizileme için gerekli enzimleri (DNA polimeraz, ATP sülfirilaz, lusiferaz, apiraz) içerecek şekilde inkübe edilir (Alvarez-Cubero et al., 2017). Bu yöntem ile dizileme yapılırken şablon DNA zinciri üzerinden tamamlayıcı zincir sentezlenmesi reaksiyonu sırasında kullanılan polimeraz enziminin aktivitesinden faydalanılır. Reaksiyon sırasında tamamlayıcı DNA zincire eklenen nükleotid bazının tespiti, kemiluminesans bir enzim tarafından yapılır. Yeni nükleotid zincire eklendikten sonra oluşan pirofosfat (PPi) ATP sülfirilaz enzimi ile ATP'ye dönüştürülür, ardından lusiferaz enzimi ATP'yi ve lusiferini oksilusiferine dönüştürür. Eşleşmemiş nükleotidler ise apiraz enzimi tarafından parçalanır. Bu sırada yayılan ışık ise CCD (charge-coupled device) kamera tarafından tespit edilir ve doğru nükleotidin zincire eklendiği bilgisini verir. Böylelikle kütüphanesi yapılmış DNA dizilenebilir (Bruijns et al., 2018 ; Ronaghi et al., 1999).



Şekil 4 : Pirodizileme yöntemi şematik gösterimi. 1) Bağlanan adaptörler ile DNA kütüphanesi. 2) Emülsiyon bazlı klonal boncuklarla çoğaltma. 3) Sentez yoluyla dizileme yapılmak üzere kuyu içeren plate içerisine aktarma. 4) ATP sülfürlaz yardımı ile DNA şablonu sıralı nükleotidlerle uzaması(Alvarez et al., 2017).

2.4.3 Sentez ile Dizileme

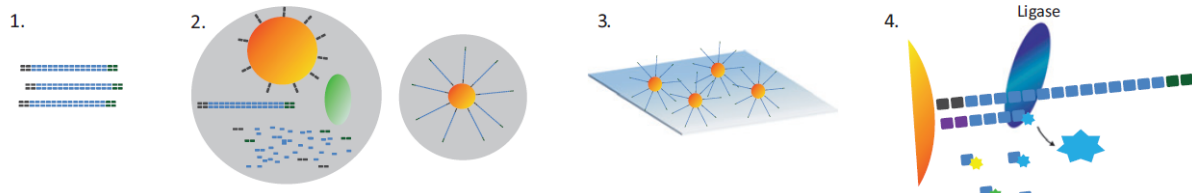
Bir diğer sentez yolu ile yeni nesil dizileme yapabilen teknoloji ise 2006 yılında Solexa tarafından tanıtılmış akabinde Illumina tarafından satın alınmıştır. 454 sisteminden farklı olarak küre şeklindeki moleküller üzerine sabitleme yerine düzlemsel katı cam desteği kullanılmıştır (Yang et al., 2014 ; Alvarez-Cubero et al., 2017 ; Bruijns et al., 2018) Sentez yoluyla dizileme, floresan etiketli dNTP'ler ile gerçekleştirilir. Büyüyen zincire her bir nükleotidin ilave edilmesi bir kamera tarafından tespit edilir (Børsting & Morling, 2015). 454 dizileme sisteminde olduğu gibi kütüphanesi hazırlanan ve adaptör bağlanan DNA parçaları kürecikler yerine düzlemsel cam bir yüzey üzerine tutturulur. Hedef DNA'nın diğer ucu da destek üzerinde mevcut olan tamamlayıcı diziye hibridize olduğunda, bir köprü yapısı oluşturulur. Bu yapı köprü amplifikasyonu yöntemiyle çoğaltılır. Daha sonra linearizasyon enzimi yardımıyla çift zincirler birbirinden ayrılarak tek zincirli DNA kümeleri elde edilir. Bu kümeler dizileme yapılması için şablon olarak kullanılacaktır. Akabinde kesilebilir floresan etiketlere ve çıkarılabilir engelleme grubuna sahip dört farklı ddNTP (ddATP, ddGTP, ddCTP, ddTTP) şablonu tek seferde bir baz ekleyerek ve CCD kamerayla floresan sinyalini kaydederek tamamlar. Elde edilen sinyal ile DNA dizisi belirlenebilir (Bruijns et al., 2018 ; Liu et al., 2012).



Şekil 5: Illumina tarafından kullanılan sentez yolu ile dizileme yönteminin şematik gösterimi. 1) Illumina'ya özgü adaptörler ile DNA kütüphanesi oluşturulması. 2) İmmobilize adaptörler yardımı ile çoğaltma. 3) Floresan etiketli dNTP eklenmesi ile sekanslama. (Alvarez et al., 2017)

2.4.4 Ligasyon ile Dizileme

2007 yılında Applied Biosystem (ABI) tarafından tanıtılan SOLID sistemi oligonükleotid ligasyon tekniğini ile dizileme yapmaktadır (Yang et al., 2014 ; Alvarez-Cubero et al., 2017). Bu teknik ile dizileme, DNA ligaz enziminin katalize ettiği ligasyon reaksiyonu yardımıyla yapılır. Bu teknik ile dizileme yapılırken pirodizileme de olduğu gibi DNA kütüphanesi oluşturulup, adaptör dizileri DNA uçlarına bağlanır. Daha sonra adaptör bağlanan DNA dizileri katı küreciklere hibridize edilip emülsiyon bazlı klonal amplifikasyon (em-PCR) yöntemi ile çoğaltılır. DNA kütüphanesini taşıyan bu kürecikler daha sonra cam bir yüzey üzerine immobilize edilir. İmmobilize kürecikler primer ligaz ve boya bazlı proplar ile birleştirilir. Boya bazlı proplar, flüoresan boyalarla etiketlenir. Tamamlayıcı prob şablon dizisine hibridize olur ve ligaz enzimi ile bağlanır. Floresans ölçüldükten sonra, boya ayrılır ve bir sonraki reaksiyonun başlayabilmesi için DNA'nın beş ucunda bulunan fosfat grubu serbest bırakılır. Bu işlem tekrarlanarak DNA dizisi tespit edilir (Alvarez-Cubero et al., 2017 ; Børsting & Morling, 2015 ; Bruijns et al., 2018).

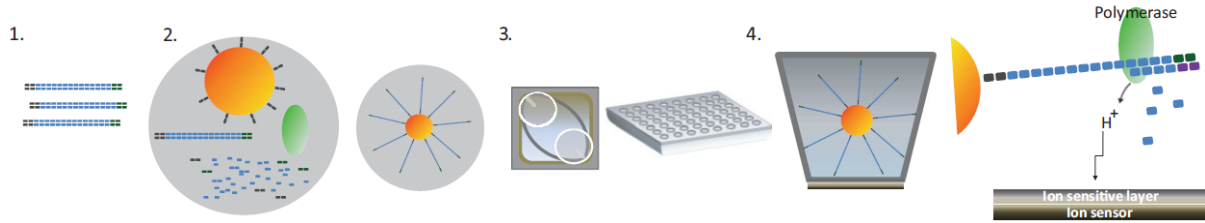


Şekil 6:SOLID sistemi tarafından kullanılan ligasyon yolu ile dizilemenin şematik gösterimi. 1) Adaptör sekansını tamamlayan primerin ampikon taşıyan boncuklara hibritlenmesi 2) Fragment çoğaltılması. 3) Katı yüzeye immobilizasyon. 4) Sekanslama ve sinyal algılanması(Alvarez et al., 2017).

2.4.5 İyon Yarı İletken Dizileme

2011 yılında ise Life Technologies tarafından Ion Torrent Personal Genome Machine (PGM) dizileme teknolojisi piyasaya tanıtılmıştır. Tespit metodu diğer teknolojilerden farklı olan bu sistemde iyon yarı iletken dizileme tekniği ile dizileme yapmaktadır. Dizileme sırasında nükleotid tespiti floresans yerine sentez sırasındaki pH değişimini esas alınarak yapılır (Alvarez-Cubero et al., 2017; Bruijns et al., 2018). Bu yöntem pirodizileme ve ligasyon yolu ile dizilemede olduğu gibi kütüphanesi hazırlanan ve adaptör bağlanan DNA parçalarını çoğaltmak için emülsiyon bazlı klonal amplifikasyon (em-PCR) tekniğini kullanır. DNA parçalarının bağlı olduğu küreler, yüzeyinde milyonlarca mikrokuyu içeren bir çip içine bırakılır. Çip içerisine yapılan bağımsız ve ardışık nükleotid akışlarından sonra, polimeraz enzimi ile şablon DNA zincirine nükleotit dahil edilirse, ortama proton salınır. Hidrojenin bu salımı, çipin her bir kuyusunun dibinde pH değişikliğine neden olur. Bu değişiklik "iyon duyarlı tabaka" tarafından tespit edilir ve okunabilir sinyale dönüştürülür. Bu voltaj sinyali eklenen nükleotid sayısı ile doğru orantılıdır. Ion Torrent sekanslayıcılar okuma uzunluğu 200, 400 ve 600 baz çifti olan ve iyon proton sekanslayıcı için işlem hacmi 10 gigabayta erişebilen dizilemeler üretebilir. Bu yöntem floresan kamera tespitine ihtiyaç duymayan ilk ticari dizileme teknolojisidir. Bu yöntem diğer ikinci nesil dizileme

tekniklerine kıyasla daha ucuza daha hızlı dizileme yapabilmektedir (Alvarez-Cubero et al., 2017; Kchouk, Elloumi, & Gibrat, 2017; Teng et al., 2012).



Şekil 7: Ion Torrent tarafından kullanılan Ion Semikondüktör Dizileme yönteminin şematik gösterimi. 1) Bağlanan adaptörler ile DNA kütüphanesi oluşumu. 2) Kütüphanenin küre parçacıkları çevresinde çoğaltılması. 3) Kütüphane kaplı kürelerin mikroçipe aktarılması. 4) Nükleotid bağlanması ile hidrojen iyonu salınımı ile sinyal algılanması (Alvarez et al., 2017).

2.4.6 Üçüncü Nesil Dizileme

Daha önce, ikinci nesil dizileme platformları genellikle yeni nesil sıralama veya büyük ölçüde paralel dizileme platformları olarak nitelendiriliyordu. Bununla birlikte, tek molekül diziliminin tanıtılmasıyla bu platformlar ikinci nesil dizileme teknolojisi olarak nitelendirilmiştir. Tek molekül dizilimi yapabilen sistemler ise üçüncü nesil dizileme teknolojisi olarak nitelendirilmiştir (Børsting & Morling, 2015). İkinci nesil dizileme teknolojisi platformların en büyük dezavantajı, yapılan okuma uzunluklarının kısa olmasıdır. Bir diğeri ise dizileme yapılmadan önce yapılması gereken kütüphane hazırlama sürecinin zahmetli olmasıdır (Bruijns et al., 2018). Gerçek zamanlı okuma yapılabilen üçüncü nesil dizileme teknolojisi ile ikinci nesil dizileme teknolojisine kıyasla daha hızlı dizileme yapılabilir. PCR amplifikasyonuna ihtiyaç duymayan bu teknoloji ile daha uzun DNA parçaları daha az hata ile okunabilir (Alvarez-Cubero et al., 2017 ; Bruijns et al., 2018). Tek molekül dizilimi yapabilen üçüncü nesil dizileme teknolojisi ticari olarak ilk defa HeliScope sistemi adıyla Helicos Biosciences tarafından 2007 yılında piyasaya tanıtılmıştır. 2012 yılında iflas eden Helicos Biosciences tarafından üretilen bu sistem ile yaklaşık bir günde dizileme

yapılabilmektedir (Alvarez-Cubero et al., 2017; Bruijns et al., 2018; Børsting & Morling, 2015) Akabinde tek molekülli, gerçek zamanlı (single molecule real time ,SMRT) DNA dizileme teknolojisini kullanan PacBio sistemi Pacific Biosciences tarafından piyasaya 2011 yılında tanıtılmıştır. HeliScope ve PacBio platformları, sentez bazında dizileme yaklaşımını kullanır (Børsting & Morling, 2015). 2014 yılında ise Oxford Nanopore Technologies tarafından nanopor sistemi ile dizileme yapabilen MinION™ tanıtılmıştır. Yaklaşık 100 gr ağırlığına sahip olan bu cihaz USB ile bilgisayara bağlanabilmektedir (Bruijns et al., 2018). Bazı kaynaklar bu tekniği dördüncü nesil dizileme teknolojisi olarak da nitelendirmektedirler (Alvarez-Cubero et al., 2017).

2.5 STR Analizinde CE ve NGS Yöntemlerinin Karşılaştırılması

Adli genetik analizlerinde sıklıkla kullanılan PCR ve CE teknikleri kullanılarak yapılan genetik analizler adli bilimler için önemli bir yere sahip olsa da birtakım dezavantajlara sahiptirler. Bu dezavantajlardan biri CE ile yapılan STR genotiplemesinin eş zamanlı olarak amplifikasyonunu yapıp tespit edebileceği lokus sayısının sınırlı olmasıdır (J. M. Butler & Hill, 2012). Özellikle birden fazla genomik markırın (otozomal, gonozomal veya mtDNA) aynı anda analizi yapılmak istenirse birden fazla PCR reaksiyonuna ve CE elektroforez analizine ihtiyaç duyulur. Bu durum kısıtlı miktarda bulunan DNA örneğini ile sadece tek bir markırın analizinin yapılabilmesini zorunlu kılabilir. Böyle bir durumda hangi markır için analiz yapılacağı seçilmek zorundadır (Barbisin & Shewale, 2010). CE ile yapılan STR genotiplemesinin bir diğer dezavantajı ise zarar görmüş DNA örneğinden yeterli genomik bilginin alınamamasıdır (Hughes-Stamm, Ashton, & Van Daal, 2011). Son dezavantaj ise CE ile yapılan STR analizin sadece uzunluğa dayalı olması, aynı uzunlukta fakat farklı diziye sahip aleller veya STR tekrar bölgeleri içerisinde olabilecek mutasyonlar hakkında bilgi vermemesidir (Yang et al., 2014) (Alvarez-Cubero et al., 2017). Bu

durum özellikle tek yumurta ikizlerinin dahil olduğu adli vakalarda CE ile yapılan analizleri imkânsız hale getirmektedir (Weber et al., 2014).

Moleküler biyoloji tekniklerinin gelişmesiyle özellikle 2001 yılında insan genom projesinin tamamlanması biyoloji ve genetik alanında yeni bir dönemin başlamasına yol açmıştır (Consortium, 2001; Venter et al., 2001). Bu durum adli amaçla yapılan DNA profillemeye analizlerinin de DNA dizileme yapılarak yapılabilmesinin de önünü açmıştır (Yang et al., 2014).

DNA dizileme yönteminin adli amaçlı analizlerde kullanılması serüveni, 1990 yılların başlarında insan kimliklendirmesi yapılabilmesi için mitokondriyal DNA'nın (mtDNA) Sanger yöntemi kullanılarak dizilenmesiyle başlamıştır (Ginther et al., 1992 ; Sullivan et al., 1992). Sanger dizileme yönteminin sahip olduğu dezavantajlar, (düşük işlem hacmi, yüksek maliyet) CE teknolojisindeki gelişmeler ve oldukça hassas PCR bazlı STR analizlerinin geliştirilmesi ile 1990'lı yıllarda adli genetikte DNA dizilimine duyulan ihtiyaç kademeli olarak azalmıştır (Yang et al., 2014 ; Børsting & Morling, 2015). Son yıllarda ortaya atılan yeni nesil dizileme teknolojisi (NGS) ise düşük maliyetle, yüksek işlem hacmiyle ve yüksek doğrulukla dizileme yapabilmektedir. NGS teknolojileri, STR birimlerinde hem tekrar sayısını hem de dizi polimorfizmlerini tanımlar. Böylece NGS, bir STR amplikon karışımında bulunan alellerin bireysel sekanslarını üretebilir (Alvarez-Cubero et al., 2017). NGS kullanılarak yapılan STR analizleri CE kullanılarak yapılan STR analizlerinin sahip olduğu sorunları çözme potansiyeline sahiptir. NGS ile yapılan STR analizlerinin düşük maliyetli ve yüksek işlem hacminde olmasının yanı sıra bu teknoloji ile eş zamanlı olarak otozomal ve gonozomal çok sayıda STR lokusunun tespiti yapılabilir (Yang et al., 2014 ; Børsting & Morling, 2015). Yeterli sayıda STR lokusunun tespitiyle babalık/soy ve kimliklendirme testlerinde ve diğer adli olaylarda geleneksel yöntemlere kıyasla daha kesin

sonuçlar elde edilebilir (Børsting & Morling, 2015; Bruijns et al., 2018). NGS'nin sahip olduğu bu avantajlar adli amaçlı yapılan DNA profillemeye çalışmaları için ümit vadetmektedir.

2.6 DNA Sonuçlarının İstatistiksel Hesabı

Temelde üç farklı yaklaşım ile DNA analiz sonuçlarını yorumlamak mümkündür (Fung & Hu, 2008):

2.6.1 Frekansçı Yaklaşım

Frekansçı yaklaşım temelini, herhangi bir DNA profilinin o toplumda görülme sıklığına dayandırmaktadır. Rasgele eşleşme olasılığı (Random Match Probability-RMP) ile, analiz sonucunda elde edilen DNA profilinin toplumda görülme sıklığı hesaplanmaktadır. Popülasyonun sahip olduğu veri tabanında, analiz edilen DNA bölgelerine ait frekanslarının birbirleriyle çarpımı ile RMP hesaplanır. Bu yaklaşım “DNA profili”ne odaklanmakta, ancak bu durum bazı yanılgılara sebep olabilmektedir. Örneğin; şüpheliye ait DNA profilinin frekansı milyarda 1 olarak bulunduğunda, DNA profilinin bir başkasına ait olma olasılığı yine milyarda 1'dir. Fakat burada mantık hatası olduğu açıktır. Bu ve buna benzer durumlar, adli genetikte frekansçı yaklaşımın pek kullanılmamasına neden olmuştur (Fung & Hu, 2008).

2.6.2 Benzerlik Oranı Yaklaşımı

Benzerlik oranı yaklaşımı, aynı vakada birbirine zıt iki durumun gerçekleşme olasılığının hesaplanması esasına dayanmaktadır. Literatürde Bayes teoremi benzerlik oranı yaklaşımı ile birlikte değerlendirilse de temelde ciddi farklar barındırmaktadır. Benzerlik oranı yaklaşımında önemli olan DNA analiz sonucu iken, Bayes teoreminde DNA dışındaki delil ve durumlar da hesaba katılmaktadır. Benzerlik oranı yaklaşımına göre şüpheliye ait DNA profilinin olay yerinden elde edilen delilden elde edilen DNA profili ile uyuşması durumunda kurulacak iki hipotez şu şekilde olacaktır:

-H1: Biyolojik örneğin kaynağı şüphelidir

-H2: Biyolojik örneğin kaynağı şüpheli değildir (Toplumdaki başka bir bireydir)

Böylece benzerlik oranı (Likelihood Ratio-LR):

$$LR = \frac{H1}{H2}$$

şeklinde ifade edilmektedir(Fung & Hu, 2008).

Biyolojik örneğin kaynağı şüpheli ise H1=1 olacaktır. H2 hipotezi ise suçu aynı profile ait başka bir bireyin işlediğini savunacaktır. Şüpheliye ait DNA profilinin toplumda görülme frekansı “p” olarak ifade edilmek üzere H2 değeri şüpheli kişinin DNA profilinin homozigot veya heterozigot olmasına göre iki farklı şekilde ifade edilmektedir. Şüpheli profili homozigot ise H2 değeri p^2 , heterozigot ise bu değer $2p_1p_2$ olarak ifade edilmektedir. Bu durumda LR değeri;

$$LR = \frac{1}{2p_1p_2}$$

olarak ifade edilmektedir. Bulunan LR değeri 1’den büyükse H1 hipotezini, 1’den küçükse H2 hipotezini desteklemektedir. Evett ve Wier tarafından geliştirilen güç göstergesi Tablo 3’da gösterilmiştir(Evett & Wier, 1998).

Tablo 3: Evett ve Wier tarafından geliştirilen güç gösterge tablosu

LR değeri	Delilin H1 değerini destekleme değeri
1-10	Sınırlı destekleme
10-100	Orta dereceli destekleme
100-1000	Güçlü destekleme
1000 ve üzeri	Çok güçlü destekleme

LR'nin sayısal değerini 100 kabul edersek, bu durumda olayın H1 hipotezi ile açıklanma durumu H2 hipotezi ile açıklanma durumunda 100 kat daha olasıdır. Bu yaklaşım birbirinden farklı iki hipotezi inceleyerek karşılaştırdığından adli genetik vakalarında, istatistik hesaplamaları için yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. Ancak bu yaklaşımın da yetersiz kaldığı durumlar mevcuttur. Örneğin; olay yerinden elde edilen delile ait DNA profili ile yüksek oranda uyum sağlayan DNA profiline sahip bir şüphelinin, olay yerinde olamayacağına dair kabul edilebilir kesin deliller sunması, bu olay için benzerlik oranı yaklaşımını geçersiz kılmaktadır.

2.6.3 Bayes Teoremi

Bu yaklaşıma göre bir olayın son olasılığı (posterior probability) hesaplanırken matematiksel hesaplamalar dışında sübjektif olaylar da dikkate alınmaktadır. Bu yönüyle bu teoremin koşullu olasılık olduğu söylenebilir. Sübjektif bilgi, ön olasılık (prior probability) olarak ifade edilmektedir. Bu teoreme göre son olasılık; ön olasılık ve LR değerinin çarpımı ile elde edilmektedir (Evet & Wier, 1998).

Son Olasılık= LR (Benzerlik Oranı) x Ön Olasılık

Bu denkleme göre DNA profili dışındaki kanıtlar son olasılık değerini arttırabilmekte veya tamamen geçersiz kılabilmektedir. Önceki kısımda verilen örnekte olduğu gibi, olay yerinden elde edilen DNA profiline yüksek oranda benzerlik göstermesine rağmen orda olamayacağını kesin delillerle kanıtlamış biri için ön olasılık değeri sıfır (0) olacaktır. Bu durumda son olasılık değeri de sıfır olacağından şüphelinin suçlu olmadığı anlaşılabilecektir.

Sonuç olarak bu teoremin uygulanabilmesi için DNA laboratuvarının elde ettiği benzerlik oranı yeterli olmamakta ve adli birimlerin (hakim, savcı) bu olayla ilgili ön olasılık değeri için gerekli bilgileri paylaşmaları gerekmektedir (Fung & Hu, 2008).

2.6.4 Babalık İndeksi Hesaplaması

Adli tıpta kimliklendirmede kullanılan PCR'a dayalı STR analizleri aynı zamanda babalık tayininde de kullanılır. DNA örneklerinin eldesi, izolasyonu ve amplifikasyonu bakımından adli tıp analizleri ve babalık testleri aynı şekilde yapılır. Fakat eşleşmelerin hesaplanması için kullanılan matematik iki uygulama arasında farklılık gösterir.

Babalık indeksi ('Paternity Index', PI) babalık ihtimalini tanımlar. PI şu şekilde hesaplanır:

$$PI = \frac{X}{Y}$$

Bu formülde X baba olduğu iddia edilen kişinin gerçekten baba olma ihtimali ve Y de aynı ırktan rastgele seçilen birinin gerçek baba olma ihtimalidir. Babalık indeksinin hesaplanması kalıtım modeline dayanır (Stephenson, 2016). PI hesabı için gerekli olan anne, baba ve çocuğun genotipleri; pay (X) ve payda (Y) değerleri aşağıdaki tabloda verilmiştir (Tablo 4).

Tablo 4: PI hesabı için gerekli olan genotip ve X ve Y değerleri tablosu (Stephenson, 2016)

Genotipler			Pay (X değeri)	Payda (Y değeri)
Anne	Çocuk	Baba Adayı		
AA	AA	AA	1	p_A
AA	AA	AB	1/2	p_A
AA	AA	BC	0	p_A
AB	AA	AA	1/2	$p_A/2$
AB	AA	AB	1/4	$p_A/2$
AB	AA	AC	1/4	$p_A/2$
AB	AA	BC	0	$p_A/2$
AA	AB	AB	1/4	$p_B/2$

AA	AB	BB	1	p_B
AA	AB	BC	$1/2$	p_B
AA	AB	CD	0	p_A
AB	AB	AA	$1/2$	$(p_A+p_B)/2$
AB	AB	AB	$1/2$	$(p_A+p_B)/2$
AB	AB	BC	$1/4$	$(p_A+p_B)/2$
AB	AB	AC	$1/4$	$(p_A+p_B)/2$
AB	AC	AC	$1/2$	p_C
AB	AC	CD	$1/4$	$p_C/2$
AB	AC	BC	$1/4$	$p_C/2$
AB	BC	CC	$1/2$	$p_C/2$
AB	BB	AB	$1/4$	$p_B/2$
AB	BC	BC	$1/2$	p_C
AB	BC	CD	$1/4$	$p_C/2$
AB	AB	CD	0	$(p_A+p_B)/2$
AC	AB	BB	$1/2$	$p_B/2$
AC	AB	BD	$1/4$	$p_B/2$
AC	AB	BC	$1/4$	$p_B/2$
AC	AB	CD	0	$p_B/2$

A, B, C ve D muhtemel alelleri ve “p” de olasılığı (alel frekansı) belirtmektedir. Örneğin, “ p_A ” A alelinin babalık iddiası bulunan kişinin ırkının popülasyon verilerindeki frekansını belirtir. Buradaki alel frekansı toplam alel sayısının popülasyondaki oranını ifade etmektedir. X ve Y

kromozomu dışındaki kromozomlar üzerinde bulunan polimorfizmler için her birey lokus başına biri babadan biri de anneden olmak üzere iki alel taşır. Bu sebeple bir popülasyonda birey sayısının iki katı kadar alel sayısı mevcuttur. Belirli bir alelin sayısını hesaplarken homozigot bireylerin her biri toplam alel sayısına bu alelden iki adet katkıda bulunurken, heterozigot bireylerin her biri her alel için yalnızca bir adet katkıda bulunur. A alelinin üç alelli bir sistemde frekans hesabı şu şekilde yapılır:

$$\text{Alel A frekansı} = \frac{[2(\# \text{ of AA'lar}) + (\# \text{ of AB'ler}) + (\# \text{ of AC'ler})]}{2n}$$

Buradaki “n” araştırmaya katılan kişi sayısıdır. Diğer alellerin frekansları da benzer şekilde hesaplanır. Spesifik bir lokusun tüm alel frekanslarının toplamı 1,0’a eşit olmalıdır (Stephenson, 2016).

Annenin genotipi bilinmese bile PI hesabı yapılabilir. Kalıtım paterni ve buna karşılık gelen PI hesaplaması aşağıdaki tabloda verilmiştir (Tablo 5).

Tablo 5: Annenin genotipinin olmadığı durumlarda PI hesaplaması (Stephenson, 2016)

Çocuğun Genotipi	Baba Adayının Genotipi	Babalık İndeksi Hesaplaması
AA	AA	1/pA
AA	AB	1/2pA
AB	AB	(pA+pB)/4(pAxpB)
AB	BB	1/2pB
AB	BC	1/4pB

Eğer babalık tayininde birden fazla lokus kullanılıyorsa (ki genelde ayırım gücünü arttırdığı için bu şekilde yapılır), her lokus için ayrı ayrı hesaplanan PI değerinin birbirleriyle çarpımı kombine

babalık indeksini (Combined Paternity Index, CPI) verir. CPI değerinde aynı ırktan akrabalığı bulunmayan rastgele seçilmiş bir adamın biyolojik baba olma ihtimali hesaba katılır. Elde edilen CPI değeriyle aynı zamanda babalık iddiası bulunan kişinin gerçekten biyolojik baba olma olasılığı da belirlenebilir. Babalık olasılığı şu şekilde hesaplanır:

$$\text{Babalık Olasılığı} = (\text{CPI} / \text{CPI} + 1) \times 100$$

Babalık olasılığı teste tabi tutulmamış herhangi bir adamın biyolojik baba olma olasılığının %50 ve biyolojik baba olmama olasılığının da aynı şekilde %50 olduğu varsayılarak hesaplanır (Stephenson, 2016).

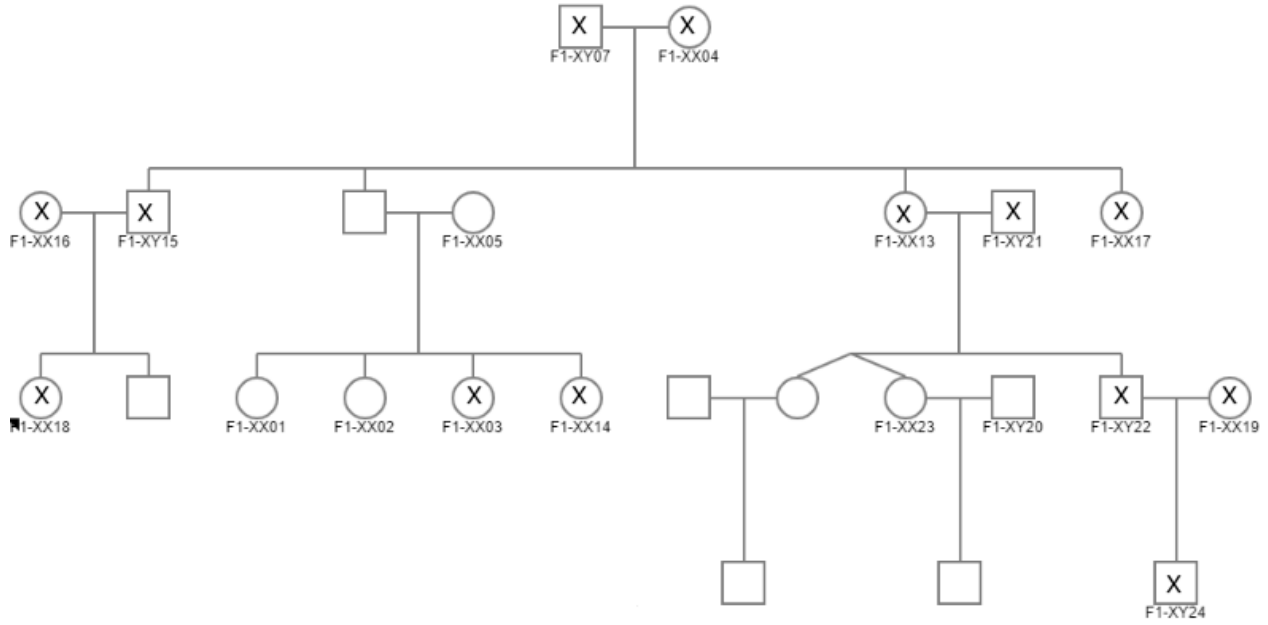
Babalık Testi Dışlama Olasılığı ('Probability Exclusion', PE) popülasyonda, çocuktaki babadan gelen zorunlu alelle eşleşen bir alel taşımayan tüm erkeklerin frekansına eşittir. PE şu şekilde hesaplanır: $PE = 1 - (p_A^2 + 2p_{APB})$.

Babalık Testi Onaylama Olasılığı ('Probability of Inclusion') ise çocuktaki babadan gelen zorunlu alelin eşleştiği erkeklerin frekanslarıdır. Onaylama olasılığı şu şekilde hesaplanır:

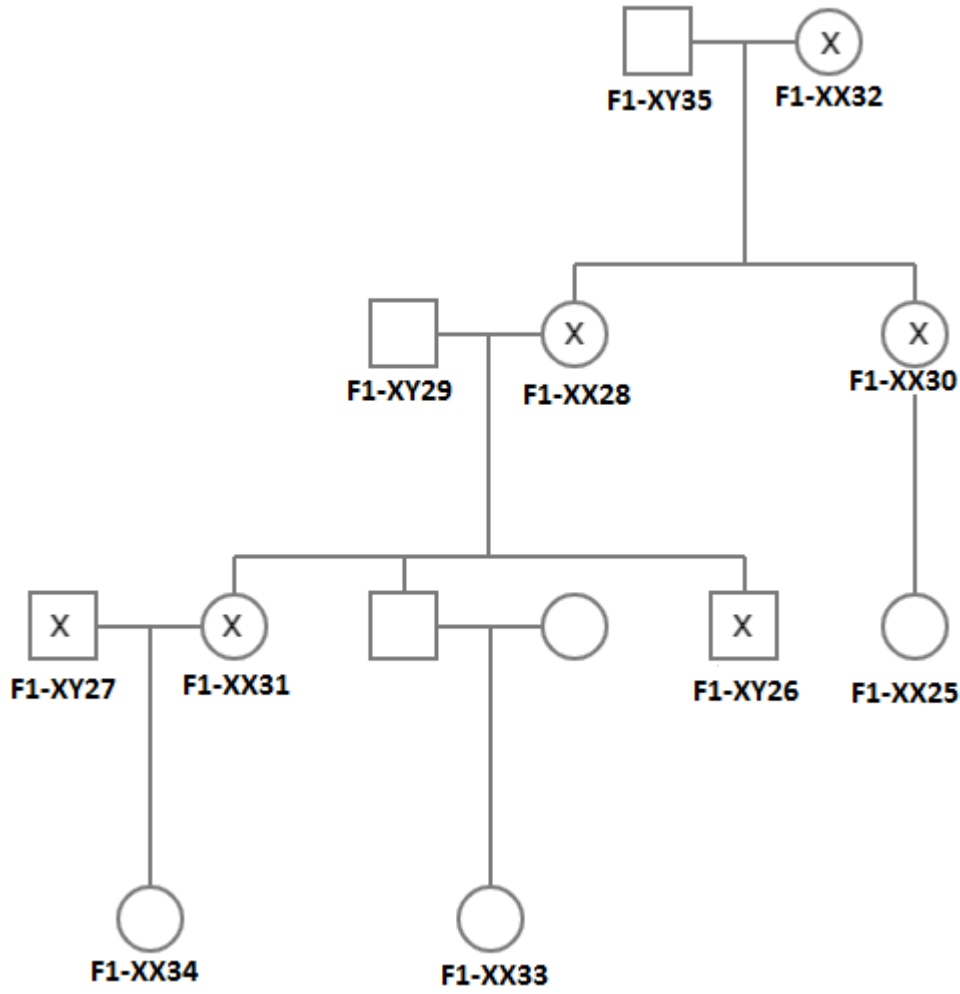
$$PE = 1 - \text{Babalık Testi Onaylama Olasılığı (Eisenberg)}.$$

3. GEREÇ ve YÖNTEM

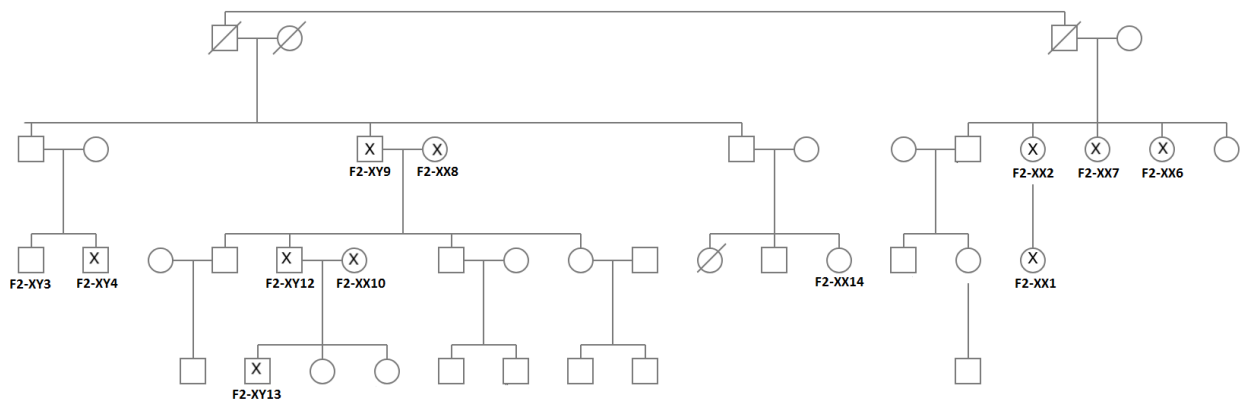
Bu çalışmada DNA örneklerinin bilimsel çalışmalarda kullanılmasına rıza gösteren, aralarında akrabalık ilişkisi bulunan gönüllülerden oluşan 32 bireyden alınan kan ve ağız içi sürüntü (swab) örnekleri kullanılmıştır. Bu çalışma, İstanbul Üniversitesi-Cerrahpaşa, Cerrahpaşa Tıp Fakültesi Klinik Araştırmalar Etik Kurulu'nun 08/06/2018 tarih ve 1448 sayılı kararı ile uygun görülmüştür (Ek 1). Örnekler dede, büyükbaba, baba ve torunlar gibi aile bireylerinden oluşmuştur. Aile soyağacı çizilerek akrabalıklar belirlenmiştir. Aile soyağaçları üzerinde bu çalışmada kullanılan örnekler işaretlenmiştir (Şekil 8-10).



Şekil 8: Birinci aileye ait soyağacı.



Şekil 9: İkinci aileye ait soyağacı.



Şekil 10: Üçüncü aileye ait soyağacı.

3.1 DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu bilinen bir silika yöntemle yapıldı. Bunun için QIAamp® DNA Mini Kit (Qiagen) ticari kiti kullanıldı. İzolasyon işlemi şu şekilde gerçekleştirildi:

Kan örnekleri için, 1,5 ml'lik santrifüj tüpüne, EDTA içeren 200 µl kan konuldu. Swab örnekleri için, 1,5 ml'lik santrifüj tüpüne örneğin bulunduğu swab konularak üzerine 400µl PBS eklendi. Bu aşamadan sonra kan ve swab örnekleri için aynı prptokol uygulandı. Örneğin bulunduğu tüpe 20 µl Proteinaz K ve 200 µl AL tamponundan eklenerek 20 saniye karıştırıldı (vortekstendi). 56 °C'de 10 dakika kadar inkübe edildikten sonra tüpteki karışımın dibe çökmesi amacı ile 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj gerçekleştirildi. Tüpe 200 µl %96'lık etanol eklenerek 15-20 saniye vortekslendi. Tüp daha sonra 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. QIAamp® kitinde bulunan spin kolonu 2 ml toplama tüpüne yerleştirildi, daha sonra bir önceki adımda elde edilen karışım toplama tüpünde bulunan kolona aktarıldı. Tüp 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildikten sonra filtratın bulunduğu tüp atıldı. QIAamp® kolonu 2ml'lik yeni tüpe yerleştirilerek kolona 500 µl AW1 eklendi ve 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Filtratın bulunduğu tüp atıldı. Kolon 2 ml'lik yeni bir tüpe yerleştirildi ve kolona 500 µl AW2 eklendi. 14000 rpm'de 3 dakika santrifüjden sonra yine filtratın olduğu tüp atıldı. Kolon 2ml'lik yeni tüpe yerleştirildi ve 14000 rpm'de boş bir şekilde santrifüjlenerek kolon membranının kuruması sağlandı. Daha sonra kolon 1,5 ml'lik yeni bir tüpe yerleştirildi ve 200 µl AE tamponu eklendi. Oda sıcaklığında 3 dakika inkübe edildikten sonra 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Bu aşamadan sonra DNA özütü elde edilmiş oldu ve kısa süreli saklamak için +4 °C'ye, uzun süreli saklamak için -20 °C'ye konuldu.

3.2 DNA Miktarının Belirlenmesi

DNA miktarları Qubit® Florometre (Invitrogen) cihazında Quant-iT™ dsDNA HS (High Sensitive) kiti kullanılarak belirlendi. DNA miktarları, floresans teknolojisi esasına dayanılarak yüksek hassasiyet ve doğrulukla ölçülmüştür. Ölçüm 260 nm dalgaboyunda gerçekleştirilmiştir. Bunun için şu adımlar izlenmiştir:

199 µl Quant-iT™ dsDNA HS buffer ve 1µl Quant-iT™ dsDNA HS reagent karışımı mevcut her örnek için hazırlandı. Cihazı kalibre etmek amacı ile Standart 1 ve Standart 2 olmak üzere kontroller kullanıldı. Cihaza özgü tüpe 10 µl Standart 1 ve 190 µl Buffer reagent eklendi, Standart 2 için aynı işlem tekrar edildi. Örnekler için yine cihaza özgü tüpe 199µl Buffer reagent ve 1 µl örnek eklendi. Daha sonra tüpler vortekslendi. Oda sıcaklığında 2 dakika inkübasyondan sonra Standart 1 ve Standart 2 sırası ile okutularak cihaz kalibre edildi. Örneğin bulunduğu tüp yerleştirilerek ölçüm yapıldı. DNA miktarları hesaplandı. PCR aşamasında kullanılmak üzere 1 ng olacak şekilde seyreltildi.

3.3 STR Analizlerinde Kullanılan Kitler

Bu çalışmada STR analizi için hem klasik PCR ve CE analizi hem de NGS analizi yapılmıştır. Kullanılan amplifikasyon kitlerinin içerdiği STR lokusları, kromozomal yerleşimleri ve tekrar dizileri Tablo 4'te görülmektedir.

Tablo 4: GlobalFiler™ PCR (Thermo Fisher Scientific) ve Precision ID GlobalFiler™ NGS STR Panel v2 (Thermo Fisher Scientific) Amplifikasyon kiti lokusları

Lokus	Kromozomal Yerleşim	Kromozom	Tekrar	Precision ID GlobalFiler™ NGS STR Panel (Thermo Fisher Scientific)	GlobalFiler™ PCR (Thermo Fisher Scientific)
D3S1358	3p21.31	3	TCTA/TCTG	✓	✓
vWA	12p13.31	12	TCTA/TCTG	✓	✓
D16S539	16q24.1	16	GATA	✓	✓
CSF1PO	5q33.3-34	5	AGAT	✓	✓
TPOX	2p23-2per	2	AATG	✓	✓
D1S1677	1q23.3	1	TTCC	✓	
AMEL	X: p22.1-22.3 Y: p11.2	X, Y	Indel	✓	✓
D8S1179	8q24.13	8	TCTA/TCTG	✓	✓
D21S11	21q11.2-q21	21	TCTA/TCTG	✓	✓
D18S51	18q21.33	18	AGAA	✓	✓
DYS391	Yq11.21	Y	TCTA	✓	✓
D2S441	2p14	2	TCTA/TCAA	✓	✓
D19S433	19q12	19	AAGG/TAGG	✓	✓
TH01	11p15.5	11	TCAT	✓	✓
FGA	4q28	4	CTTT/TTCC	✓	✓
D22S1045	22q12.3	22	ATT	✓	✓

D5S818	5q21-31	5	AGAT	✓	✓
D13S317	13q22-31	13	TATC	✓	✓
D7S820	7q11.21-22	7	GATA	✓	✓
D10S1248	10q26.3	10	GGAA	✓	✓
D1S1656	1q42.2	1	TAGA	✓	✓
D12S391	12p13.2	12	AGAT/AGAC	✓	✓
D2S1338	2q35	2	TGCC/TTCC	✓	✓
D12ATA63	12q23.3	12	TAA/CAA	✓	
D2S1776	2q31-32	2	AGAT	✓	
D3S4529	3p12.1	3	ATCT	✓	
D4S2408	4p15.1	4	ATCT	✓	
D5S2800	5q11.2	5	GATA/GACA	✓	
D6S1043	6q15	6	AGAT/AGAC	✓	
D6S474	6q21-22	6	GATA/GACA	✓	
rs2032678	p12	Y	Indel	✓	
DYS391	p12	Y	TCTA	✓	
SRY	p11.2	Y	n/a	✓	
Penta E	15q26.2	15	AAAGA	✓	
Penta D	21q22.3	21	TCTTT	✓	
SE33	6q14	6	AAAG		✓

3.4 STR Lokularının PCR ve CE ile Analizi

3.4.1 PCR

PCR için GlobalFiler™ PCR Amplification Kit (Thermo Fisher Scientific) amplifikasyon kiti ve Life Technologies 9700 PCR cihazı (GeneAmp PCR System, ABI) kullanıldı. PCR programı ortalama 150 dakika sürdü.

3.4.2 PCR Karışımının Hazırlanması

PCR’de kullanılmak üzere bu kitin içeriğinde, Master Mix ve Primer Set bulunmaktadır. PCR karışımının hazırlanmasına başlamadan önce, örnek hazırlamada kullanılacak olan TE Buffer hazırlandı. Bunun için 1M’lık TRIS-HCl (pH 8.0)’den 10 ml, 0,5 M’lık EDTA (pH 8.0)’dan 0,2 ml ve 990 ml distile su karıştırılarak otoklavlandı. DNA örnekleri 0,1 ng-1 ng olacak şekilde TE buffer ile sulandırıldı.

Kit -20°C’den çıkarılarak örnek karışımı hazırlanana kadar buzda bekletildi. Daha sonra PCR bileşenleri Tablo 5’te belirtildiği gibi hazırlandı.

Tablo 5: PCR bileşenleri ve miktarları

PCR Bileşenleri	Hacim/Reaksiyon (µl)
Master Mix	7,5 µl
Primer Set	2,5 µl
Test Template	15 µl
Toplam Hacim	25 µl

Her bir örnek 200 µl PCR tüplerine hazırlandı. Reaksiyonun kontaminasyonunu kontrol etmek amacı ile negatif kontrol, verimli çalıştığını kontrol etmek amacı ile de pozitif kontrol kullanıldı. PCR için Life Technologies 9700 cihazı kullanıldı. Cihazdaki sıcaklık, döngü sayı ve süreleri gibi parametreler Tablo 6'e göre ayarlandı.

Tablo 6: PCR koşulları

Sıcaklık Değeri	Bekleme Süresi	Döngü Sayısı	Uygulanan İşlem
95 °C	1 dakika	1	Başlangıç Denatürasyonu
94 °C	10 saniye	30	Denatürasyon
59 °C	90 saniye		Primer Bağlanması/ Zincir Uzaması
60 °C	10 dakika	1	Son Uzama
4 °C	∞		Bekletme

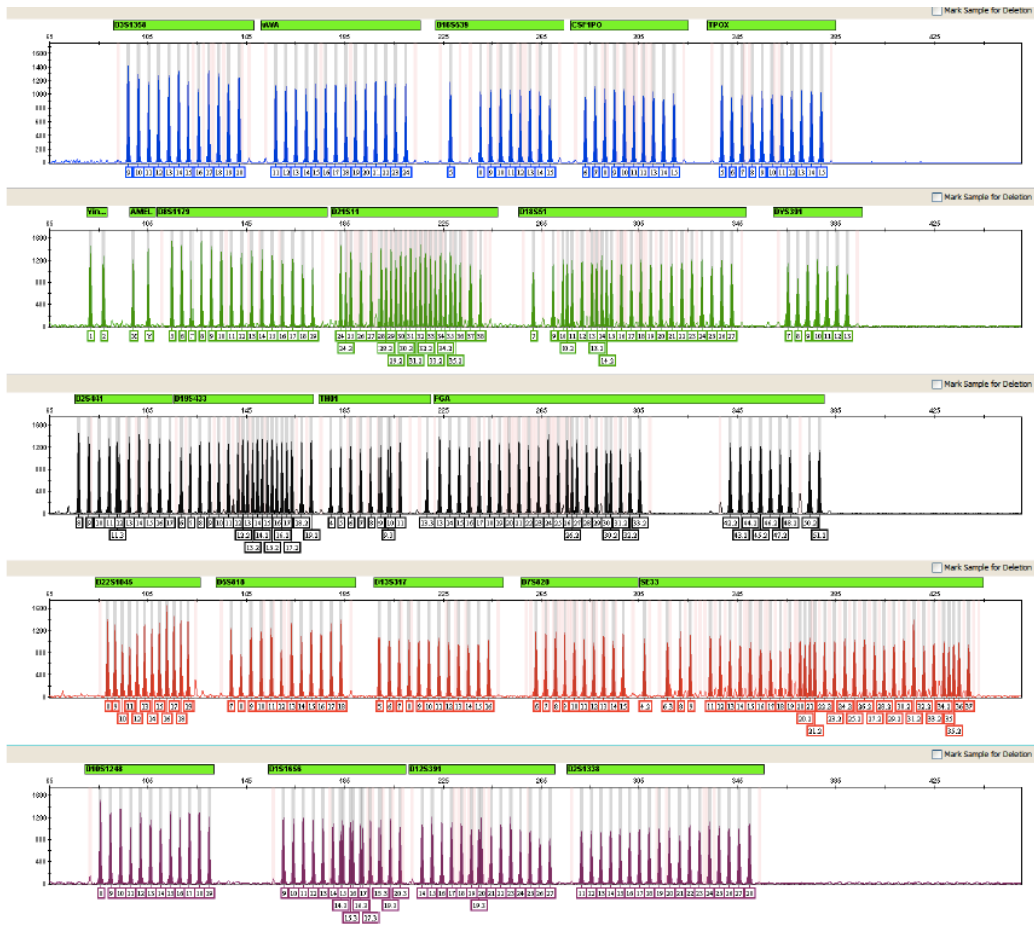
3.4.3 PCR Ürünlerinin Kapiler Elektrophorezle Yürütülmesi

Örneklerin elektroforezi için PCR ürünleri 16-kapilerli ABI 3130 cihazına yüklendi. Her reaksiyon için 10 µl Hi-Di Formamid (Life Technologies) ve 0,15 µl GeneScan™-600LIZ™ (Life Technologies) karıştırılarak üzerine 1 µl PCR ürünü eklendi. Elde edilen karışım cihaza yüklendi. Bununla birlikte her yürütme için alelik ladder eklendi. Örnekler yürütülmeden önce Data Collection Software (Life Technologies) kullanılarak örneklere ait liste hazırlandı. Elektrophorez aşamasında yürütme koşulları GlobalFiler™ PCR Amplification kit protokolüne göre yapıldı. Kit için önerilen GS STR POP7 (1 mL) G5 modülü kullanıldı. Genetik analizör cihazı yürütme koşulları Tablo 7'de verilmiştir.

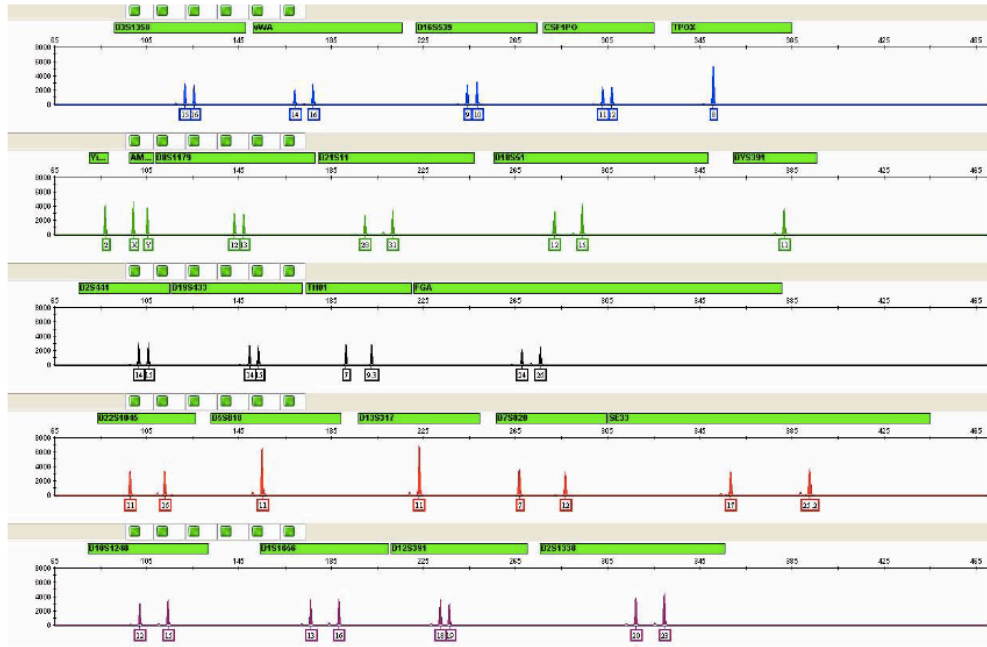
Tablo 7: ABI 3130 cihazında yapılan elektroforez yürütme koşulları

Yürütme öncesi voltaj	15 kV
Enjeksiyon voltajı	1.2 kV
Enjeksiyon süresi	12 sn
Yürütme voltajı	15 kV
Yürütme süresi	1500 sn
Yürütme sıcaklığı	60 °C

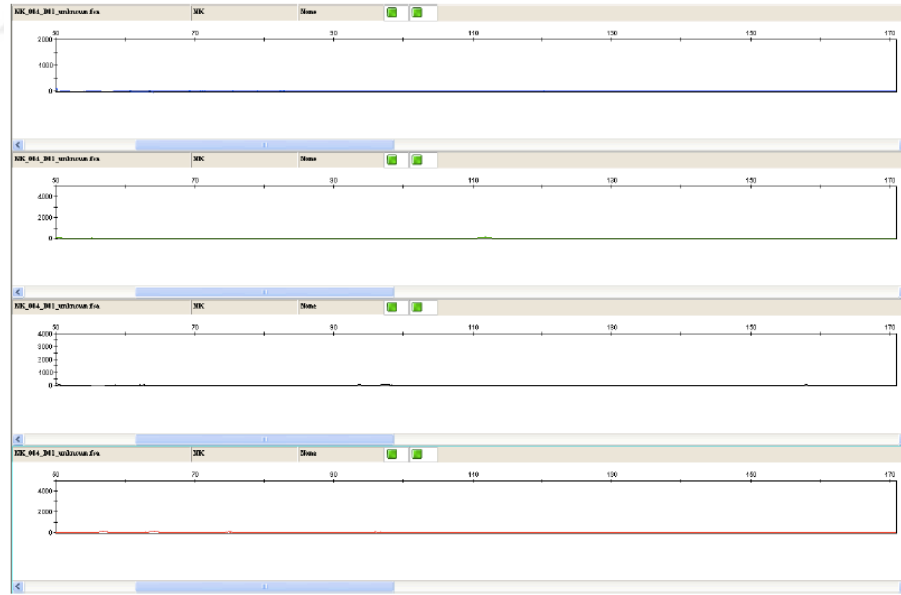
Örneklerin görüntülenmesi, tiplendirilmesi ve sonuçların değerlendirilmesi Genemapper 5.0 analiz programı kullanılarak yapıldı. CE’de yürütülen örnekler alelik ladder ile hizalanarak değerlendirildi. GlobalFiler™ PCR Amplification Kit (Thermo Fisher Scientific)’e ait alelik ladder Şekil 8’te gösterilmektedir. Örneklerle birlikte pozitif ve negatif kontrol örnekleri de yürütülerek yöntemin sağlanması yapıldı. Şekil 9’da pozitif kontrol elektroferogramı, Şekil 10’da da negatif kontrol elektroferogramı görülmektedir.



Şekil 11: 24 DNA markını içeren GlobalFiler™ PCR Amplification Kit (Thermo Fisher Scientific)'e ait alelik ladder (Applied Biosystems™, 2016)



Şekil 12: GlobalFiler™ PCR Amplification Kit (Thermo Fisher Scientific)’e ait pozitif kontrol elektroferogramı(Applied Biosystems™, 2016).



Şekil 13: Negatif kontrole ait elektroferogram görüntüsü.

3.5 STR Lokuslarının NGS ile Analizi

NGS analizi için öncelikle DNA bölgeleri çoğaltıldı. Daha sonra FUPA enzim karışımı ile amplikon uçları kesilerek bir sonraki aşama için yapışkan uçlar elde edildi. Barkod ve adaptör bağlandıktan sonra çoğalan bölgeler küreciklere bağlandı. Bu aşamadan sonra elde edilen amplikon yoğunluğunu arttırmak amacı ile tekrar PCR yapıldı. Amplikon konsantrasyon ölçümü Qubit® Florometre (Invitrogen) cihazında yapıldıktan sonra tüm örnekler 14 ng/ml olacak şekilde seyreltilti. Tek tüpte hazırlanan karışım Ion Chef System cihazına verilerek örneklerin çipe yüklenmesi sağlandı. Kullanılan Precision ID GlobalFiler™ NGS STR Panel v2 (Thermo Fisher Scientific) kiti ile 35 tane STR lokusu analiz edildi.

3.5.1 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

PCR için Precision ID GlobalFiler™ NGS STR Panel v2 (Thermo Fisher Scientific) amplifikasyon kiti ve Applied Biosystems Veriti Thermal Cycler PCR cihazı kullanıldı. PCR programı ortalama 150 dakika sürdü.

3.5.2 PCR Karışımının Hazırlanması

PCR'de kullanılmak üzere bu kitin içeriğinde, Master Mix ve Primer Set bulunmaktadır. DNA örnekleri 1 ng olacak şekilde dH₂O buffer ile sulandırıldı. Kit -20°C'den çıkarılarak örnek karışımı hazırlanana kadar buzda bekletildi. Daha sonra PCR bileşenleri Tablo 8'te belirtildiği gibi hazırlandı.

Tablo 8: PCR bileşenleri ve miktarları

PCR Bileşenleri	Hacim/Reaksiyon (µl)
Master Mix	2 µl
Primer Set	5 µl
Test Template	2 µl
dH ₂ O	1 µl
Toplam Hacim	10 µl

PCR için Applied Biosystems Veriti Thermal Cycler cihazı kullanıldı. Cihazdaki sıcaklık, döngü sayısı ve süreleri gibi parametreler Tablo 9'e göre ayarlandı.

Tablo 9: PCR koşulları

Sıcaklık Değeri	Bekleme Süresi	Döngü Sayısı	Uygulanan İşlem
99 °C	2 dakika	1	Başlangıç Denatürasyonu
99 °C	15 saniye	23	Denatürasyon
60 °C	4 dakika		Primer Bağlanması/ Zincir Uzaması
4 °C	∞		Bekletme

PCR sonrası örneklerin üzerine 1 µl FUPA enzimi eklenerek inkübasyona bırakıldı. Inkübasyon Tablo 10 de gösterildiği gibi gerçekleştirildi.

Tablo 10: FUPA enzimi inkübasyon koşulları

50 °C	10 dakika
55 °C	10 dakika
60 °C	20 dakika

FUPA enzim karışımı ile amplikon uçları kesilerek bir sonraki aşama için yapışkan uçlar elde edildi. Bu sayede bir sonraki aşamada eklenecek olan adaptör ve barkodların amplikonlara bağlanması için gereken uçlar hazırlanmış oldu.

FUPA enzim uygulamasından sonra deneye Tablo 11’ de gösterilen protokol Tablo 12 de gösterilen koşullarda gerçekleştirildi.

Tablo 11: FUPA enzim karışımı sonrası uygulanan protokol.

2 µl	Ligaz Buffer
1 µl	Barkod-Adaptör karışımı
1 µl	Ligaz Enzimi

Tablo 12: Barkod ve adaptör bağlanması için inkübasyon koşulları.

22 °C	30 dakika
68 °C	5 dakika
72 °C	5 dakika

Bu aşamadan sonra pürifikasyon aşaması için %70'lik etanol hazırlandı. Barkod ve adaptör bağlanan örneklerin son hacmi 15 µl, eklenecek olan manyetik kürecik hacmi 1.5x oranında olması gerektiğinden 22.5 µl manyetik boncuk örneklerin üzerine eklendi. Örnekleri vorteksle karıştırdıktan sonra 5 dk inkübe ederek amplikonların küreciklere bağlanması sağlandı. Manyetik plate yardımı ile kürecikler dibe çöktürüldü ve üstte kalan sıvı (süpernatant) atıldı. Daha sonra her kuyucuğa %70'lik etanolden 150 µl eklenerek kürecikler bağlanmamış adaptör ve barkodlardan yıkandı. Etanol kürecikleri almadan dikkatlice uzaklaştırıldı. Yıkama işlemi ikinci kez 150 µl etanol eklenerek tekrarlandı. İkinci kez etanol uzaklaştırıldı. Bu aşamadan sonra elde edilen amplikon yoğunluğunu arttırmak amacı ile tekrar PCR yapıldı. PCR protokolü Tablo 13 ve Tablo 14' de gösterildiği gibi uygulandı.

Tablo 13: PCR bileşenleri ve miktarları

PCR Bileşenleri	Hacim/Reaksiyon (µl)
Master Mix	30 µl
Primer Set	1.2 µl
Toplam Hacim	31.2 µl

Tablo 14: PCR koşulları

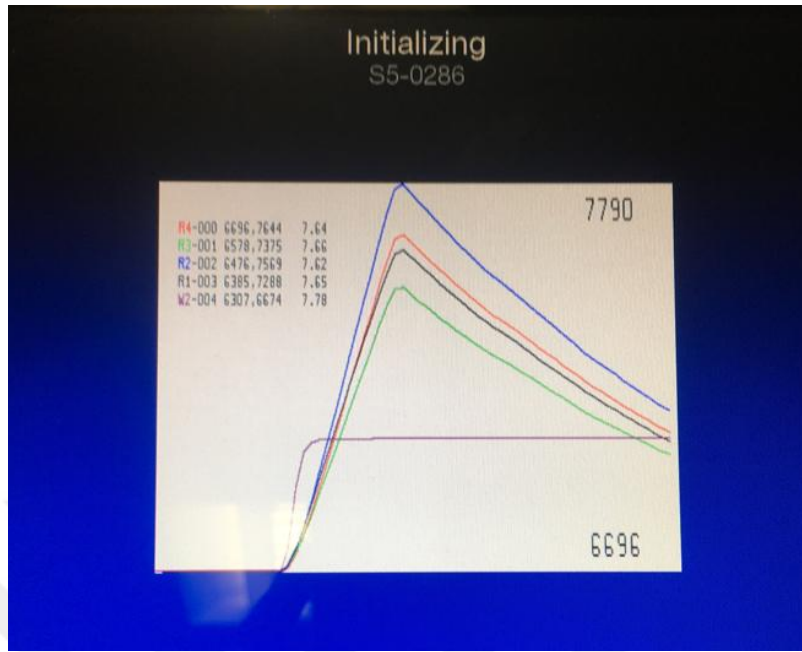
Sıcaklık Değeri	Bekleme Süresi	Döngü Sayısı	Uygulanan İşlem
98 °C	2 dakika	1	Başlangıç Denatürasyonu
98 °C	15 saniye	5	Denatürasyon
64 °C	1 dakika		Primer Bağlanması/ Zincir Uzaması
4 °C	∞		Bekletme

PCR dan sonra örneklerin üzerine 0.5x konsantrasyonda manyetik kürecik eklendi. 30 µl hacim için 15 µl manyetik kürecik eklendi. 5 dakika inkübe edildi. Bir önceki manyetik kürecik eklemesinde çok miktarda kürecik eklendiğinden amplikonlar küreciklere bağlanması sağlandı, böylece küçük parça DNA molekülleri uzaklaştırılması sağlandı. Bu aşamada az miktarda manyetik kürecik eklenmesi sadece büyük DNA moleküllerinin (genomik DNA gibi) küreciklere bağlanmasına izin verdi ve , amplikonlar süpernatantta kalmış oldu. Bu adımda istenmeyen büyük DNA molekülleri de uzaklaştırıldı. Süpernatant yeni kuyucuklara alınarak bu kez 1.2x konsantrasyonda manyetik kürecik eklendi. 30 µl’lik hacim için 36 µl manyetik kürecik eklendi. 5 dakika inkübe edildi. Daha önce yapılan 150 µl %70’lik etanol yıkaması 2 kez tekrar edildi. Bu adımla birlikte istenmeyen küçük DNA molekülleri de uzaklaştırılmış oldu. Etanol uzaklaştırıldıktan sonra manyetik küreciklerin üzerine 50 µl low TE eklendi ve 2 dakika inkübe edildi. Daha sonra süpernatant alınarak manyetik kürecikler uzaklaştırıldı. Bu şekilde “purified library” yani saflaştırılmış kütüphane elde edilmiş oldu. Elde edilen saf kütüphanenin 40 µl’si daha sonra kullanılmak üzere -20°C’ye kaldırıldı. 10 µl’si ise üzerine 190µl qubit solüsyonu eklenerek

amplikon konsantrasyon ölçümü için hazırlandı. Qubit® Florometre (Invitrogen) cihazında DNA miktarları ölçüldü.

Ölçüm sonrasında tüm örnekler 14 ng/ml olacak şekilde seyreltildi. Her biri daha önce farklı barkodlarla barkodlandığı için artık karıştırılabilecek duruma getirilmiş oldular. Örneklerin her birinden 25 µl alarak tek tüpte bir karışım hazırlandı. Hazırlanan bu karışım Ion Chef System cihazına yüklenerek örneklerin çipe yüklenmesi sağlandı. Bu aşamada tüm örneklerimiz tek bir çipe yüklenmiş oldu.

Ion S5 Semiconcucter Sequencer cihazı sekanslama öncesinde kalibrasyon gerektirmektedir. Bunun için cihaz (initialize) başlatıldı. Bu aşamada cihaza 5 solüsyon yüklendi, biri yıkama solüsyonu, kalan dördü ise Adenin, Guanin, Sitozin ve Timin bazlarını içeren solüsyonlardır. Cihaz her bir solüsyonun pH'sını ölçerek kalibrasyon gerçekleştirmektedir. Kalibrasyon bittikten sonra cihaz dört bazı da içeren bir grafik oluşturmaktadır. Şekil 8'te görülen grafikten cihazın doğru bir şekilde kalibre olduğu anlaşıldı.



Şekil 14: Ion S5 Semiconcucter Sequencer cihazı kalibrasyon sonrası grafiği. R1-R4 dört farklı bazı, W1 yıkama solüsyonunu göstermektedir.

Ion Chef System cihazı örnekleri çipe yükledikten sonra örnekleri içeren çipin bekletmeden Ion S5 Semiconcucter Sequencer cihazına yüklenmesi gerekmektedir. Çip yüklendikten sonra kalibre edilmiş cihaz pH ölçümü esasına dayanarak sekanslama gerçekleştirildi. Elde edilen sonuçlar Converge Software (Thermo Fisher Scientific) programı ile analiz edildi. Bu program adli DNA test laboratuvarlarının etkinliğini artırmakla beraber analiz, raporlama ve depolama gibi tüm veri yönetimi işlemlerini merkezileştirmek için tasarlanmıştır.

4. BULGULAR

Bu çalışmada aralarında akrabalık ilişkisi bulunan gönüllülerden oluşan 32 bireyden alınan kan ve ağız içi sürüntü (swab) örnekleri kullanılmıştır. Örnekler dede, büyükbaba, baba ve torunlar gibi aile bireylerinden oluşmuştur. Örnekler PCR- CE ve seçilen bazı örnekler NGS sistemleri analiz edilmiştir.

4.1 STR-CE Analizi Sonuçları

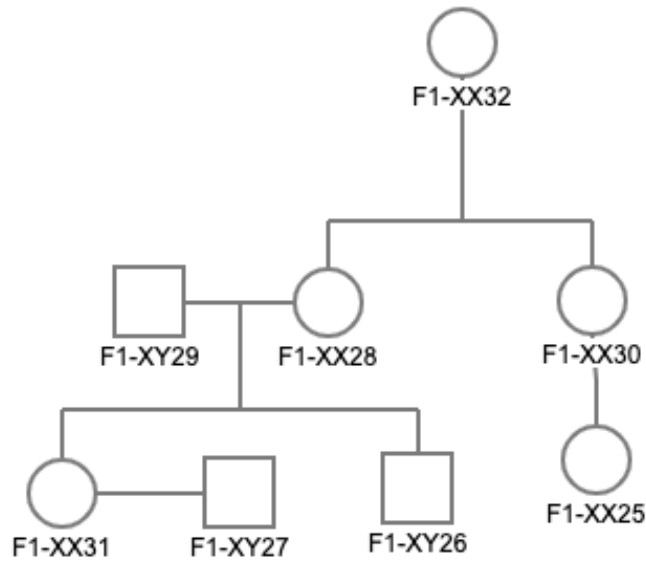
Tüm örneklerle ait kapiler elektroforez genotip sonuçları Ek1’de görülmektedir. Örnek bir aileden kapiler elektroforez genotip sonuçları Tablo 15’te gösterildiği gibidir.

Tablo 15: Seçilen örnek aileye ait genotip sonuçları.

	F1-XX32	F1-XY29	F1-XX28	F1-XX30	F1-XX31	F1-XY26	F1-XY27	F1-XX25
AMELOGENIN	XX	XY	XX	XX	XX	XY	XY	XX
D2S441	10-12	9.1-11	11-12	12-14	11-11	9-12	11-11.3	12-12
D19S433	11-14	13-15	11-15	11-12	11-13	13-15	14-14	11-13.2
D1S1656	11-17.3	11-17.3	11-12	16-17.3	11-12	11-11	15-17.3	16-19.3
D3S1358	15-15	15-15	15-16	15-16	15-16	15-15	17-17	16-16
D5S818	10-12	11-12	12-12	12-12	12-12	11-12	12-12	12-13
D7S820	10-11	10-12	8-10	8-10	8-10	10-12	10-12	8-11
D8S1179	14-15	12-15	13-15	13-15	13-15	12-15	12-13	10.2-15
TH01	7-9.3	6-7	6-7	6-9.3	6-6	7-7	6-8	6-6
Y-Indel		2				2	2	
CSF1PO	11-13	10-11	10-11	11-12	11-11	10-10	9-11	11-12
D10S1248	13-16	15-16	14-16	13-14	16-16	15-16	16-17	13-15
D12S391	17-20	17-21	17-18	17-18	17-21	18-21	22-23	18-18
D13S317	8-13	11-12	8-8	8-8	8-11	8-12	11-12	8-12
D16S539	9-10	9-11	9-9	9-9	9-11	9-11	11-12	9-11
D18S51	14-15	12-15	15-17	15-17	15-15	15-17	13-16	15-16
D21S11	28-30	29-29	30-32.2	30-32.2	29-30	29-32.2	30-30.2	29-32.2

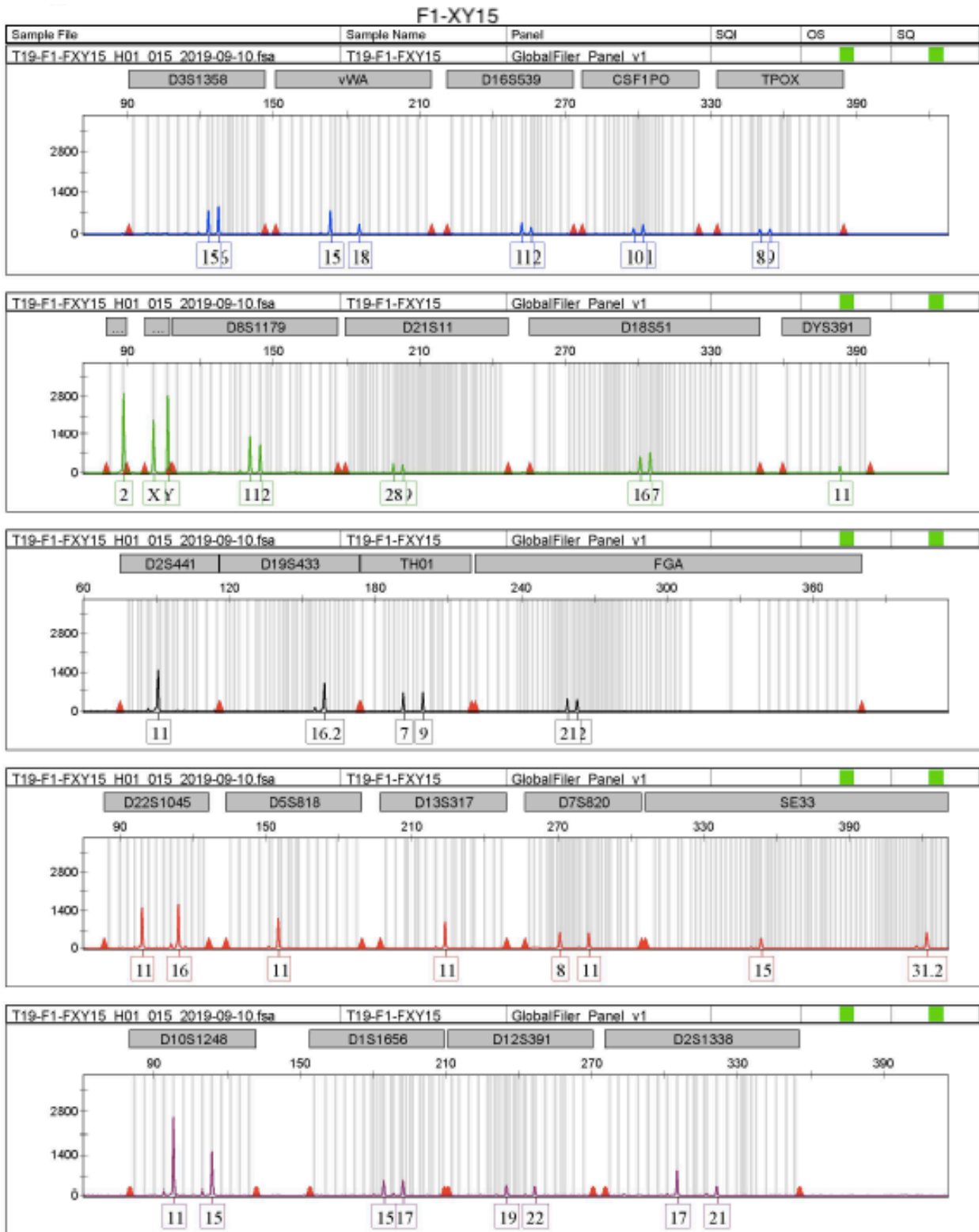
D22S1045	11-15	15-15	11-16	11-16	15-16	11-15	16-17	16-16
D2S1338	17-20	17-19	17-27	17-18	17-19	17-17	19-20	17-19
DYS391		9				9	10	
FGA	24-24	20-22	22-24	22-24	20-22	22-24	21-24	22-22
SE33	17-35	23.2-35	13-17	17-29.2	17-23.2	17-23.2	16-25.2	17-23.2
TPOX	8-10	8-11	10-11	10-11	11-11	8-10	8-8	9-10
vWA	17-17	16-19	17-18	17-18	17-19	18-19	17-19	17-18

Yukarıda tablo olarak verilen örnekler arasındaki akrabalık ilişkisini gösteren aile ağacı Şekil 15'te gösterilmiştir.

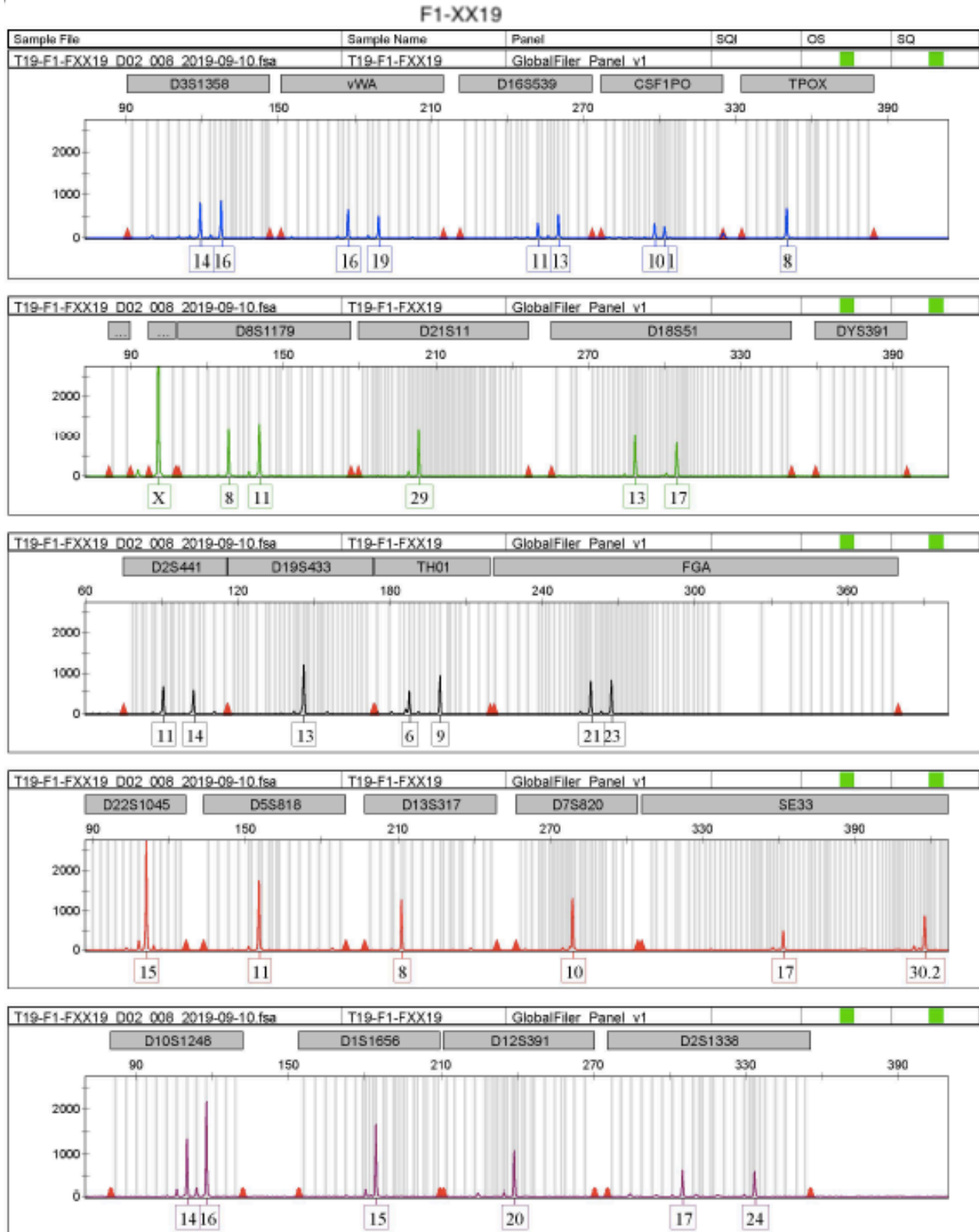


Şekil 15: Seçilen örneklere ait soyağacı.

Yukarıda gösterilen aile ağacında seçilen örneklerin arasındaki akrabalık ilişkisi görülmektedir. F1-XY26 bireyi ile F1-XY29 bireyi arasında baba-oğul ilişkisi vardır. Tablo 15'e bakıldığında bu iki örneğe ait sonuçlar büyük ölçüde benzerlik göstermektedir. Y kromozomundaki genotip de aynıdır çünkü bu iki birey aynı Y kromozomuna sahiptir. STR-CE analizi yapılmış bazı örneklere ait elektroferogram görüntüleri Şekil16,17,18,19 ve 20'de görülmektedir.

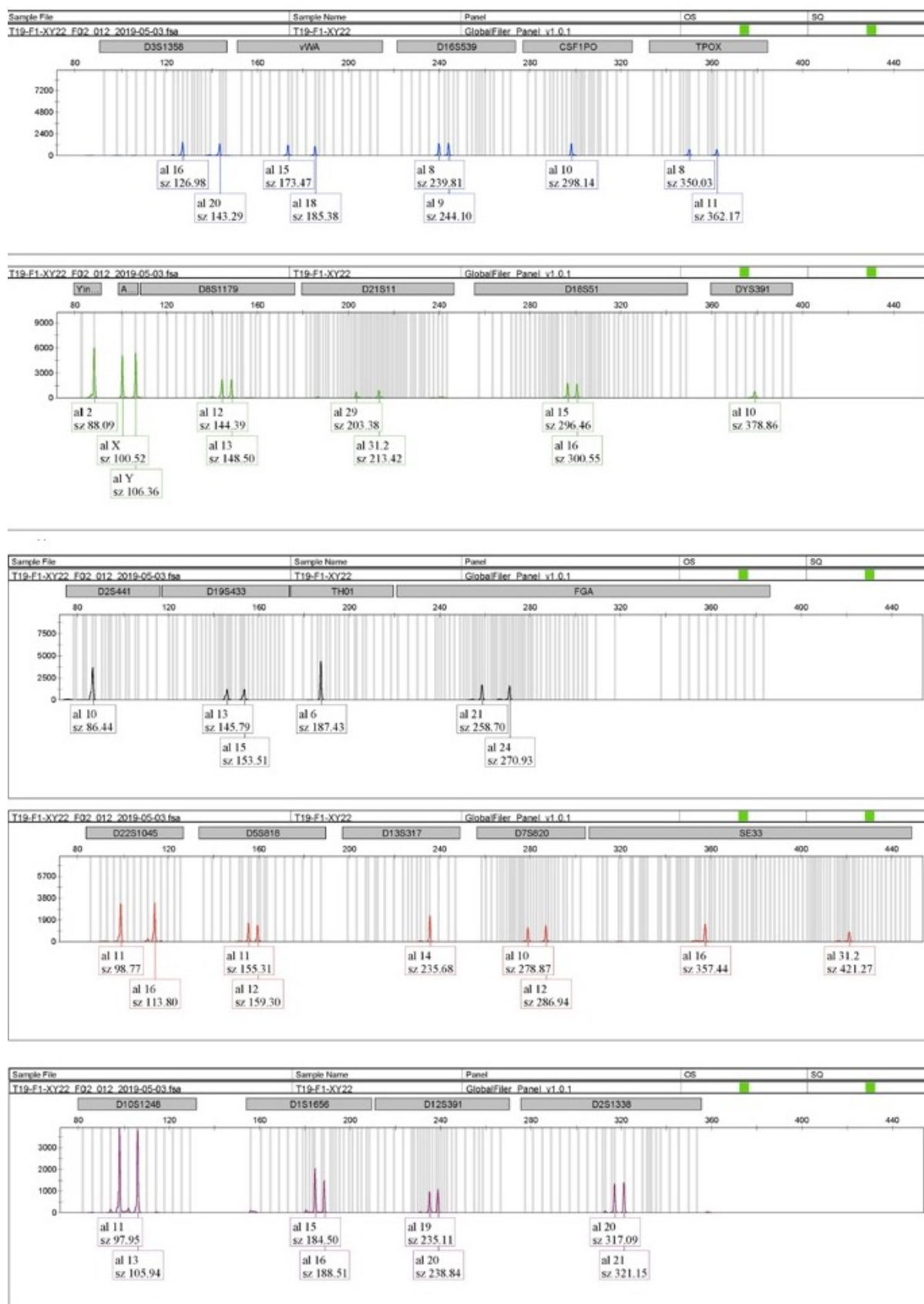


Şekil 16: F1-XY15'e ait elektroferogram

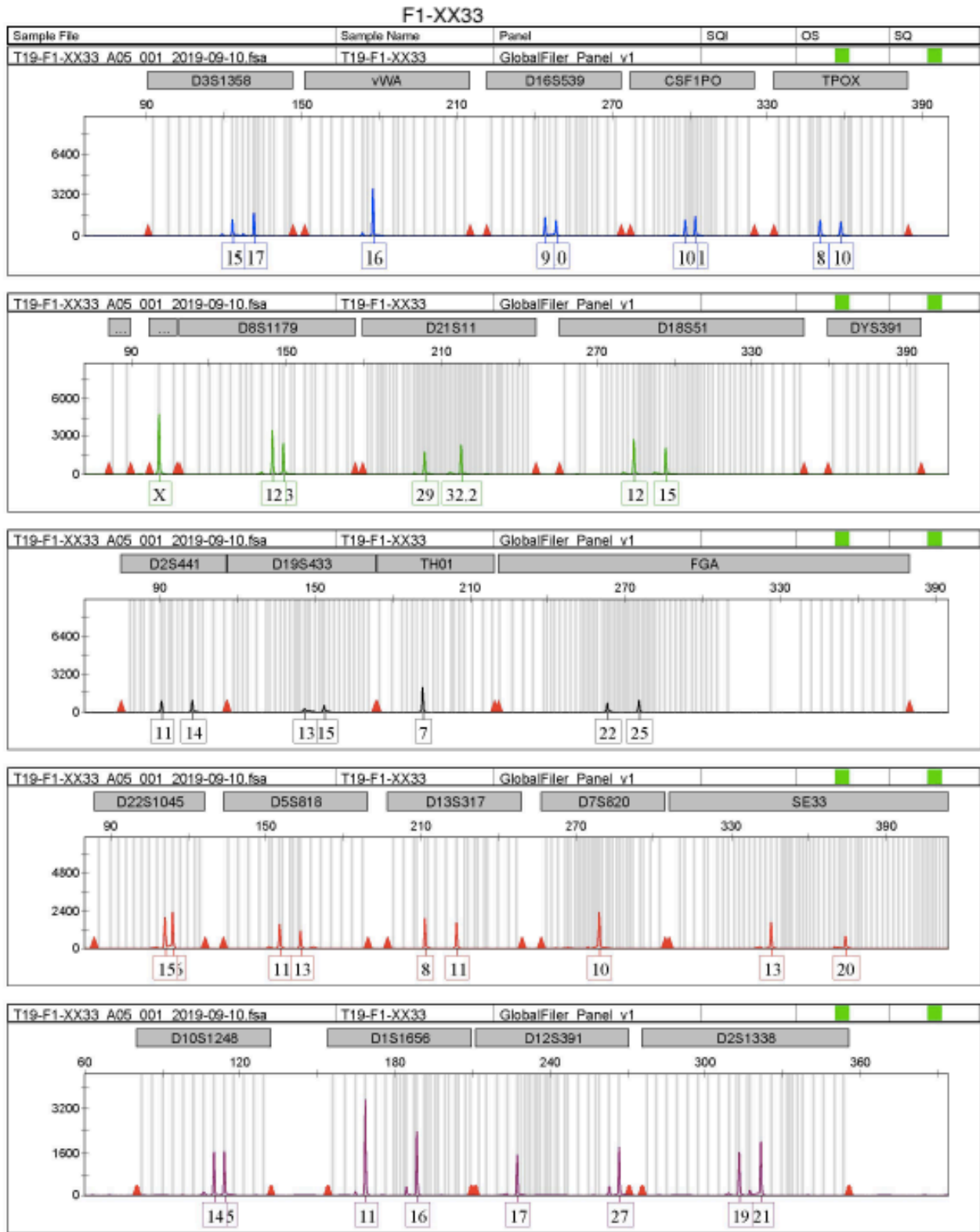


Şekil 17: F1-XX19'a ait elektroferogram

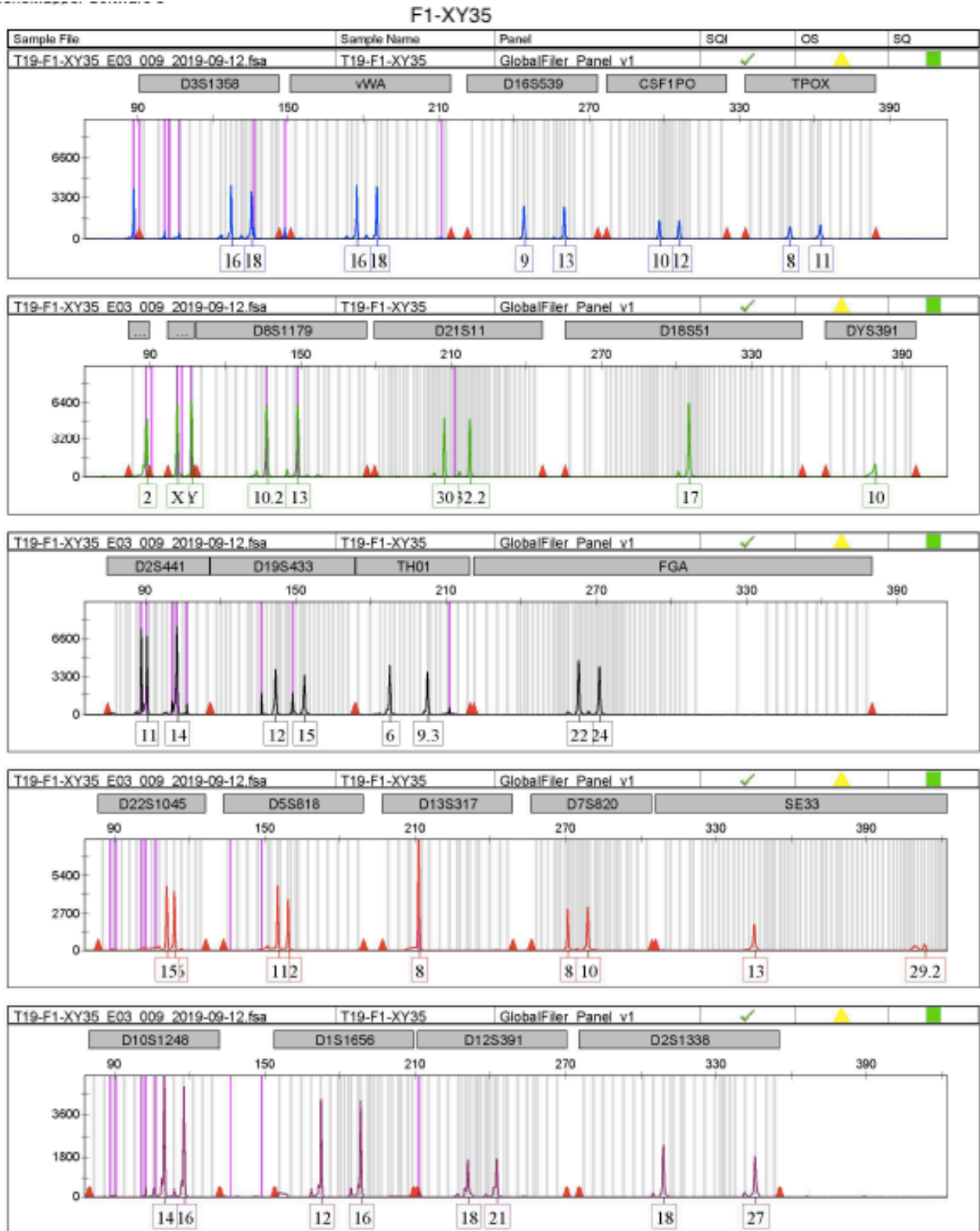
F1-XY22



Şekil 18: F1-XY22'ye ait elektroferogram



Şekil 19: F1-XX33'a ait elektroferogram



Şekil 20: F1-XY35'e ait elektroferogram

Diğer bir örnek ailenin anne, baba ve çocuğa ait STR-CE genotip sonuçları aşağıdaki tabloda verilmiştir (Tablo 16).

Tablo 16: Anne, baba ve çocuğa ait STR-CE genotip sonuçları

Lokus	Baba	Anne	Çocuk
D3S1358	14-18	15-17	14-15
vWA	16-20	17-17	17-20
D16S539	11-12	11-12	11-11
CSF1PO	11-12	9-11	11-11
TPOX	8-8	9-11	8-11
Y indel	2	-	2
Amelogenin	XY	XX	XY
D8S1179	10-15	15-16	15-15
D21S11	29-29	28-29	29-29
D18S51	14-16	13-14	14-14
DYS391	8-8	-	8-8
D2S441	11-14	10-11	11-14
D19S433	13-14	13-15	13-13
TH01	9.3-9.3	7-8	8-9.3
FGA	22-22	22-25	22-22
D22S1045	16-17	15-16	15-16
D5S818	9-11	12-12	11-12
D13S317	11-12	12-14	11-14
D7S820	8-12	11-11	11-12

D10S1248	13-14	14-16	14-16
D1S1656	12-14	15-17.3	14-15
D12S391	17.3-21	17-23	17-17.3
D2S1338	19-23	21-25	21-23

4.2 STR-NGS Analizi Sonuçları

Tüm örneklerle ait NGS STR genotip sonuçları Ek2’de görülmektedir. Örnek bir ailenin anne, baba ve çocuğa ait STR-NGS genotip sonuçları aşağıdaki tabloda verilmiştir (Tablo 17).

Tablo 17: Anne, baba ve çocuğa ait STR-NGS genotip sonuçları

Lokus	Baba	Anne	Çocuk
AMEL	XY	XX	XY
CSF1PO	11-12	9-11	11-11
D10S1248	13-14	14-16	14-16
D12ATA63	13-13	15-15	13-15
D12S391	17.3-21	17-23	17-17.3
D13S317	11-12	12-14	11-14
D14S1434	10-15	13-13	13-15
D16S539	11-12	11-12	11-11
D18S51	14-16	13-14	14-14
D19S433	13-14	13-15	13-13
D1S1656	12-14	15-17.3	14-15
D1S1677	14-15	14-14	14-15

D21S11	29-29	28-29	29-29
D22S1045	16-17	15-16	15-16
D2S1338	19-23	21-25	21-23
D2S1776	11-11	12-12	11-12
D2S441	11-14	10-11	11-14
D3S1358	14-18	15-17	14-15
D3S4529	13-16	12-15	15-16
D4S2408	8-11	9-10	8-9
D5S2800	17-18	14-17	14-18
D5S818	9-11	12-12	11-12
D6S1043	11-18	16-19	16-18
D6S474	14-17	15-17	14-17
D7S820	8-12	11-11	11-12
D8S1179	10-15	15-16	15-15
DYS391	8-8	-	8-8
FGA	22-22	22-25	22-22
Penta D	12-13	12-12	12-12
Penta E	7-12	5-11	7-11
SRY	1-1	-	1-1
TH01	9.3-9.3	7-8	8-9.3
TPOX	8-8	9-11	8-11
Y-indel	2	-	2
vWA	16-20	17-17	17-20

Aynı aileye ait NGS sonuçlarının Converge software genotip görüntüleri Şekil 21, Şekil 22 ve Şekil 23’deki gibidir.



Şekil 21: Babaya ait Converge Software (Thermo Fisher Scientific) programı ile analiz edilen detaylı NGS sekans analiz sonucu



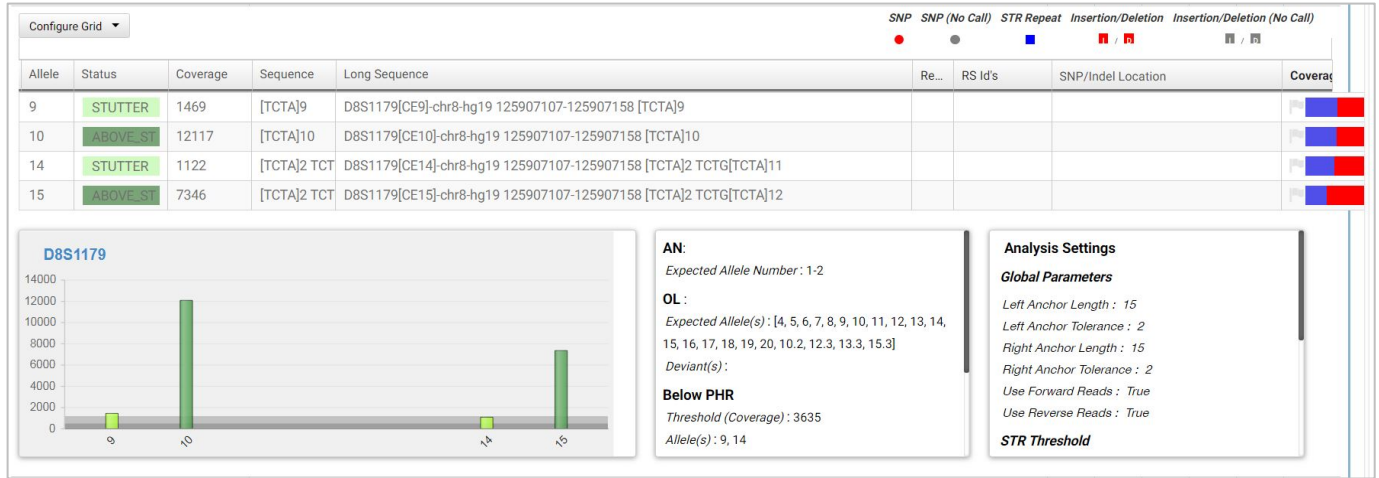
Şekil 22: Anneye ait Converge Software (Thermo Fisher Scientific) programı ile analiz edilen detaylı NGS sekans analiz sonucu



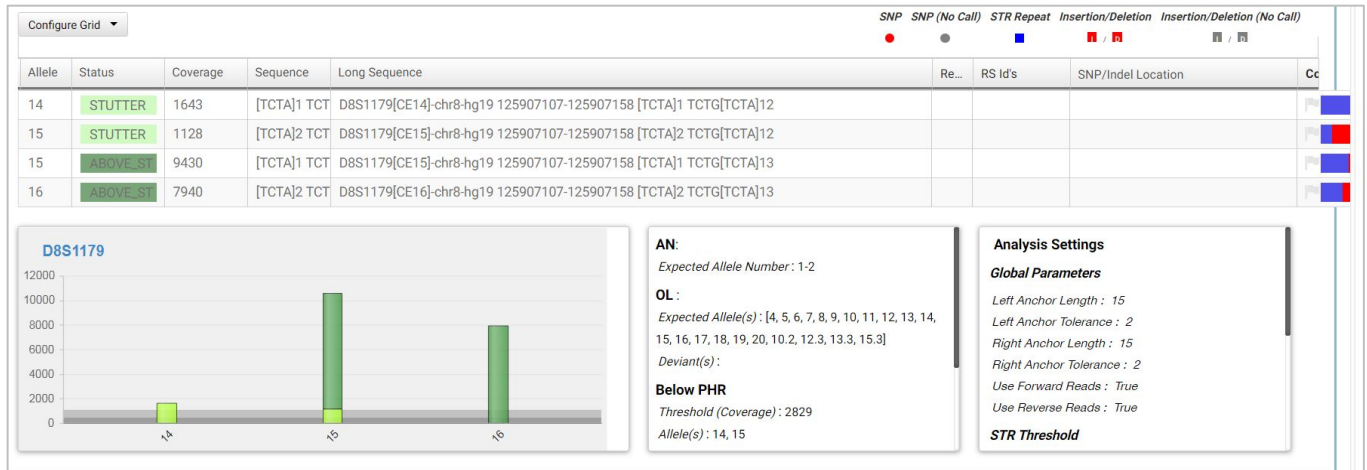
Şekil 23: Çocuğa ait Converge Software (Thermo Fisher Scientific) programı ile analiz edilen detaylı NGS sekans analiz sonucu

Elde edilen STR-NGS sonuçları detaylı incelendiğın de D8S1179 lokusunda anne, baba ve çocuğa ait STR sonucunda ortak (15) alelin olduđu fakat sekans dizilerinin farklı olduđu görüldü.

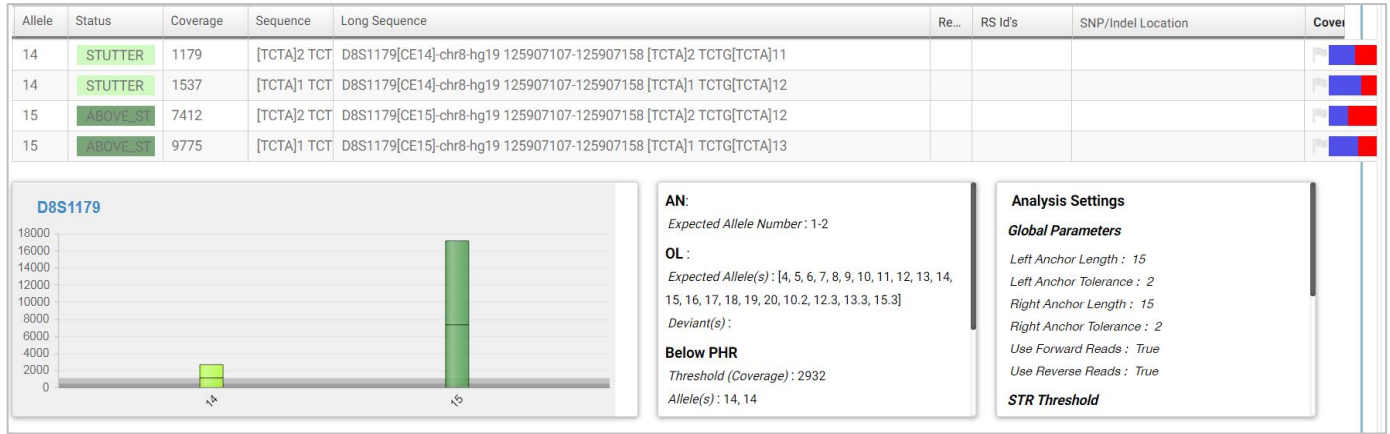
Aşağıda (Şekil 24-26) Converge Software (Thermo Fisher Scientific) programı ile analiz edilen D8S1179 lokusuna ait detaylı NGS sekans analiz sonucu görülmektedir.



Şekil 24: Babanın D8S1179 lokusuna ait detaylı NGS sekans analiz sonucu



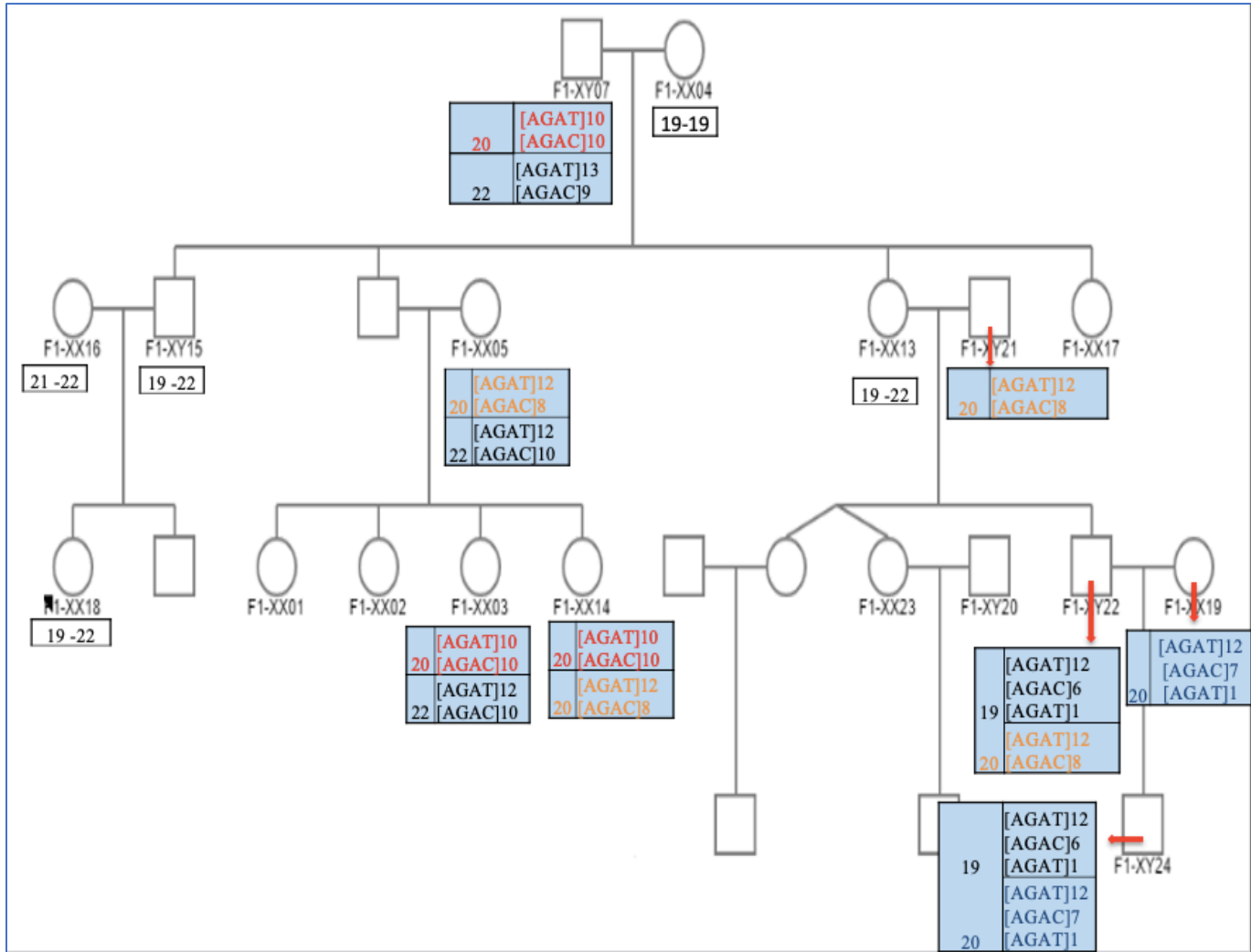
Şekil 25: Annenin D8S1179 lokusuna ait detaylı NGS sekans analiz sonucu



Şekil 26: Çocuğun D8S1179 lokusuna ait detaylı NGS sekans analiz sonucu

Bu aile incelendiğinde D8S1179 lokusunda babanın alelleri 10-15 iken annenin alelleri 15-16, çocuğun alellerinin ise 15-15 olduğu görülmektedir. Aynı ailenin PCR-CE Globalfiler sonuçları ile bu sonuçlar aynıdır. Ancak NGS analizinde çocuğun anne ve babadan aldığı 15 lokusunun sekans motifi detaylı incelendiğinde anne ve babadan gelen aleller sekanslarına bakılarak ayırt edilebilmektedir. Anneden gelen 15 aleline ait sekans motifi [TCTA]1TCTG[TCTA]13 şeklindeyken babadan gelen aynı alel için sekans motifi [TCTA]2TCTG[TCTA]12 şeklindedir. Buna ek olarak anne ve babadan gelen alellere ait stutterların DNA dizi motifleri de ayırt edilebilmektedir.

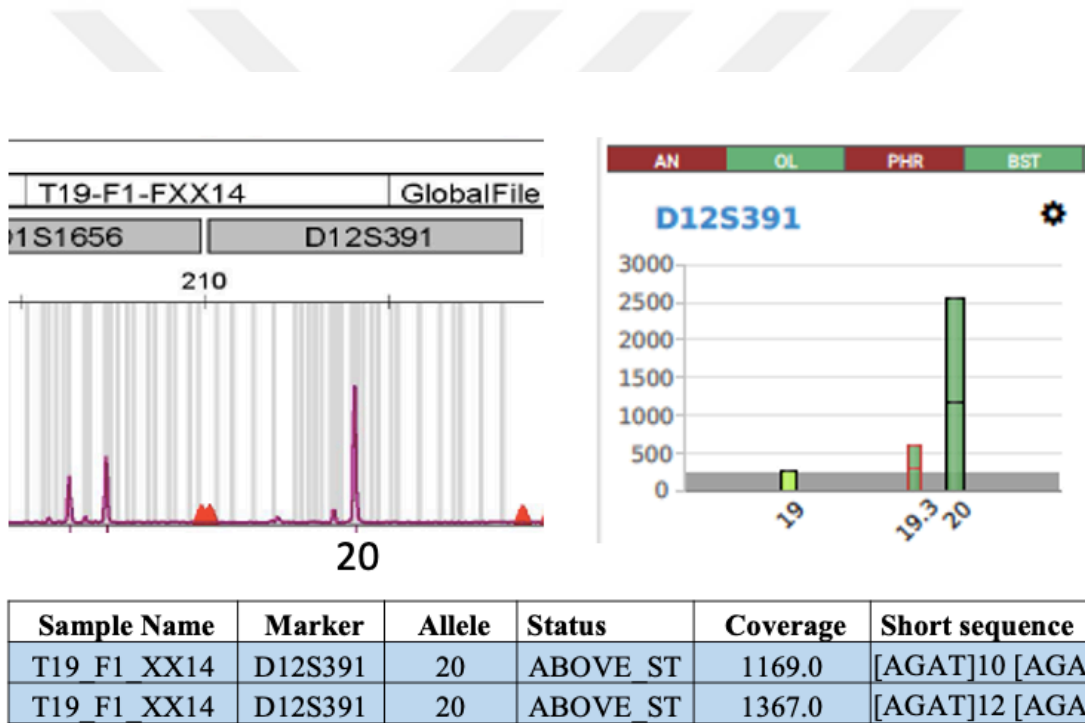
Birinci aileye ait D12S391 lokusunun NGS analizi sonrasında alel ve alellerin dizi motifleri Şekil 27’de görülmektedir. Bu ailede D12S391 lokusunun 20. aleli incelendiğinde bu alele ait üç farklı sekans motifi gözlenmiştir. Bu motifler: [AGAT]12 [AGAC]8, [AGAT]10 [AGAC]10 ve [AGAT]12 [AGAC]7 [AGAT]1 olarak gözlenmiştir.



Şekil 27:D12S391 lokusunun NGS analizi sonrasında alel ve alellerin dizi motiflerinin gösterimi.

İlk aileye ait yukarıdaki pedigrî incelendiğinde F1-XX14 ile F1-XY22 bireyleri kuzen olup ortak 20 alelini paylaşmaktadırlar. Ancak paylaşılan alellerin sekansları incelendiğinde dededen aktarılan sekans motifini ([AGAT]10 [AGAC]10) sadece F1-XX14 bireyinin taşıdığı görülmektedir. CE ile yapılan analiz sonucunda bu iki birey arasında akrabalık ilişkisi belirlenirken (ebeveynlerin ve akrabaların olmadığı durumda) 20 aleli hesaplama katılır ise bu bir hata olur. Bu durumda 20 alelinin kaynağı NGS analizi yapılmadan anlaşılamaz. NGS analizi yapıldığında bu iki kişinin kuzen ilişkisi belirlenirken bu alel hesaplama katılmaz.

F1-XX14 kodlu bireyde D12S391 lokusunda CE’de homozigot 20-20 aleli görülürken, NGS analizi sonrasında iki farklı 20 aleli gözlenmiştir (Şekil 28). .CE’de hangi 20 alelinin hangi ebeveynden geldiği ayrımı yapılamaz iken NGS analizinde bu ayrım yapılabilir. Babanın yokluğunda (bu çalışmada babadan örnek alınmamıştır) dededen alınan 20 alelinin sekans motifi ([AGAT]10 [AGAC]10) olarak görülmüş ve bu da kız toruna aktarılmıştır. Anneden gelen 20 alelinin sekans motifi ise ([AGAT]12 [AGAC]8) olarak farklıdır.



Şekil 28: F1-XX14 bireyinin D12S391 lokusuna ait homozigot alellerin dizi motifleri.

Bu çalışmada 32 bireyin genotiplerinin aynı lokuslardaki alelleri hem CE hem de NGS metodu ile incelendi. Her iki yöntemde ortak olan 21 lokusa ait elde edilen alel sayıları Tablo 18’de görüldüğü gibidir. Sekiz lokusta (D12S391, D1S1656, D21S11, D2S1338, D2S441, D3S1358, D8S1179 ve vWA) CE metoduna kıyasla, NGS metodu ile toplam 31 farklı alel gözlenmiştir (Tablo 18). Diğer

lokuslarda ise her iki metod ile de aynı sayıda alel gözlenmiştir. Sonuç olarak çok az olan örnek grubunda bile NGS ile alel sayısında artış olduğu anlaşılmıştır.

Tablo 18: CE ve NGS metotları ile elde edilen ortak lokuslardaki alel sayılarının karşılaştırılması.

	CE alel sayısı	NGS alel sayısı	Fark
D12S391	11	24	13
D2S1338	9	13	4
D3S1358	7	11	4
D8S1179	6	9	3
D21S11	7	10	3
D2S441	8	10	2
D1S1656	10	11	1
vWA	6	7	1
D5S818	5	5	-
CSF1PO	5	5	-
D10S1248	7	7	-
D13S317	7	7	-
D16S539	7	7	-
D18S51	10	10	-
D19S433	8	8	-
D22S1045	4	4	-
D7S820	6	6	-
DYS391	3	3	-
FGA	8	8	-
TH01	5	5	-
TPOX	4	4	-
D5S818	5	5	-

5. TARTIŞMA-SONUÇ

Adli genetik analizler adı altında STR analizi yakın geçmişe kadar standart olarak CE metodu ile yapılmaktaydı. Ancak son yıllarda teknolojinin hızla gelişmesi ile yaygınlaşan NGS metodu bu alanda da sıkça kullanılmaya başlanmıştır. NGS metodunun kullanılması ile CE metodunda karşılaşılan bazı kısıtlamalar giderilmiş ve çözünürlüğü daha yüksek sonuçlar alınması mümkün olmuştur. NGS kullanılarak yapılan STR analizleri CE kullanılarak yapılan STR analizlerinin sahip olduğu sorunları çözme potansiyeline sahiptir. NGS ile yapılan STR analizlerinin düşük maliyetli ve yüksek işlem hacminde olmasının yanı sıra bu teknoloji ile eş zamanlı olarak otozomal ve gonozomal çok sayıda STR lokusunun tespiti yapılabilir (Yang, et al., 2014),(Børsting & Morling, 2015). Yeterli sayıda STR lokusunun tespitiyle babalık/soy ve kimliklendirme testlerinde ve diğer adli olaylarda geleneksel yöntemlere kıyasla daha kesin sonuçlar elde edilebilmektedir (Bruijns, et al., 2018). NGS'nin sahip olduğu bu avantajlar adli amaçlı yapılan DNA profillemeye çalışmaları için ümit vadetmektedir. Bu çalışmalarda kullanılan NGS teknolojileri İkinci Nesil Dizileme, Pirodizileme, Sentez ile Dizileme, Ligasyon ile Dizileme, İyon Yarı İletken Dizileme ve Üçüncü Nesil Dizilemedir (Üstek, et al., 2011).

Bu çalışmalarda kullanılan STR'ler akordeon benzeri ve ardışık tekrar eden bölgelere sahip DNA dizileridir. İnsan genomu çok fazla sayıda STR markırı içermesine rağmen sadece bunların içerisinde seçilmiş olan önemli STR lokus grupları adli vakalarda kimliklendirme amacıyla kullanılmaktadır. Seçilen bu lokuslar sayesinde oluşturulan DNA profilleriyle kimlik tespiti yapılması ve bu profillerin paylaşılması mümkün hale gelmektedir. Dünya genelinde her yıl milyonlarca STR profili hükümetler, üniversiteler ve özel laboratuvarlar tarafından yapılan çeşitli kimliklendirme çalışmaları (DNA veri tabanı oluşturma, kayıp/kurban kimliklendirme, annelik-babalık testi vb.) ile oluşturulmaktadır (Butler, 2007).

Son yıllarda NGS ile yapılan çalışmalardan elde edilen alellerin, uzunluk analizi ile elde edilen alellerden daha fazla olduğu gösterilmiştir. Bu durum uzunluğu aynı olup farklı nükleotid dizilimine sahip alellerin ayırt edilmesi mümkün hale gelmiştir. Bu sayede literatürde var olan STR alellerin dışında yeni birçok alel tanımlanmıştır (Li H et al., 2017).

Bu çalışmada yakın akrabalarda NGS teknolojisi ile STR lokuslarına ait alellerin dizilenerek tayini ve PCR- CE yöntemi ile karşılaştırılması hedeflenmiştir. Yakın akrabalarda STR profilleri oldukça benzer olmasından dolayı bazı adli olgularda (göç, babanın veya annenin öldüğü durumlar vb.) PCR-CE sistemlerinde kullanılan STR lokusları ile akrabalık ilişkileri belirlenemeyebilir. Çünkü PCR-CE analizinde kullanılan kısıtlı sayıdaki STR lokusları ve bu lokusların sadece uzunluklarına dayalı olarak yapılan alel tayinleri bu gibi durumlarda yetersiz kalabilir. Bu durumda NGS teknolojisi kullanılarak STR lokuslarına ait alellerin nükleotid dizilerinin tanımlanması ile uzunluk ve polimorfizminin yanısıra nükleotid dizisi polimorfizmi de analiz edilmiş olur.

Yaptığımız PCR- CE çalışmasına ait sonuçlarda yer alan F1-XY26 bireyi ile F1-XY29 bireyi arasında baba-oğul ilişkisi mevcuttur (Şekil 15). Y kromozomları aynı olduğundan, bu kromozom üzerindeki indel lokuslarının genotipleri ikisinde de 2 olarak görülmektedir.

Yaptığımız çalışmada hem NGS hem de PCR-CE analiz sonuçları (Tablo 16, 17) verilen örnek aile sonucu incelendiğinde, D8S1179 lokusunda her iki analizde de babanın alelleri 10-15, annenin 15-16 ve çocuğun ise 15-15 olduğu görülmektedir. Ancak NGS analizinde bu lokus incelendiğinde çocuğun anne ve babadan aldığı homozigot 15-15 genotipinin 2 farklı sekans motifinden oluştuğu görülmüştür (Şekil 24-26). Anne ve babadan gelen alellerin uzunlukları eşit ve 15 olduğu halde sekans motiflerindeki farklılık sayesinde hangi alelin anneden, hangi alelin babadan geldiği tespit edilebilmektedir. CE ile yalnızca alel uzunlukları elde edilebilmişken, NGS teknolojisi sayesinde sekansın elde edilmesiyle bu ayırım yapılabilir. Alel uzunluklarının eşit olduğu bu gibi

durumlarda NGS teknolojisinin kullanımının nesep tayini için ne kadar önemli olduğu açıkça görülmektedir. Bu çalışmada da olduğu gibi NGS teknolojisi kullanılarak yapılan analizlerde bir lokusa ait birden fazla motif tespit edilebilir ve uzunluğa dayalı analize kıyasla daha fazla alel elde edilebilir. Gettings ve ark. yaptıkları çalışmada 183 popülasyon örneğini sıkça kullanılan 22 otozomal STR lokusuyla sekanslamış ve bu lokuslardan 6 tanesinden elde edilen alel sayısının NGS ile yapılan STR analizlerinde CE bazlı analizlere kıyasla iki katından fazla arttığını gözlemlemişlerdir (Gettings et al., 2016). Bu lokuslar: D12S391, D2S1338, D21S11, D8S1179, D3S1358 ve vWa lokuslarıdır. Yaptığımız aile çalışmasında da farklı sekans motifi gördüğümüz D8S1179 lokusundan, Gettings ve ark. 183 örnekte yapmış oldukları çalışmada uzunluk polimorfizmiyle 10 alel elde ederken, sekanslama ile 22 alel elde etmişlerdir. Alel sayısındaki bu artışın nesep tayininde istatistiki gücü artıracak ve çakışan alel frekansını da düşüreceğini belirtmişlerdir (Gettings et al., 2016).

Zheng ve arkadaşlarının yapmış olduğu çalışma da alel sayısındaki artışı destekler niteliktedir. 106 adet örnek incelendiğinde NGS ile elde edilen alel sayısının birçok lokus için CE ile elde edilen alel sayısından çok daha fazla olduğu görülmüştür. Bu araştırmada kullanılan lokuslardan biri de yine D8S1179 lokusudur. Bu çalışmada ise bu lokustan elde edilen alel sayısının CE ile 9 iken NGS ile 16'ya yükseldiği gözlemlenmiştir. Bunun dışında D12S391 lokusu için alel sayısı 12'den 31'e, D2S1338 lokusu için 11'den 27'ye, D21S11 lokusu için 14'ten 32'ye, D3S1358 lokusu için 5'ten 9'a, D1S1656 lokusu için 11'den 15'e ve vWA lokusu için 7'den 12'ye yükselmiştir. Tablo 18'de görüldüğü gibi yaptığımız çalışmada da D12S391 lokusu için alel sayısı 11'den 24'e D2S1338 lokusu için 9'dan 13'e , D3S1358 için 7'den 11'e, D8S1179 lokusu için 6'dan 9'a D21S11 lokusu için 7'den 10'a, D2S441 lokusu için 8'den 10'a, D1S1656 lokusu için 10'dan 11'e ve vWA lokusu için 6'dan 7'ye yükselmiştir (Zheng et al., 2017).

Li ve ark. tarafından yapılan çalışmada 9 STR lokusunun (CSF1PO, D1S1656, D2S441, D2S1338, D3S1358, D8S1179, D12S391, D21S11 ve D4S2408) NGS ile yapılan analizlerinde CE analizlerine kıyasla artan alel sayısı tespit edilmiştir. NGS teknolojisiyle STR lokusları sekansa dayalı analiz edildiğinden tekrar motiflerindeki varyasyonların tespitinin de yapılabileceği belirtilmiştir (Li et al., 2017, Gettings et al., 2016).

İki farklı metod kullanılarak elde edilen alel sayıları Tablo 18’de görüldüğü gibidir. CE metoduna kıyasla NGS metodu ile sekiz lokusta toplam 31 farklı alel gözlenmiştir. Her iki yöntemde ortak olan diğer 13 lokusta (CSF1PO, D5S818, D10S1248, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D22S1045, D7S820, DYS391, FGA, TH01 ve TPOX) aynı sayıda alel gözlenmiştir. Çalışmamızda NGS ile alel sayısında artışı en fazla D12S391, D2S1338 ve D3S1358 lokuslarında görülmüştür. D12S391 lokusu için CE analizi ile 11 farklı lokus elde edilirken NGS analizi ile 24 farklı alel elde edilmiştir. D2S1338 lokusu CE ile analizinde 9 farklı alel gözlenirken NGS analizinde 13 farklı alel görülmüştür. D3S1358 lokusunda ise CE analizinde 7 farklı alele rastlanırken NGS analizinde 11 farklı alel görülmüştür. D8S1179, D21S11, lokuslarında alel sayısı artış üç, D2S441 lokusunda artış sayısı iki ve D12S391, D1S1656 ve vWA lokuslarında alel artış sayısı bir olmuştur. Bu durum NGS ile alel sayısında artış olmuş ve bununla birlikte STR analizinin güvenilirliği de aynı oranda artmıştır. Çalışmamızda her ne kadar akraba ve örnek sayısı az olsa da elde edilen sonuçlar diğer çalışmalar ile uyumludur (Zheng et al., 2017).

Butler-Gettings ve arkadaşlarının da yaptıkları çalışmada birçok STR lokusunun sekansa dayalı analizlerinden uzunluğa dayalı analizlere kıyasla çok daha fazla alel elde edildiğini belirtmişlerdir. Bu lokuslardan biri de %100 artışın gözlemlendiği D8S1179 STR lokusudur. Bu çalışmada, bizim çalışmamızda da alel sayısında artış gördüğümüz lokusların tamamında (D12S391, D1S1656, D21S11, D2S1338, D2S441, D3S1358, D8S1179 ve vWA) alel sayılarında artış gözlenmiştir. Bu

alışma aynı zamanda adli vakalarda kullanılan STR lokuslarının popölasyon örneğlerinin sekanslanmasının sekansa dayalı bir isimlendirme (nomenclature) belirlenmesi için önemini vurgulamaktadır. Bu yeni isimlendirme sayesinde alelik çeşitliliğın daha kapsamlı olduėu arařtırmalar yapılabilecek ve istatistiki amaçlı popölasyon veritabanları oluşturulacaktır (Butler et al., 2015).

Kim ve ark. tarafından yapılan alışmada akrabalık ilişkisi bulunmayan 250 Koreliden alınan örneğler kullanılarak 23 otozomal STR lokusunun tekrar bölge yapıları ve komşu yapıları incelenmiş, içlerinde alışmamızda alel sayısında artış gördüğümüz (D12S391, D1S1656, D21S11, D2S1338, D2S441, D3S1358, D8S1179 ve vWA) 8 lokusun da bulunduėu 13 STR lokusu için geleneksel kapiler elektroforez yöntemine kıyasla 156 ek alel ve 439 ek genotip gözlemlenmiştir. Bu bölgelerde tespit edilen varyasyonların ayırım gücünü arttırdığı tespit edilmiştir (Kim et al., 2017).

Bir diğerk alışmada ise 197 Danimarkalı örneğinde D12S391 STR lokusu NGS ile analiz edildiğinde 53 farklı alel tespit edilirken, PCR-CE ile yalnızca 15 farklı alel tespit edilmiştir. D12S391 alellerinin çoėu aynı uzunluğaa sahip olduėu halde tekrar bölgelerinin sekans kompozisyonlarının farklılık gösterdiği gözlemlenmiştir (Børsting & Morling, 2015). NGS teknolojisiyle yapılan STR analizlerinden elde edilen alel sayısının kapiler elektroforez yöntemine kıyasla daha fazla olduėunu gösteren ve alışmamızda anlamlı sonuç elde ettiğimiz STR lokuslarını (D12S391, D1S1656, D21S11, D2S1338, D2S441, D3S1358, D8S1179 ve vWA) içeren başka alışmalar da bulunmaktadır (Guo et al., 2016; Kwon et al., 2016). Bütün bu alışmalara bakıldığında kullanmış olduğumuz D8S1179 STR lokusunun tekrar motifi en çok farklılık gösteren lokuslardan biri olduėu görölmektedir.

Yüksek polimorfik özelliğe sahip olan lokuslarla yapılan çalışmalara örnek olarak SE33 STR lokusunun NGS-STR analizi verilebilir. Borsuk ve ark. Amerika Ulusal Standartlar ve Teknoloji Enstitüsü (National Institute of Standards and Technology, NIST) popülasyon örnek setinde bulunan aralarında akrabalık ilişkisi bulunmayan Afro-Amerikan, Asyalı, Kafkas ve Hispanik 1036 bireyden alınan örnekleri kullanarak yüksek polimorfik özellikteki SE33 STR lokusunu NGS teknolojisiyle analiz etmiş ve bunun sonucunda elde edilen alel sayısının CE'ye kıyasla dört katı kadar arttığını (CE ile 52, NGS ile 264 farklı alel) belirtmişlerdir (Borsuk et al., 2017).

Butler-Gettings ve ark. yaptıkları çalışmada popülasyonlar arasındaki heterozigotluk ortalamasının bazı lokuslar için arttığını (%4-12 aralığında artış) gözlemlemiş ve CE ile homozigot görünürken NGS ile yapılan STR analizlerinde heterozigot olduğu anlaşılan lokusları belirtmişlerdir. Aynı zamanda bu lokuslar için popülasyonlar arasındaki PI ("probability of identity") ortalamasının da azaldığını (%1-6 aralığında azalma) tespit etmişlerdir. Bu da iki bireyin bir lokusta aynı genotipe sahip olma olasılığındaki azalmayı ifade etmektedir. Butler-Gettings ve ark. bu çalışmaları sonucunda popülasyon bazında en fazla kazanımların Afro-Amerikan popülasyonunda olduğunu ve bu lokusların alel sayısındaki en fazla artışa sahip olan D12S391, D2S1338, D21S11, D3S1358, D8S1179, and vWA lokusları olduğunu, bu lokuslar için PI değerlerinde ortalama -%4.4 azalma ve Het (heterozigotluk) değerlerinde ise ortalama +%11.5 artış olduğunu belirtmişlerdir. Bu lokuslarda PI için ortalama azalama/ heterozigotluk için artma oranları Avrupalı ve İspanyol popülasyonları için sırasıyla -%2.1 / +%5.5 ve -%2.6 / +%8.1 olarak belirtilmiştir. Heterozigotluk değerinde olan artış ve PI değerindeki azalma bu lokusların ayırım gücünü arttırmaktadır (Butler et al., 2016).

Ülkemizde adli vakalarda kimliklendirmede ve nesep tayininde PCR-CE'ye dayalı STR analizleri yapılmaktadır. Ancak CE'nin her durumda yeterli olmaması daha kesin ve sağlıklı sonuçlara

ulařabilmek adına NGS'ye dayalı STR analizini gerekli hale getirmektedir. Homozigot olan bir bireyin (bizim örneğimize olduđu gibi) anne ve babadan aldığı alellerin sekans motifi farklı olduđu zaman çalışılan popölasyonda bu alelin sekans motif frekansı belirlenmiş ise babalık ya da annelik hesabı bu sekans motif frekansına göre hesaplanır. Bu hesaplama da ayırım gücünü arttıracaktır.

Yakın akrabaların dahil olduđu adli vakalarda ayırım gücünü arttıracığı, nesep tayininde daha kesin ve sağlıklı sonuçlar vereceğı için NGS teknolojisinin kullanımı çok önemli bir ihtiyaçtır. Bunun için yukarıda verilen örnek çalışmadaki gibi ölkemizde de NGS-STR çalışmalarına başlanmalı ve istatistiki hesaplamalar için NGS-STR tabanlı verisetleri oluşturularak STR lokuslarına ait yeni alel frekasları oluşturulmalıdır. Böylece yakın akrabaların dahil olduđu birçok davanın çözüme kavuşturulması, ayırım gücü yüksek NGS teknolojisi kullanılarak STR alellerinin sekanslaması ile mümkün olabilecektir.

6. ÖZET

PCR, kantitatif DNA analizi, (STR) profillemesi ve mitokondriyal DNA (mtDNA) dizilimi gibi birçok yöntem adli DNA analizinin temelini oluşturur. Geleneksel yani “Kapiler Elektrophorez” (CE) yöntemine dayalı STR analizi ile elde edilen sonuçlar yakın akrabaların kimliklendirilmesinde yetersiz kalabilmektedir. Bunun sebebi kapiler elektrophorezle STR alellerinin yalnızca uzunluk ve tekrar sayısı bilgisine ulaşılabilmesidir. “Yeni Nesil Sekanslama” (NGS) teknolojisiyle birlikte bu STR alellerinin nükleotid dizileri de elde edilir. Böylece yakın akrabaların müdahil olduğu davalar yüksek ayırım gücüne sahip NGS teknolojisiyle çözümlenebilecektir. Bu çalışmada hem CE hem de NGS metotları kullanılarak yakın akrabalarda STR analizi yapılmıştır. Yapılan çalışmada hem NGS hem de PCR-CE analiz sonuçları verilen örnek aile sonucu incelendiğinde, sekiz lokusta (D12S391, D1S1656, D21S11, D2S1338, D2S441, D3S1358, D8S1179 ve vWA) CE metoduna kıyasla, NGS metodu ile toplam 31 farklı alel gözlenmiştir. Diğer lokuslarda ise her iki metod ile de aynı sayıda alel gözlenmiştir. Bunun yanı sıra çalışmamızda CE sonuçlarında D8S1179, D12S391 lokuslarında homozigot olarak görülen genotipler NGS ile incelendiğinde bu homozigot bireylerin sekans motiflerinin farklı olduğu gözlenmiştir. Alellerin uzunlukları eşit olduğu halde sekans motiflerindeki farklılık sayesinde hangi alelin ebeveyninden veya akrabadan tespit edilebilmektedir. Sonuç olarak çok az olan örnek grubunda bile NGS ile alel sayısında artış olduğu anlaşılmıştır. Alel uzunluklarının eşit olduğu bu gibi durumlarda NGS teknolojisinin kullanımının nesep tayini için ne kadar önemli olduğu açıkça görülmektedir. Bu çalışmada da olduğu gibi NGS teknolojisi kullanılarak yapılan analizlerde bir lokusa ait birden fazla motif tespit edilebilir ve uzunluğa dayalı analize kıyasla daha fazla alel elde edilebilerek ayırım ve dışlama gücü artırılabilir. Böylece yakın akrabaların dahil olduğu birçok davanın çözüme kavuşturulması, ayırım gücü yüksek NGS teknolojisi kullanılarak STR alellerinin sekanslaması ile mümkün olabilir.

7. SUMMARY

Forensic DNA analysis is based on the methods such as: PCR, quantitative DNA analysis, STR profiling, and mitochondrial DNA sequencing. The traditional method called “Capillary Electrophoresis” based STR analysis might be insufficient for identification of related individuals. The reason why CE might be insufficient is that it gives results only according to length and repeat numbers of the STR alleles. However, with the “Next Generation Sequencing” (NGS) technology, it is possible to obtain also the nucleotide sequences of analyzed STR alleles. Hence, the use of NGS technology which has a great discriminating power is able to solve the cases involving related individuals. In the study, when both NGS and PCR-CE analysis results were examined, a total of 20 different alleles were observed with the NGS method compared to the CE method at nine loci (D12S391, D1S1656, D21S11, D2S1338, D2S441, D3S1358, D8S1179 and vWA) (Table 18). In other loci, the same number of alleles were observed with both methods. As a result, it was understood that there was an increase in the number of alleles with NGS even in the very few sample group. In addition, when the genotypes seen as homozygous in the D8S1179, D12S391 loci in the CE results in our study were examined with NGS, it was observed that the sequence motifs of these homozygous individuals were different. Although alleles are equal in length, thanks to the difference in sequence motifs, which allele can be detected from the parent or relative. In such cases where allele lengths are equal, the use of NGS technology is important for the determination of the relationship. As in this study, multiple motifs of a locus can be detected by using NGS technology and more alleles can be obtained compared to length-based analysis. Thus, the resolution of many cases involving close relatives can be possible by sequencing STR alleles using high discrimination NGS technology.

8. KAYNAKLAR

Alvarez-Cubero, M. J., Saiz, M., Martínez-García, B., Sayalero, S. M., Entrala, C., Lorente, J. A., & Martinez-Gonzalez, L. J. (2017). Next generation sequencing: an application in forensic sciences? *Annals of Human Biology*, 44(7), 581–592.

Applied Biosystems™. (2016). GlobalFiler™ PCR Amplification Kit User Guide - User Guide, 4476135(4477604), 1–166.

Barbisin, M., & Shewale, J. G. (2010). Assessment of DNA Extracted from Forensic Samples Prior to Genotyping. *Forensic Science Review*, 22(2), 199–214.

Barrio, P. A., Martín, P., Alonso, A., Müller, P., Bodner, M., Berger, B., DNASEQEX Consortium. (2019). Massively parallel sequence data of 31 autosomal STR loci from 496 Spanish individuals revealed concordance with CE-STR technology and enhanced discrimination power. *Forensic Science International Genetics*, 42, 49–55.

Børsting, C., & Morling, N. (2015). Next generation sequencing and its applications in forensic genetics. *Forensic Science International: Genetics*, 18, 78–89.

Borsuk, L. A., Gettings, K. B., Steffen, C. R., Kiesler, K. M., & Vallone, P. M. (2017). Sequencing of the highly polymorphic STR locus SE33. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 6, 322–323.

Bright, J.-A. (2009). Short Tandem Repeats. In *Wiley Encyclopedia of Forensic Science* (pp. 1934–1934). Chichester, UK: John Wiley & Sons, Ltd.

Bruijns, B., Tiggelaar, R., & Gardeniers, H. (2018). Massively parallel sequencing techniques for forensics: A review. *Electrophoresis*, 39(21), 2642–2654.

Butler, J. M. (2007). Short tandem repeat typing technologies used in human identity testing. *BioTechniques*, 43(4).

Butler, J. M. (John M. (2005). *Forensic DNA typing : biology, technology, and genetics of STR markers*. Elsevier Academic Press.

Butler, J. M., & Hill, C. R. (2012). Biology and Genetics of New Autosomal STR Loci Useful for Forensic DNA Analysis. *Forensic Science Review*, 24:15.

Butler, E., & Li, R. (2014). Genetic markers for sex identification in forensic DNA analysis. *Journal of Forensic Investigation*, 2(3).

Butler-Gettings, K., Aponte, R. A., Vallone, P. M., & Butler, J. M. (2015). STR allele sequence variation: Current knowledge and future issues. *Forensic Science International: Genetics*, 18, 118–130.

Butler-Gettings, K., Kiesler, K. M., Faith, S. A., Montano, E., Baker, C. H., Young, B. A., Vallone, P. M. (2016). Sequence variation of 22 autosomal STR loci detected by next generation sequencing. *Forensic Science International: Genetics*, 21, 15–21.

Consortium, I. H. G. S. (2001). Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, 409(6822), 860–921.

Constantinescu, C. M., Barbarii, L. E., Iancu, C.-B., Constantinescu, A., Neagu, E., Iancu, D., & Girbea, G. (2012). Challenging DNA samples solved with MiniSTR analysis. *Romanian Journal of Legal Medicine*, 20(1), 51–56.

Doğan-Alakoç, Y. (2010). Adli bilimlerde DNA analizi. *Ankara Üniversitesi Dikimevi Sağlık Hizmetleri Meslek Yüksekokulu Dergisi*, 9(2), 2.

Dumache, R., Ciocan, V., Muresan, C., & Enache, A. (2016). Molecular DNA Analysis in Forensic Identification. *Clinical Laboratory*, 62(1–2), 245–248.

Eisenberg, A. J. Parentage Statistics. Retrieved August 18, 2019, from <https://www.promega.com/-/media/files/resources/conference-proceedings/ishi-15/parentage-and-mixture-statistics-workshop/introductiontoparentagestatistics.pdf?la=en>

Evett, I. W., & Wier, B. S. (1998). *Interpreting DNA Evidence*. Sinauer Associates, Sunderland, MA.

Fung, W. K., & Hu, Y. Q. (2008). *Statistical DNA Forensics: Theory, Methods and Computation*. Statistical DNA Forensics: Theory, Methods and Computation.

Gettings, K. B., Kiesler, K. M., Faith, S. A., Montano, E., Baker, C. H., Young, B. A., Vallone, P. M. (2016). Sequence variation of 22 autosomal STR loci detected by next generation sequencing. *Forensic Science International: Genetics*, 21, 15–21.

Guo, F., Zhou, Y., Liu, F., Yu, J., Song, H., Shen, H., Jiang, X. (2016). Evaluation of the Early Access STR Kit v1 on the Ion Torrent PGMTM platform. *Forensic Science International: Genetics*, 23, 115.

Ginther, C., Issel-Tarver, L., & King, M.-C. (1992). Identifying individuals by sequencing mitochondrial DNA from teeth. *Nature Genetics*, 2(2), 135–138.

Hajiyev, A. (2018). *Kısa Ardışık Tekrar Bölgelerinin (Short tandem repeats” - STR) Analizi Doku Karışıklığına Çözüm Olabilir mi ve Aynı Hastada Non-neoplastik ve Neoplastik Bölgeler Arası STR Profilinin Karşılaştırılması* (T.C. Hacettepe Üniversitesi).

Hughes-Stamm, S. R., Ashton, K. J., & Van Daal, A. (2011). Assessment of DNA degradation and the genotyping success of highly degraded samples. *International Journal of Legal Medicine*, 125(3), 341–348.

Human Genome Sequencing Consortium, I. (2004). Finishing the euchromatic sequence of the human genome. *Nature*, 431(7011), 931–945. <https://doi.org/10.1038/nature03001>

Jakovskilow, Zlatko Jankova-Ajanovska, R., Stankov, Aleksandar Poposka, V., Bitoljanu, N., & Belakaposka, V. (2017). The power of forensic DNA data bases in solving crime cases. *Forensic Science International Genetics*, 6, 275–576.

Jeffreys, A. J., Wilson, V., & Thein, S. L. (1985). Individual-specific ‘fingerprints’ of human DNA. *Nature*, 316(6023), 76–79.

Jeffreys, Alec J., Brookfield, J. F. Y., & Semeonoff, R. (1985). Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints. *Nature*, 317(6040), 818–819.

Jeffreys, Alec J., Wilson, V., & Thein, S. L. (1985). Hypervariable ‘minisatellite’ regions in human DNA. *Nature*, 314(6006), 67–73.

Jobling, M. A., & Gill, P. (2004). Encoded evidence: DNA in forensic analysis. *Nature Reviews Genetics*, 5(10), 739–751.

Kim, E. H., Lee, H. Y., Kwon, S. Y., Lee, E. Y., Yang, W. I., & Shin, K.-J. (2017). Sequence-based diversity of 23 autosomal STR loci in Koreans investigated using an in-house massively parallel sequencing panel. *Forensic Science International: Genetics*, 30, 134–140.

Kchouk, M., Elloumi, M., & Gibrat, J.-F. (2017). Generations of sequencing technologies: from first to next generation. *Biology and Medicine*, 09(03).

Kwon, S. Y., Lee, H. Y., Kim, E. H., Lee, E. Y., & Kyoung-Jin, S. (2016). Investigation into the sequence structure of 23 Y chromosomal STR loci using massively parallel sequencing. *Forensic Science International: Genetics*, 25, 132–141.

Li, H., Zhao, X., Ma, K., Cao, Y., Zhou, H., Ping, Y., ... Liu, W. (2017). Applying massively parallel sequencing to paternity testing on the Ion Torrent Personal Genome Machine. *Forensic Science International: Genetics*, 31, 158.

Liu, L., Li, Y., Li, S., Hu, N., He, Y., Pong, R., Law, M. (2012). Comparison of Next-Generation Sequencing Systems. *Journal of Biomedicine and Biotechnology*, 2012, 1–11.

Mardis, E. R. (2017). DNA sequencing technologies: 2006–2016. *Nature Protocols* 2017 12:2, 12(2), 213. <https://doi.org/10.1038/nprot.2016.182>

Panneerchelvam, S., & Norazmi, M. N. (2003). Forensic DNA Profiling and Database. *The Malaysian Journal of Medical Sciences*, 10(2), 20–26.

Richard, L. (2015a). Amplification by Polymerase Chain Reaction 7.1. In *Forensic biology* (2nd ed., pp. 143–157). Taylor & Francis.

Richard, L. (2015b). Autosomal Short Tandem Repeat Profiling. In *Forensic biology* (2nd ed., pp. 369–406). Taylor & Francis.

Roewer, L. (2013). DNA fingerprinting in forensics: past, present, future. *Investigative Genetics*, 4(1), 22.

Ronaghi, M., Karamohamed, S., Pettersson, B., Uhlén, M., & Nyrén, P. (1996). Real-Time DNA Sequencing Using Detection of Pyrophosphate Release. *Analytical Biochemistry*, 242(1), 84–89.

Ronaghi, M., Nygren, M., Lundeberg, J., & Nyrén, P. (1999). Analyses of secondary structures in DNA by pyrosequencing. *Analytical Biochemistry*, 267(1), 65–71.

Sanger, F., Nicklen, S., & Coulson, A. R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 74(12), 5463–5467.

Schäfer, R., Zischler, H., Birsner, U., Becker, A., & Epplen, J. T. (1988). Optimized oligonucleotide probes for DNA fingerprinting. *Electrophoresis*, 9(8), 369–374.

Shendure, J., Balasubramanian, S., Church, G. M., Gilbert, W., Rogers, J., Schloss, J. A., & Waterston, R. H. (2017). DNA sequencing at 40: Past, present and future. *Nature*, 550(7676), 345–353.

Stephenson, F. H. (2016). Forensics and Paternity. In *Calculations for Molecular Biology and Biotechnology* (Third, pp. 439–463).

Sullivan, K. M., Hopgood, R., & Gill, P. (1992). Identification of human remains by amplification and automated sequencing of mitochondrial DNA. *International Journal Of Legal Medicine*, 105(2), 83–86.

Teng, Y., Zhang, F. X., Shen, C. M., Wang, F., Wang, H. D., Yan, J. W., & Liu, J. L. (2012). Genetic variation of new 21 autosomal short tandem repeat loci in a Chinese Salar ethnic group. *Molecular Biology Reports*, 39(2), 1465–1470.

Ustek, D., Abacı, N., Sırma, S., Çakiris, A., Ad, G., Tıp, D. (2011). Yeni Nesil DNA Dizileme. *Deneyisel Tıp Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 1(1), 11–18.

Venter, J. C., Adams, M. D., Myers, E. W., Li, P. W., Mural, R. J., Sutton, G. G., ... Zhu, X. (2001). The Sequence of the Human Genome. *Science*, 291(5507), 1304–1351.

Weber-Lehmann, J., Schilling, E., Gradl, G., Richter, D. C., Wiehler, J., & Rolf, B. (2014). Finding the needle in the haystack: Differentiating “identical” twins in paternity testing and forensics by ultra-deep next generation sequencing. *Forensic Science International: Genetics*, 9(1), 42–46.

WONG, Z., WILSON, V., PATEL, I., POVEY, S., & JEFFREYS, A. J. (1987). Characterization of a panel of highly variable minisatellites cloned from human DNA. *Annals of Human Genetics*, 51(4), 269–288.

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

Zheng, W., Zhou, D., Wang, H., Jia, Z., Liu, J., Qian, X., ... Hou, Y. (2017). Massively parallel sequencing of 32 forensic markers using the Precision ID GlobalFiler™ NGS STR Panel and the Ion PGM™ System. *Forensic Science International: Genetics*, 31, 130.

Zhu, Z., Jenkins, G., Zhang, W., Zhang, M., Guan, Z., & Yang, C. J. (2012). Single-molecule emulsion PCR in microfluidic droplets. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 403(8), 2127–2143.

9. EKLER

EK-1: TÜM ÖRNEKLERE AİT STR-CE GENOTİP SONUÇLARI

	F1-XX32	F1-XX28	F1-XX30	F1-XX31	F1-XY26	F1-XY27	F1-XY24
AMELOGENIN	XX	XX	XX	XX	XY	XY	XY
D2S441	10-12	11-12	12-14	11-11	9-12	11-11.3	10-14
D19S433	11-14	11-15	11-12	11-13	13-15	14-14	13-15
D1S1656	11-17.3	11-12	16-17.3	11-12	11-11	15-17.3	15-15
D3S1358	15-15	15-16	15-16	15-16	15-15	17-17	16-16
D5S818	10-12	12-12	12-12	12-12	11-12	12-12	11-12
D7S820	10-11	8-10	8-10	8-10	10-12	10-12	10-10
D8S1179	14-15	13-15	13-15	13-15	12-15	12-13	11-12
TH01	7-9.3	6-7	6-9.3	6-6	7-7	6-8	6-6
Y-Indel					2	2	2
CSF1PO	11-13	10-11	11-12	11-11	10-10	9-11	10-10
D10S1248	13-16	14-16	13-14	16-16	15-16	16-17	11-16
D12S391	17-20	17-18	17-18	17-21	18-21	22-23	19-20
D13S317	8-13	8-8	8-8	8-11	8-12	11-12	8-14
D16S539	9-10	9-9	9-9	9-11	9-11	11-12	9-13
D18S51	14-15	15-17	15-17	15-15	15-17	13-16	13-16
D21S11	28-30	30-32.2	30-32.2	29-30	29-32.2	30-30.2	29-29
D22S1045	11-15	11-16	11-16	15-16	11-15	16-17	15-16
D2S1338	17-20	17-27	17-18	17-19	17-17	19-20	20-24
DYS391					9	10	10
FGA	24-24	22-24	22-24	20-22	22-24	21-24	21-23
SE33	17-35	13-17	17-29.2	17-23.2	17-23.2	16-25.2	17-31.2
TPOX	8-10	10-11	10-11	11-11	8-10	8-8	8-8
vWA	17-17	17-18	17-18	17-19	18-19	17-19	15-19

	F1-FXX03	F1-FXX04	F1-FXY07	F1-XX13	F1-XX14	F1-XX16	F1-XX17
AMELOGENIN	XX	XX	XY	XX	XX	XX	XX
D2S441	11-11	11-11	10-11	10-11	11-13.3	11-11.3	11-13.3
D19S433	15-16.2	13-16.2	13-16.2	13-13	13-16.2	13-15.2	13-16.2
D1S1656	11-14	14-15	11-17	11-15	15-16.3	12-15.3	15-16.3
D3S1358	15-16	15-17	16-16	16-17	15-16	16-18	15-16
D5S818	11-12	11-11	11-11	11-11	11-12	11-13	11-12
D7S820	11-12	8-10	9-11	9-10	11-11	11-12	11-11
D8S1179	14-14	12-15	11-14	11-12	12-15	12-13	12-15
TH01	6-9	7-9	6-9	6-7	6-9	6-8	6-9
Y-Indel			2				
CSF1PO	11-11	10-10	10-11	10-10	11-11	12-12	11-11
D10S1248	14-16	11-16	15-16	11-15	14-16	12-13	14-16
D12S391	20-22	19-19.1	20-22	19-22	20-20	21-22	20-20
D13S317	12-13	11-14	11-12	12-14	11-11	9-12	11-11
D16S539	9-12	8-12	11-11	8-11	9-12	12-13	9-12
D18S51	17-17	13-16	13-17	16-17	15-17	15-18	15-17
D21S11	31.2-32.2	28-29	28-31.2	28-31.2	30-31.2	30-31.2	30-31.2
D22S1045	11-16	15-16	11-11	11-15	11-17	11-16	11-17
D2S1338	17-18	21-24	17-17	17-21	17-19	24-25	17-19
DYS391			11				
FGA	22-26	22-24	21-22	22-24	22-26	20-27	22-26
SE33	15-26.2	15-15	17-31.2	15-31.2	30.2-31.2	19-24.2	15-31.2
TPOX	8-11	8-9	8-8	8-8	8-8	9-10	8-8
vWA	17-18	15-16	18-18	15-18	14-18	17-17	14-18

	F1-XX18	F1-XX19	F1-XY15	F2-XX8	F2-XX7	F2-XX2	F1-XY21
AMELOGENIN	XX	XX	XY	XX	XX	XX	XY
D2S441	11-11	11-14	11-11	10-14	12-14	11-12	10-10
D19S433	15.2-16.2	13-13	16.2-16.2	14-16.2	13-15	13-14	14-15
D1S1656	15.3-17	15-15	15-17	11-12	11-15	11-16	16-17.3
D3S1358	16-16	14-16	15-16	15-16	16-18	16-16	19-20
D5S818	11-13	11-11	11-11	11-12	9-12	9-11	12-12
D7S820	8-11	10-10	8-11	8-9	10-11	8-11	10-12
D8S1179	11-12	8-11	11-12	14-15	13-14	12-14	13-15
TH01	6-9	6-9	7-9	7-7	8-9	8-9.3	6-7
Y-Indel			2				2
CSF1PO	11-12	10-11	10-11	10-13	10-11	10-11	10-11
D10S1248	12-15	14-16	11-15	13-15	14-14	14-16	13-16
D12S391	19-22	20-19.3	19-22	15-19	17-20	18-20	20-21
D13S317	11-12	8-8	11-11	9-12	8-8	8-11	12-14
D16S539	12-13	11-13	11-12	9-14	8-12	12-12	9-11
D18S51	16-18	13-17	16-17	10-14	11-20	14-15	15-16
D21S11	28-30	29-29	28-29	30.2-31.2	30.2-32.2	29-32.2	29-31.2
D22S1045	11-16	15-15	11-16	11-16	16-16	15-15	15-16
D2S1338	17-24	17-24	17-21	17-18	20-23	17-19	20-24
DYS391			11				10
FGA	22-27	21-23	21-22	22-23	22.2-24	22-22.2	21-22
SE33	15-19	17-30.2	15-31.2	25.2-30.2	18-29.2	18-31.2	16-28.2
TPOX	8-9	8-8	8-9	8-8	8-8	8-11	8-11
vWA	15-17	16-19	15-18	14-18	14-16	16-17	18-18

	F2-XY4	F2-XX1	F2-XX10	F2-XY13	F2-XY12	F2-XY9	F1-XY22	F2-XX6
AMELOGENIN	XY	XX	XX	XY	XY	XY	XY	XX
D2S441	10-11	11-12	14-16	14-16	10-14	10-11	10-10	11-12
D19S433	12-13	14-14	13-14	14-14.2	14-14.2	14.2-15.2	13-15	13-15
D1S1656	13-16	15-16	16-17.3	11-16	11-17	16-17	15-16	15-15
D3S1358	16-18	15-16	14-15	15-16	14-16	14-17	16-20	16-16
D5S818	12-12	9-11	9-12	9-12	12-12	12-12	11-12	9-12
D7S820	11-13	8-11	8-10	10-11	9-11	10-11	10-12	8-11
D8S1179	13-14	12-15	13-15	13-15	14-15	13-15	12-13	12-14
TH01	8-9.3	9.3-9.3	6-7	6-9.3	7-9.3	8-9.3	6-6	8-9
Y-Indel	2			2	2	2	2	
CSF1PO	11-12	10-11	11-13	12.3-12.3	10.3-12.3	10.3-10.3	10-10	10-11
D10S1248	14-14	13-16	13-16	13-14	14-15	14-14	11-13	14-14
D12S391	19.3-23	20-21	18-20	15-20	15-19	19-24	19-20	18-20
D13S317	11-12	8-12	10-11	11-12	10-12	10-11	14-14	8-11
D16S539	12-14	12-13	8-9	8-14	9-14	9-13	8-9	12-12
D18S51	12-17	12-15	14-15	13-14	10-13	13-15	15-16	11-20
D21S11	29-29	31-32.2	29-29	29-29	29-31.2	29-30	29-31.2	29-32.2
D22S1045	15-16	15-15	15-16	16-16	16-16	16-17	11-16	15-16
D2S1338	18-18	19-24	17-19	18-19	18-18	18-23	20-21	19-23
DYS391	10			10	10	10	10	
FGA	21-23	22.2-23	20-22	22-22	22-26	22.2-26	21-24	22-22.2
SE33	16-21	19-31.2	13-20	13-18	18-30.2	18-25.2		18-29.2
TPOX	8-11	8-11	8-9	8-8	8-8	8-11	8-11	8-8
vWA	16-18	17-17	16-17	14-16	14-16	16-17	15-18	16-17

EK-2: TÜM ÖRNEKLERE AİT STR-NGS GENOTİP SONUÇLARI

Örnek Adı	Markır	Allel	Sekans
F2-XY13	AMELX	1	[G]1
F2-XY13	AMELY	1	[A]1
F2-XY13	CSF1PO	13	[AGAT]13
F2-XY13	D10S1248	13	[GGAA]13
F2-XY13	D10S1248	14	[GGAA]14
F2-XY13	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F2-XY13	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F2-XY13	D12S391	15	[AGAT]8 [AGAC]6 [AGAT]1
F2-XY13	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]7 [AGAT]1
F2-XY13	D13S317	11	[TATC]11
F2-XY13	D13S317	12	[TATC]12
F2-XY13	D14S1434	10	[CTGT]3 [CTAT]7
F2-XY13	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F2-XY13	D16S539	8	[GATA]8
F2-XY13	D16S539	14	[GATA]14
F2-XY13	D18S51	13	[AGAA]13
F2-XY13	D18S51	14	[AGAA]14
F2-XY13	D19S433	14	AAGGTAGG [AAGG]12
F2-XY13	D19S433	14.2	GGTAGG [AAGG]13
F2-XY13	D1S1656	11	[TAGA]11
F2-XY13	D1S1656	16	[TAGA]15 [TAGG]1
F2-XY13	D1S1677	12	[TTCC]12
F2-XY13	D1S1677	14	[TTCC]14
F2-XY13	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F2-XY13	D21S11	29	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F2-XY13	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F2-XY13	D2S1338	18	[TGCC]6 [TTCC]12
F2-XY13	D2S1338	19	[TGCC]7 [TTCC]12
F2-XY13	D2S1776	9	[AGAT]9
F2-XY13	D2S1776	12	[AGAT]12
F2-XY13	D2S441	14	[TCTA]11 TTTA[TCTA]2
F2-XY13	D2S441	16	[TCTA]13 TTTA[TCTA]2
F2-XY13	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]12
F2-XY13	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F2-XY13	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F2-XY13	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F2-XY13	D4S2408	8	[ATCT]8
F2-XY13	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F2-XY13	D5S818	9	[AGAT]9
F2-XY13	D5S818	12	[AGAT]12
F2-XY13	D6S1043	11	[AGAT]11
F2-XY13	D6S1043	20	[AGAT]14 ACAT[AGAT]5
F2-XY13	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F2-XY13	D7S820	10	[GATA]10
F2-XY13	D7S820	11	[GATA]11
F2-XY13	D8S1179	13	[TCTA]1 TCTG[TCTA]11
F2-XY13	D8S1179	15	[TCTA]2 TCTG[TCTA]12
F2-XY13	DYS391	10	[TCTA]10
F2-XY13	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F2-XY13	Penta_D	10	[TCTTT]10
F2-XY13	Penta_D	14	[TCTTT]14
F2-XY13	Penta_E	7	[AAAGA]7
F2-XY13	Penta_E	12	[AAAGA]12
F2-XY13	SRY	1	[T]1
F2-XY13	TH01	6	[TCAT]6
F2-XY13	TH01	9.3	[TCAT]4 CAT[TCAT]5
F2-XY13	TPOX	8	[AATG]8
F2-XY13	Yindel	2	[TTCTC]2
F2-XY13	vWA	14	[TCTA]1 [TCTG]1 [TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]3 TCCA[TCTA]3
F2-XY13	vWA	16	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]11

F1-XY27	AMELX	1	[G]1
F1-XY27	AMELY	1	[A]1
F1-XY27	CSF1PO	9	[AGAT]9
F1-XY27	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XY27	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XY27	D10S1248	17	[GGAA]17
F1-XY27	D12ATA63	13	[TAA]10 [CAA]3
F1-XY27	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XY27	D12S391	22	[AGAT]12 [AGAC]9 [AGAT]1
F1-XY27	D12S391	22	[AGAT]13 [AGAC]9
F1-XY27	D12S391	23	[AGAT]13 [AGAC]9 [AGAT]1
F1-XY27	D13S317	11	[TATC]11
F1-XY27	D13S317	12	[TATC]12
F1-XY27	D14S1434	10	[CTGT]3 [CTAT]7
F1-XY27	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F1-XY27	D16S539	11	[GATA]11
F1-XY27	D16S539	12	[GATA]12
F1-XY27	D18S51	13	[AGAA]13
F1-XY27	D18S51	16	[AGAA]16
F1-XY27	D19S433	14	AAGGTAGG [AAGG]12
F1-XY27	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F1-XY27	D1S1656	17.3	[TAGA]4 [TGA]1 [TAGA]12 [TAGG]1
F1-XY27	D1S1677	13	[TTCC]13
F1-XY27	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XY27	D21S11	30	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XY27	D21S11	30.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10 TA [TCTA]1
F1-XY27	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XY27	D22S1045	17	[ATT]14 ACT[ATT]2
F1-XY27	D2S1338	19	[TGCC]6 [TTCC]13
F1-XY27	D2S1338	20	[TGCC]7 [TTCC]13
F1-XY27	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XY27	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XY27	D2S441	11.3	[TCTA]4 TCA[TCTA]7
F1-XY27	D3S1358	17	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]14
F1-XY27	D3S4529	14	[ATCT]9 ATTT[ATCT]4
F1-XY27	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F1-XY27	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XY27	D4S2408	10	[ATCT]10
F1-XY27	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XY27	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XY27	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XY27	D6S1043	14	[AGAT]14
F1-XY27	D6S1043	18	[AGAT]12 ACAT[AGAT]5
F1-XY27	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F1-XY27	D7S820	10	[GATA]10
F1-XY27	D7S820	12	[GATA]12
F1-XY27	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XY27	D8S1179	13	[TCTA]1 TCTG[TCTA]11
F1-XY27	DYS391	10	[TCTA]10
F1-XY27	FGA	21	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]13 CTCC [TTCC]2
F1-XY27	FGA	24	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]16 CTCC [TTCC]2
F1-XY27	Penta_D	10	[TCTTT]10
F1-XY27	Penta_D	15	[TCTTT]15
F1-XY27	Penta_E	11	[AAAGA]11
F1-XY27	Penta_E	16	[AAAGA]16
F1-XY27	SRY	1	[T]1
F1-XY27	TH01	6	[TCAT]6
F1-XY27	TH01	8	[TCAT]8
F1-XY27	TPOX	8	[AATG]8
F1-XY27	Yindel	2	[TTCTC]2
F1-XY27	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12
F1-XY27	vWA	19	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]14

F1-XY26	AMELX	1	[G]1
F1-XY26	AMELY	1	[A]1
F1-XY26	CSF1PO	10	[AGAT]10
F1-XY26	D10S1248	15	[GGAA]15
F1-XY26	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XY26	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F1-XY26	D12S391	18	[AGAT]11 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XY26	D12S391	21	[AGAT]11 [AGAC]10
F1-XY26	D13S317	8	[TATC]8
F1-XY26	D13S317	12	[TATC]12
F1-XY26	D14S1434	12	[CTGT]3 [CTAT]9
F1-XY26	D14S1434	15	[CTGT]3 [CTAT]12
F1-XY26	D16S539	9	[GATA]9
F1-XY26	D16S539	11	[GATA]11
F1-XY26	D18S51	15	[AGAA]15
F1-XY26	D18S51	17	[AGAA]17
F1-XY26	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XY26	D19S433	15	AAGGTAGG [AAGG]13
F1-XY26	D1S1656	11	[TAGA]11
F1-XY26	D1S1677	13	[TTCC]13
F1-XY26	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XY26	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XY26	D21S11	32.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]12 TA [TCTA]1
F1-XY26	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XY26	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F1-XY26	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XY26	D2S1776	11	[AGAT]11
F1-XY26	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XY26	D2S441	9	[TCTA]9
F1-XY26	D2S441	12	[TCTA]12
F1-XY26	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XY26	D3S4529	12	[ATCT]7 ATTT[ATCT]4
F1-XY26	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F1-XY26	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XY26	D4S2408	11	[ATCT]11
F1-XY26	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]10 [GATA]2 [GATT]3
F1-XY26	D5S2800	20	[GGTA]8 [GACA]5 [GATA]3 [GATT]4
F1-XY26	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XY26	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XY26	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XY26	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XY26	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F1-XY26	D7S820	10	[GATA]10
F1-XY26	D7S820	12	[GATA]12
F1-XY26	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XY26	D8S1179	15	[TCTA]1 TCTG[TCTA]13
F1-XY26	DYS391	9	[TCTA]9
F1-XY26	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XY26	FGA	24	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]16 CTCC [TTCC]2
F1-XY26	Penta_D	10	[TCTTT]10
F1-XY26	Penta_E	11	[AAAGA]11
F1-XY26	Penta_E	15	[AAAGA]15
F1-XY26	SRY	1	[T]1
F1-XY26	TH01	7	[TCAT]7
F1-XY26	TPOX	8	[AATG]8
F1-XY26	TPOX	10	[AATG]10
F1-XY26	Yindel	2	[TTCTC]2
F1-XY26	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13
F1-XY26	vWA	19	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]14

F1-XX32	AMELX	1	[G]1
F1-XX32	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XX32	CSF1PO	13	[AGAT]13
F1-XX32	D10S1248	13	[GGAA]13
F1-XX32	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XX32	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F1-XX32	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XX32	D12S391	17	[AGAT]10 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XX32	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]8
F1-XX32	D13S317	8	[TATC]8
F1-XX32	D13S317	13	[TATC]13
F1-XX32	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F1-XX32	D16S539	9	[GATA]9
F1-XX32	D16S539	10	[GATA]10
F1-XX32	D18S51	14	[AGAA]14
F1-XX32	D18S51	15	[AGAA]15
F1-XX32	D19S433	11	AAGGTAGG [AAGG]9
F1-XX32	D19S433	14	AAGGTAGG [AAGG]12
F1-XX32	D1S1656	11	[TAGA]11
F1-XX32	D1S1656	17.3	[TAGA]4 [TGA]1 [TAGA]12 [TAGG]1
F1-XX32	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XX32	D21S11	28	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F1-XX32	D21S11	30	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XX32	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XX32	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F1-XX32	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XX32	D2S1338	20	[TGCC]7 [TTCC]13
F1-XX32	D2S1776	11	[AGAT]11
F1-XX32	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XX32	D2S441	10	[TCTA]10
F1-XX32	D2S441	12	[TCTA]12
F1-XX32	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XX32	D3S4529	12	[ATCT]7 ATTT[ATCT]4
F1-XX32	D3S4529	14	[ATCT]9 ATTT[ATCT]4
F1-XX32	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XX32	D4S2408	11	[ATCT]11
F1-XX32	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]9 [GATA]3 [GATT]3
F1-XX32	D5S2800	20	[GGTA]8 [GACA]5 [GATA]3 [GATT]4
F1-XX32	D5S818	10	[AGAT]10
F1-XX32	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XX32	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XX32	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX32	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F1-XX32	D7S820	10	[GATA]10
F1-XX32	D7S820	11	[GATA]11
F1-XX32	D8S1179	14	[TCTA]1 TCTG[TCTA]12
F1-XX32	D8S1179	15	[TCTA]1 TCTG[TCTA]13
F1-XX32	FGA	24	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]16 CTCC [TTCC]2
F1-XX32	Penta_D	11	[TCTTT]11
F1-XX32	Penta_D	12	[TCTTT]12
F1-XX32	Penta_E	11	[AAAGA]11
F1-XX32	Penta_E	17	[AAAGA]17
F1-XX32	TH01	7	[TCAT]7
F1-XX32	TH01	9.3	[TCAT]4 CAT[TCAT]5
F1-XX32	TPOX	8	[AATG]8
F1-XX32	TPOX	10	[AATG]10
F1-XX32	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12
F1-XX32	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]5 [TCTA]11

F1-XX31	AMELX	1	[G]1
F1-XX31	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XX31	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XX31	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F1-XX31	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XX31	D12S391	17	[AGAT]10 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XX31	D12S391	21	[AGAT]11 [AGAC]10
F1-XX31	D13S317	8	[TATC]8
F1-XX31	D13S317	11	[TATC]11
F1-XX31	D14S1434	12	[CTGT]3 [CTAT]9
F1-XX31	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F1-XX31	D16S539	9	[GATA]9
F1-XX31	D16S539	11	[GATA]11
F1-XX31	D18S51	15	[AGAA]15
F1-XX31	D19S433	11	AAGGTAGG [AAGG]9
F1-XX31	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XX31	D1S1656	11	[TAGA]11
F1-XX31	D1S1656	12	[TAGA]11 [TAGG]1
F1-XX31	D1S1677	13	[TTCC]13
F1-XX31	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XX31	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XX31	D21S11	30	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XX31	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F1-XX31	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XX31	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XX31	D2S1338	19	[TGCC]7 [TTCC]12
F1-XX31	D2S1776	9	[AGAT]9
F1-XX31	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XX31	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XX31	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XX31	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XX31	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F1-XX31	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F1-XX31	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XX31	D4S2408	11	[ATCT]11
F1-XX31	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XX31	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]10 [GATA]2 [GATT]3
F1-XX31	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XX31	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XX31	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX31	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F1-XX31	D7S820	8	[GATA]8
F1-XX31	D7S820	10	[GATA]10
F1-XX31	D8S1179	13	[TCTA]1 TCTG[TCTA]11
F1-XX31	D8S1179	15	[TCTA]2 TCTG[TCTA]12
F1-XX31	FGA	20	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]12 CTCC [TTCC]2
F1-XX31	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XX31	Penta_D	10	[TCTTT]10
F1-XX31	Penta_D	12	[TCTTT]12
F1-XX31	Penta_E	11	[AAAGA]11
F1-XX31	Penta_E	17	[AAAGA]17
F1-XX31	TH01	6	[TCAT]6
F1-XX31	TPOX	11	[AATG]11
F1-XX31	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12
F1-XX31	vWA	19	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]14

F1-XX30	AMELX	1	[G]1
F1-XX30	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XX30	CSF1PO	12	[AGAT]12
F1-XX30	D10S1248	13	[GGAA]13
F1-XX30	D10S1248	14	[GGAA]14
F1-XX30	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F1-XX30	D12S391	17	[AGAT]10 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XX30	D12S391	18	[AGAT]11 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XX30	D13S317	8	[TATC]8
F1-XX30	D14S1434	12	[CTGT]3 [CTAT]9
F1-XX30	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F1-XX30	D16S539	9	[GATA]9
F1-XX30	D18S51	15	[AGAA]15
F1-XX30	D18S51	17	[AGAA]17
F1-XX30	D19S433	11	AAGGTAGG [AAGG]9
F1-XX30	D19S433	12	AAGGTAGG [AAGG]10
F1-XX30	D1S1656	16	[TAGA]15 [TAGG]1
F1-XX30	D1S1656	17.3	[TAGA]4 [TGA]1 [TAGA]12 [TAGG]1
F1-XX30	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XX30	D21S11	30	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XX30	D21S11	32.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]12 TA [TCTA]1
F1-XX30	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XX30	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XX30	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XX30	D2S1338	18	[TGCC]6 [TTCC]12
F1-XX30	D2S1776	11	[AGAT]11
F1-XX30	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XX30	D2S441	12	[TCTA]12
F1-XX30	D2S441	14	[TCTA]11 TTTA[TCTA]2
F1-XX30	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XX30	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XX30	D3S4529	12	[ATCT]7 ATTT[ATCT]4
F1-XX30	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F1-XX30	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XX30	D4S2408	11	[ATCT]11
F1-XX30	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XX30	D5S2800	20	[GGTA]8 [GACA]5 [GATA]3 [GATT]4
F1-XX30	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XX30	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XX30	D6S1043	13	[AGAT]13
F1-XX30	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX30	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F1-XX30	D7S820	8	[GATA]8
F1-XX30	D7S820	10	[GATA]10
F1-XX30	D8S1179	13	[TCTA]1 TCTG[TCTA]11
F1-XX30	D8S1179	15	[TCTA]1 TCTG[TCTA]13
F1-XX30	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XX30	FGA	24	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]16 CTCC [TTCC]2
F1-XX30	Penta_D	9	[TCTTT]9
F1-XX30	Penta_D	11	[TCTTT]11
F1-XX30	Penta_E	15	[AAAGA]15
F1-XX30	Penta_E	17	[AAAGA]17
F1-XX30	TH01	6	[TCAT]6
F1-XX30	TH01	9.3	[TCAT]4 CAT[TCAT]5
F1-XX30	TPOX	10	[AATG]10
F1-XX30	TPOX	11	[AATG]11
F1-XX30	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12
F1-XX30	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F1-XX28	AMELX	1	[G]1
F1-XX28	CSF1PO	10	[AGAT]10
F1-XX28	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XX28	D10S1248	14	[GGAA]14
F1-XX28	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XX28	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F1-XX28	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XX28	D12S391	17	[AGAT]10 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XX28	D12S391	18	[AGAT]11 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XX28	D13S317	8	[TATC]8
F1-XX28	D14S1434	12	[CTGT]3 [CTAT]9
F1-XX28	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F1-XX28	D16S539	9	[GATA]9
F1-XX28	D18S51	15	[AGAA]15
F1-XX28	D18S51	17	[AGAA]17
F1-XX28	D19S433	11	AAGGTAGG [AAGG]9
F1-XX28	D19S433	15	AAGGTAGG [AAGG]13
F1-XX28	D1S1656	11	[TAGA]11
F1-XX28	D1S1656	12	[TAGA]11 [TAGG]1
F1-XX28	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XX28	D21S11	30	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XX28	D21S11	32.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]12 TA [TCTA]1
F1-XX28	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XX28	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XX28	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XX28	D2S1338	27	[TGCC]7 [TTCC]17 GTCC[TTCC]2
F1-XX28	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XX28	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XX28	D2S441	12	[TCTA]12
F1-XX28	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XX28	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XX28	D3S4529	12	[ATCT]7 ATTT[ATCT]4
F1-XX28	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F1-XX28	D4S2408	11	[ATCT]11
F1-XX28	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XX28	D5S2800	20	[GGTA]8 [GACA]5 [GATA]3 [GATT]4
F1-XX28	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XX28	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XX28	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XX28	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F1-XX28	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F1-XX28	D7S820	8	[GATA]8
F1-XX28	D7S820	10	[GATA]10
F1-XX28	D8S1179	13	[TCTA]1 TCTG[TCTA]11
F1-XX28	D8S1179	15	[TCTA]1 TCTG[TCTA]13
F1-XX28	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XX28	FGA	24	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]16 CTCC [TTCC]2
F1-XX28	Penta_D	10	[TCTTT]10
F1-XX28	Penta_D	12	[TCTTT]12
F1-XX28	Penta_E	15	[AAAGA]15
F1-XX28	Penta_E	17	[AAAGA]17
F1-XX28	TH01	6	[TCAT]6
F1-XX28	TH01	7	[TCAT]7
F1-XX28	TPOX	10	[AATG]10
F1-XX28	TPOX	11	[AATG]11
F1-XX28	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12
F1-XX28	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F1-XX03	AMELX	1	[G]1
F1-XX03	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XX03	D10S1248	14	[GGAA]14
F1-XX03	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XX03	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F1-XX03	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XX03	D12S391	20	[AGAT]10 [AGAC]10
F1-XX03	D12S391	22	[AGAT]12 [AGAC]10
F1-XX03	D13S317	12	[TATC]12
F1-XX03	D13S317	13	[TATC]13
F1-XX03	D14S1434	10	[CTGT]3 [CTAT]7
F1-XX03	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F1-XX03	D16S539	9	[GATA]9
F1-XX03	D16S539	12	[GATA]12
F1-XX03	D18S51	17	[AGAA]17
F1-XX03	D19S433	15	AAGGTAGG [AAGG]13
F1-XX03	D19S433	16.2	GGTAGG [AAGG]15
F1-XX03	D1S1656	11	[TAGA]11
F1-XX03	D1S1656	14	[TAGA]13 [TAGG]1
F1-XX03	D1S1677	13	[TTCC]13
F1-XX03	D1S1677	17	[TTCC]17
F1-XX03	D21S11	31.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11 TA [TCTA]1
F1-XX03	D21S11	32.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]12 TA [TCTA]1
F1-XX03	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XX03	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XX03	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XX03	D2S1338	18	[TGCC]7 [TTCC]11
F1-XX03	D2S1776	11	[AGAT]11
F1-XX03	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XX03	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XX03	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]12
F1-XX03	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XX03	D3S4529	14	[ATCT]9 ATTT[ATCT]4
F1-XX03	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F1-XX03	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XX03	D4S2408	9	[ATCT]9
F1-XX03	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XX03	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XX03	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XX03	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XX03	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XX03	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX03	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F1-XX03	D7S820	11	[GATA]11
F1-XX03	D7S820	12	[GATA]12
F1-XX03	D8S1179	14	[TCTA]1 TCTG[TCTA]12
F1-XX03	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XX03	FGA	26	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]18 CTCC [TTCC]2
F1-XX03	Penta_D	10	[TCTTT]10
F1-XX03	Penta_D	13	[TCTTT]13
F1-XX03	Penta_E	14	[AAAGA]14
F1-XX03	Penta_E	18	[AAAGA]18
F1-XX03	TH01	6	[TCAT]6
F1-XX03	TH01	9	[TCAT]9
F1-XX03	TPOX	8	[AATG]8
F1-XX03	TPOX	11	[AATG]11
F1-XX03	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12
F1-XX03	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F1-XX04	AMELX	1	[G]1
F1-XX04	CSF1PO	10	[AGAT]10
F1-XX04	D10S1248	11	[GGAA]11
F1-XX04	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XX04	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F1-XX04	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XX04	D12S391	19	[AGAT]12 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XX04	D12S391	19.1	[AGAT]12 [AGAC]6 AGAGT
F1-XX04	D13S317	11	[TATC]11
F1-XX04	D13S317	14	[TATC]14
F1-XX04	D14S1434	10	[CTGT]3 [CTAT]7
F1-XX04	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F1-XX04	D16S539	8	[GATA]8
F1-XX04	D16S539	12	[GATA]12
F1-XX04	D18S51	13	[AGAA]13
F1-XX04	D18S51	16	[AGAA]16
F1-XX04	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XX04	D19S433	16.2	GGTAGG [AAGG]15
F1-XX04	D1S1656	14	[TAGA]13 [TAGG]1
F1-XX04	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F1-XX04	D1S1677	16	[TTCC]16
F1-XX04	D1S1677	17	[TTCC]17
F1-XX04	D21S11	28	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F1-XX04	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XX04	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F1-XX04	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XX04	D2S1338	21	[TGCC]8 [TTCC]13
F1-XX04	D2S1338	24	[TGCC]7 [TTCC]14 GTCC[TTCC]2
F1-XX04	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XX04	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XX04	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]12
F1-XX04	D3S1358	17	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]13
F1-XX04	D3S4529	14	[ATCT]9 ATTT[ATCT]4
F1-XX04	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F1-XX04	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XX04	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XX04	D5S2800	23	[GGTA]9 [GACA]6 [GATA]3 [GATT]5
F1-XX04	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XX04	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XX04	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XX04	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX04	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F1-XX04	D7S820	8	[GATA]8
F1-XX04	D7S820	10	[GATA]10
F1-XX04	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XX04	D8S1179	15	[TCTA]1 TCTG[TCTA]13
F1-XX04	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XX04	FGA	24	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]16 CTCC [TTCC]2
F1-XX04	Penta_D	12	[TCTTT]12
F1-XX04	Penta_D	13	[TCTTT]13
F1-XX04	Penta_E	14	[AAAGA]14
F1-XX04	Penta_E	17	[AAAGA]17
F1-XX04	TH01	7	[TCAT]7
F1-XX04	TH01	9	[TCAT]9
F1-XX04	TPOX	8	[AATG]8
F1-XX04	TPOX	9	[AATG]9
F1-XX04	vWA	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XX04	vWA	16	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]11

F1-XY07	AMELX	1	[G]1
F1-XY07	AMELY	1	[A]1
F1-XY07	CSF1PO	10	[AGAT]10
F1-XY07	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XY07	D10S1248	15	[GGAA]15
F1-XY07	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XY07	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F1-XY07	D12ATA63	19	[TAA]16 [CAA]3
F1-XY07	D12S391	20	[AGAT]10 [AGAC]10
F1-XY07	D12S391	22	[AGAT]13 [AGAC]9
F1-XY07	D13S317	11	[TATC]11
F1-XY07	D13S317	12	[TATC]12
F1-XY07	D14S1434	10	[CTGT]3 [CTAT]7
F1-XY07	D14S1434	12	[CTGT]3 [CTAT]9
F1-XY07	D16S539	11	[GATA]11
F1-XY07	D16S539	11	[GATA]11
F1-XY07	D18S51	13	[AGAA]13
F1-XY07	D18S51	17	[AGAA]17
F1-XY07	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XY07	D19S433	16.2	GGTAGG [AAGG]15
F1-XY07	D1S1656	11	[TAGA]11
F1-XY07	D1S1656	17	[TAGA]16 [TAGG]1
F1-XY07	D1S1677	13	[TTCC]13
F1-XY07	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XY07	D21S11	28	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F1-XY07	D21S11	31.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11 TA [TCTA]1
F1-XY07	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XY07	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XY07	D2S1776	11	[AGAT]11
F1-XY07	D2S1776	14	[AGAT]14
F1-XY07	D2S441	10	[TCTA]8 TCTG[TCTA]1
F1-XY07	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XY07	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XY07	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F1-XY07	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F1-XY07	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F1-XY07	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XY07	D4S2408	10	[ATCT]10
F1-XY07	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XY07	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XY07	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XY07	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XY07	D7S820	9	[GATA]9
F1-XY07	D7S820	11	[GATA]11
F1-XY07	D8S1179	11	[TCTA]11
F1-XY07	D8S1179	14	[TCTA]1 TCTG[TCTA]12
F1-XY07	DYS391	11	[TCTA]11
F1-XY07	FGA	21	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]13 CTCC [TTCC]2
F1-XY07	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XY07	Penta_D	11	[TCTTT]11
F1-XY07	Penta_D	13	[TCTTT]13
F1-XY07	Penta_E	13	[AAAGA]13
F1-XY07	Penta_E	15	[AAAGA]15
F1-XY07	SRY	1	[T]1
F1-XY07	TH01	6	[TCAT]6
F1-XY07	TH01	9	[TCAT]9
F1-XY07	TPOX	8	[AATG]8
F1-XY07	Yindel	2	[TTCTC]2
F1-XY07	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F2-XX02	AMELX	1	[G]1
F2-XX02	CSF1PO	10	[AGAT]10
F2-XX02	CSF1PO	11	[AGAT]11
F2-XX02	D10S1248	14	[GGAA]14
F2-XX02	D10S1248	16	[GGAA]16
F2-XX02	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F2-XX02	D12ATA63	18	[TAA]15 [CAA]3
F2-XX02	D12S391	18	[AGAT]11 [AGAC]6 [AGAT]1
F2-XX02	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]8
F2-XX02	D13S317	8	[TATC]8
F2-XX02	D13S317	11	[TATC]11
F2-XX02	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F2-XX02	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F2-XX02	D16S539	12	[GATA]12
F2-XX02	D18S51	14	[AGAA]14
F2-XX02	D18S51	15	[AGAA]15
F2-XX02	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F2-XX02	D19S433	14	AAGGTAGG [AAGG]12
F2-XX02	D1S1656	11	[TAGA]11
F2-XX02	D1S1656	16	[TAGA]15 [TAGG]1
F2-XX02	D1S1677	14	[TTCC]14
F2-XX02	D1S1677	15	[TTCC]15
F2-XX02	D21S11	29	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F2-XX02	D21S11	32.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]12 TA [TCTA]1
F2-XX02	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F2-XX02	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F2-XX02	D2S1338	19	[TGCC]7 [TTCC]12
F2-XX02	D2S1776	10	[AGAT]10
F2-XX02	D2S1776	11	[AGAT]11
F2-XX02	D2S441	11	[TCTA]9 TCTG[TCTA]1
F2-XX02	D2S441	12	[TCTA]12
F2-XX02	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F2-XX02	D3S4529	14.3	[ATCT]10 ATT[ATCT]4
F2-XX02	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F2-XX02	D4S2408	11	[ATCT]11
F2-XX02	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F2-XX02	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]9 [GATA]3 [GATT]3
F2-XX02	D5S818	9	[AGAT]9
F2-XX02	D5S818	11	[AGAT]11
F2-XX02	D6S1043	14	[AGAT]14
F2-XX02	D6S1043	20	[AGAT]14 ACAT[AGAT]5
F2-XX02	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F2-XX02	D6S474	16	[AGAT]5 [GATA]11
F2-XX02	D7S820	8	[GATA]8
F2-XX02	D7S820	11	[GATA]11
F2-XX02	D8S1179	12	[TCTA]12
F2-XX02	D8S1179	14	[TCTA]1 TCTG[TCTA]12
F2-XX02	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F2-XX02	FGA	22.2	[TTTC]3 TTTT TT[CTTT]15 CTCC [TTCC]2
F2-XX02	Penta_D	11	[TCTTT]11
F2-XX02	Penta_D	15	[TCTTT]15
F2-XX02	Penta_E	5.1	[AAAGA]2 A[AAAGA]3
F2-XX02	TH01	8	[TCAT]8
F2-XX02	TH01	9.3	[TCAT]4 CAT[TCAT]5
F2-XX02	TPOX	8	[AATG]8
F2-XX02	TPOX	11	[AATG]11
F2-XX02	vWA	16	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]11
F2-XX02	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12

F2-XX04	AMELX	1	[G]1
F2-XX04	AMELY	1	[A]1
F2-XX04	CSF1PO	11	[AGAT]11
F2-XX04	CSF1PO	12	[AGAT]12
F2-XX04	D10S1248	14	[GGAA]14
F2-XX04	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F2-XX04	D12ATA63	19	[TAA]16 [CAA]3
F2-XX04	D12S391	19.3	[AGAT]1 GAT[AGAT]9 [AGAC]8 [AGAT]1
F2-XX04	D12S391	23	[AGAT]14 [AGAC]8 [AGAT]1
F2-XX04	D13S317	11	[TATC]11
F2-XX04	D13S317	12	[TATC]12
F2-XX04	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F2-XX04	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F2-XX04	D16S539	12	[GATA]12
F2-XX04	D16S539	14	[GATA]14
F2-XX04	D18S51	12	[AGAA]12
F2-XX04	D18S51	17	[AGAA]17
F2-XX04	D19S433	12	AAGGTAGG [AAGG]10
F2-XX04	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F2-XX04	D1S1656	13	[TAGA]12 [TAGG]1
F2-XX04	D1S1656	16	[TAGA]15 [TAGG]1
F2-XX04	D1S1677	14	[TTCC]14
F2-XX04	D1S1677	17	[TTCC]17
F2-XX04	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F2-XX04	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F2-XX04	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F2-XX04	D2S1338	18	[TGCC]7 [TTCC]11
F2-XX04	D2S1338	18	[TGCC]6 [TTCC]12
F2-XX04	D2S1776	9	[AGAT]9
F2-XX04	D2S1776	12	[AGAT]12
F2-XX04	D2S441	10	[TCTA]8 TCTG[TCTA]1
F2-XX04	D2S441	11	[TCTA]11
F2-XX04	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F2-XX04	D3S1358	18	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]14
F2-XX04	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F2-XX04	D4S2408	8	[ATCT]8
F2-XX04	D4S2408	10	[ATCT]10
F2-XX04	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F2-XX04	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]9 [GATA]3 [GATT]3
F2-XX04	D5S818	12	[AGAT]12
F2-XX04	D6S1043	11	[AGAT]11
F2-XX04	D6S1043	18	[AGAT]12 ACAT[AGAT]5
F2-XX04	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F2-XX04	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F2-XX04	D7S820	11	[GATA]11
F2-XX04	D7S820	13	[GATA]13
F2-XX04	D8S1179	13	[TCTA]2 TCTG[TCTA]10
F2-XX04	D8S1179	14	[TCTA]1 TCTG[TCTA]12
F2-XX04	DYS391	10	[TCTA]10
F2-XX04	FGA	21	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]13 CTCC [TTCC]2
F2-XX04	FGA	23	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]15 CTCC [TTCC]2
F2-XX04	Penta_D	14	[TCTTT]14
F2-XX04	Penta_E	5	[AAAGA]5
F2-XX04	Penta_E	13	[AAAGA]13
F2-XX04	SRY	1	[T]1
F2-XX04	TH01	8	[TCAT]8
F2-XX04	TH01	9.3	[TCAT]4 CAT[TCAT]5
F2-XX04	TPOX	8	[AATG]8
F2-XX04	TPOX	11	[AATG]11
F2-XX04	Yindel	2	[TTCTC]2
F2-XX04	vWA	16	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]11
F2-XX04	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F2-XY01	AMELX	1	[G]1
F2-XY01	CSFIPO	10	[AGAT]10
F2-XY01	CSFIPO	11	[AGAT]11
F2-XY01	D10S1248	13	[GGAA]13
F2-XY01	D10S1248	16	[GGAA]16
F2-XY01	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F2-XY01	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]8
F2-XY01	D12S391	21	[AGAT]13 [AGAC]7 [AGAT]1
F2-XY01	D13S317	8	[TATC]8
F2-XY01	D13S317	12	[TATC]12
F2-XY01	D14S1434	12	[CTGT]3 [CTAT]9
F2-XY01	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F2-XY01	D16S539	12	[GATA]12
F2-XY01	D16S539	13	[GATA]13
F2-XY01	D18S51	12	[AGAA]12
F2-XY01	D18S51	15	[AGAA]15
F2-XY01	D19S433	14	AAGGTAGG [AAGG]12
F2-XY01	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F2-XY01	D1S1656	16	[TAGA]15 [TAGG]1
F2-XY01	D1S1677	14	[TTCC]14
F2-XY01	D1S1677	15	[TTCC]15
F2-XY01	D21S11	31	[TCTA]7 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F2-XY01	D21S11	32.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]12 TA [TCTA]1
F2-XY01	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F2-XY01	D2S1338	19	[TGCC]7 [TTCC]12
F2-XY01	D2S1338	24	[TGCC]8 [TTCC]13 GTCC[TTCC]2
F2-XY01	D2S1776	8	[AGAT]8
F2-XY01	D2S1776	10	[AGAT]10
F2-XY01	D2S441	11	[TCTA]11
F2-XY01	D2S441	12	[TCTA]12
F2-XY01	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]1 [TCTA]13
F2-XY01	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F2-XY01	D3S4529	14	[ATCT]9 ATTT[ATCT]4
F2-XY01	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F2-XY01	D4S2408	11	[ATCT]11
F2-XY01	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F2-XY01	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]9 [GATA]3 [GATT]3
F2-XY01	D5S818	9	[AGAT]9
F2-XY01	D5S818	11	[AGAT]11
F2-XY01	D6S1043	12	[AGAT]12
F2-XY01	D6S1043	20	[AGAT]14 ACAT[AGAT]5
F2-XY01	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F2-XY01	D7S820	8	[GATA]8
F2-XY01	D7S820	11	[GATA]11
F2-XY01	D8S1179	12	[TCTA]12
F2-XY01	D8S1179	15	[TCTA]1 TCTG[TCTA]13
F2-XY01	FGA	22.2	[TTTC]3 TTTT TT[CTTT]15 CTCC [TTCC]2
F2-XY01	FGA	23	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]15 CTCC [TTCC]2
F2-XY01	Penta_D	14	[TCTTT]14
F2-XY01	Penta_D	15	[TCTTT]15
F2-XY01	Penta_E	5	[AAAGA]5
F2-XY01	Penta_E	10	[AAAGA]10
F2-XY01	TH01	9.3	[TCAT]4 CAT[TCAT]5
F2-XY01	TPOX	8	[AATG]8
F2-XY01	TPOX	11	[AATG]11
F2-XY01	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12

F1-XX13	AMELX	1	[G]1
F1-XX13	CSF1PO	10	[AGAT]10
F1-XX13	D10S1248	11	[GGAA]11
F1-XX13	D10S1248	15	[GGAA]15
F1-XX13	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F1-XX13	D12ATA63	19	[TAA]16 [CAA]3
F1-XX13	D12S391	19	[AGAT]12 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XX13	D12S391	22	[AGAT]13 [AGAC]9
F1-XX13	D13S317	12	[TATC]12
F1-XX13	D13S317	14	[TATC]14
F1-XX13	D14S1434	10	[CTGT]3 [CTAT]7
F1-XX13	D14S1434	12	[CTGT]3 [CTAT]9
F1-XX13	D16S539	8	[GATA]8
F1-XX13	D16S539	11	[GATA]11
F1-XX13	D18S51	16	[AGAA]16
F1-XX13	D18S51	17	[AGAA]17
F1-XX13	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XX13	D1S1656	11	[TAGA]11
F1-XX13	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F1-XX13	D1S1677	13	[TTCC]13
F1-XX13	D1S1677	16	[TTCC]16
F1-XX13	D21S11	28	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F1-XX13	D21S11	31.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11 TA [TCTA]1
F1-XX13	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XX13	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F1-XX13	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XX13	D2S1338	21	[TGCC]8 [TTCC]13
F1-XX13	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XX13	D2S1776	14	[AGAT]14
F1-XX13	D2S441	10	[TCTA]8 TCTG[TCTA]1
F1-XX13	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XX13	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XX13	D3S1358	17	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]13
F1-XX13	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F1-XX13	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F1-XX13	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XX13	D4S2408	10	[ATCT]10
F1-XX13	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XX13	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XX13	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XX13	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XX13	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XX13	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX13	D7S820	9	[GATA]9
F1-XX13	D7S820	10	[GATA]10
F1-XX13	D8S1179	11	[TCTA]11
F1-XX13	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XX13	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XX13	FGA	24	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]16 CTCC [TTCC]2
F1-XX13	Penta_D	11	[TCTTT]11
F1-XX13	Penta_D	12	[TCTTT]12
F1-XX13	Penta_E	13	[AAAGA]13
F1-XX13	Penta_E	17	[AAAGA]17
F1-XX13	TH01	6	[TCAT]6
F1-XX13	TH01	7	[TCAT]7
F1-XX13	TPOX	8	[AATG]8
F1-XX13	vWA	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XX13	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F1-XX14	AMELX	1	[G]1
F1-XX14	CSFIPO	11	[AGAT]11
F1-XX14	D10S1248	14	[GGAA]14
F1-XX14	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XX14	D12ATA63	14	[TAA]11 [CAA]3
F1-XX14	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F1-XX14	D12S391	20	[AGAT]10 [AGAC]10
F1-XX14	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]8
F1-XX14	D13S317	11	[TATC]11
F1-XX14	D14S1434	10	[CTGT]3 [CTAT]7
F1-XX14	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F1-XX14	D16S539	9	[GATA]9
F1-XX14	D16S539	12	[GATA]12
F1-XX14	D18S51	15	[AGAA]15
F1-XX14	D18S51	17	[AGAA]17
F1-XX14	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XX14	D19S433	16.2	GGTAGG [AAGG]15
F1-XX14	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F1-XX14	D1S1656	16.3	[TAGA]4 [TGA]1 [TAGA]11 [TAGG]1
F1-XX14	D1S1677	13	[TTCC]13
F1-XX14	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XX14	D21S11	30	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XX14	D21S11	31.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11 TA [TCTA]1
F1-XX14	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XX14	D22S1045	17	[ATT]14 ACT[ATT]2
F1-XX14	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XX14	D2S1338	19	[TGCC]7 [TTCC]12
F1-XX14	D2S1776	11	[AGAT]11
F1-XX14	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XX14	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XX14	D2S441	13.3	[TCTA]4 TCA[TCTA]9
F1-XX14	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]1 [TCTA]13
F1-XX14	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XX14	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F1-XX14	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XX14	D4S2408	9	[ATCT]9
F1-XX14	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XX14	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XX14	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XX14	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XX14	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XX14	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX14	D6S474	18	[AGAT]5 [GATA]13
F1-XX14	D7S820	11	[GATA]11
F1-XX14	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XX14	D8S1179	15	[TCTA]1 TCTG[TCTA]13
F1-XX14	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XX14	FGA	26	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]18 CTCC [TTCC]2
F1-XX14	Penta_D	12	[TCTTT]12
F1-XX14	Penta_D	13	[TCTTT]13
F1-XX14	Penta_E	15	[AAAGA]15
F1-XX14	Penta_E	18	[AAAGA]18
F1-XX14	TH01	6	[TCAT]6
F1-XX14	TH01	9	[TCAT]9
F1-XX14	TPOX	8	[AATG]8
F1-XX14	vWA	14	[TCTA]1 [TCTG]1 [TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]3 TCCA[TCTA]3
F1-XX14	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F1-XX16	AMELX	1	[G]1
F1-XX16	CSF1PO	12	[AGAT]12
F1-XX16	D10S1248	12	[GGAA]12
F1-XX16	D10S1248	13	[GGAA]13
F1-XX16	D12ATA63	13	[TAA]10 [CAA]3
F1-XX16	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XX16	D12S391	21	[AGAT]12 [AGAC]8 [AGAT]1
F1-XX16	D12S391	22	[AGAT]13 [AGAC]9
F1-XX16	D13S317	9	[TATC]9
F1-XX16	D13S317	12	[TATC]12
F1-XX16	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F1-XX16	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F1-XX16	D16S539	12	[GATA]12
F1-XX16	D16S539	13	[GATA]13
F1-XX16	D18S51	15	[AGAA]15
F1-XX16	D18S51	18	[AGAA]18
F1-XX16	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XX16	D19S433	15.2	GGTAGG [AAGG]14
F1-XX16	D1S1656	12	[TAGA]12
F1-XX16	D1S1656	15.3	[TAGA]4 [TGA]1 [TAGA]10 [TAGG]1
F1-XX16	D1S1677	15	[TTCC]15
F1-XX16	D21S11	30	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]12
F1-XX16	D21S11	31.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11 TA [TCTA]1
F1-XX16	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XX16	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XX16	D2S1338	24	[TGCC]7 [TTCC]14 GTCC[TTCC]2
F1-XX16	D2S1338	25	[TGCC]7 [TTCC]15 GTCC[TTCC]2
F1-XX16	D2S1776	10	[AGAT]10
F1-XX16	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XX16	D2S441	11.3	[TCTA]4 TCA[TCTA]7
F1-XX16	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XX16	D3S1358	18	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]14
F1-XX16	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F1-XX16	D3S4529	14	[ATCT]9 ATTT[ATCT]4
F1-XX16	D4S2408	10	[ATCT]10
F1-XX16	D4S2408	11	[ATCT]11
F1-XX16	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XX16	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XX16	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XX16	D5S818	13	[AGAT]13
F1-XX16	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XX16	D6S1043	17	[AGAT]11 ACAT[AGAT]5
F1-XX16	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX16	D7S820	11	[GATA]11
F1-XX16	D7S820	12	[GATA]12
F1-XX16	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XX16	D8S1179	13	[TCTA]13
F1-XX16	FGA	20	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]12 CTCC [TTCC]2
F1-XX16	FGA	27	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]19 CTCC [TTCC]2
F1-XX16	Penta_D	8	[TCTTT]8
F1-XX16	Penta_D	11	[TCTTT]11
F1-XX16	Penta_E	12	[AAAGA]12
F1-XX16	Penta_E	13	[AAAGA]13
F1-XX16	TH01	6	[TCAT]6
F1-XX16	TH01	8	[TCAT]8
F1-XX16	TPOX	9	[AATG]9
F1-XX16	TPOX	10	[AATG]10
F1-XX16	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12

F1-XX17	AMELX	1	[G]1
F1-XX17	CSFIPO	11	[AGAT]11
F1-XX17	D10S1248	14	[GGAA]14
F1-XX17	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XX17	D12ATA63	14	[TAA]11 [CAA]3
F1-XX17	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F1-XX17	D12S391	20	[AGAT]10 [AGAC]10
F1-XX17	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]8
F1-XX17	D13S317	11	[TATC]11
F1-XX17	D14S1434	10	[CTGT]3 [CTAT]7
F1-XX17	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F1-XX17	D16S539	9	[GATA]9
F1-XX17	D16S539	12	[GATA]12
F1-XX17	D18S51	15	[AGAA]15
F1-XX17	D18S51	17	[AGAA]17
F1-XX17	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XX17	D19S433	16.2	GGTAGG [AAGG]15
F1-XX17	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F1-XX17	D1S1656	16.3	[TAGA]4 [TGA]1 [TAGA]11 [TAGG]1
F1-XX17	D1S1677	13	[TTCC]13
F1-XX17	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XX17	D21S11	30	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XX17	D21S11	31.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11 TA [TCTA]1
F1-XX17	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XX17	D22S1045	17	[ATT]14 ACT[ATT]2
F1-XX17	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XX17	D2S1338	19	[TGCC]7 [TTCC]12
F1-XX17	D2S1776	11	[AGAT]11
F1-XX17	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XX17	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XX17	D2S441	13.3	[TCTA]4 TCA[TCTA]9
F1-XX17	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]1 [TCTA]13
F1-XX17	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XX17	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F1-XX17	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XX17	D4S2408	9	[ATCT]9
F1-XX17	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XX17	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XX17	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XX17	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XX17	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XX17	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX17	D6S474	18	[AGAT]5 [GATA]13
F1-XX17	D7S820	11	[GATA]11
F1-XX17	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XX17	D8S1179	15	[TCTA]1 TCTG[TCTA]13
F1-XX17	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XX17	FGA	26	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]18 CTCC [TTCC]2
F1-XX17	Penta_D	12	[TCTTT]12
F1-XX17	Penta_D	13	[TCTTT]13
F1-XX17	Penta_E	15	[AAAGA]15
F1-XX17	Penta_E	18	[AAAGA]18
F1-XX17	TH01	6	[TCAT]6
F1-XX17	TH01	9	[TCAT]9
F1-XX17	TPOX	8	[AATG]8
F1-XX17	vWA	14	[TCTA]1 [TCTG]1 [TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]3 TCCA[TCTA]3
F1-XX17	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F1-XX18	AMELX	1	[G]1
F1-XX18	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XX18	CSF1PO	12	[AGAT]12
F1-XX18	D10S1248	12	[GGAA]12
F1-XX18	D10S1248	15	[GGAA]15
F1-XX18	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XX18	D12ATA63	19	[TAA]16 [CAA]3
F1-XX18	D12S391	19	[AGAT]12 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XX18	D12S391	22	[AGAT]13 [AGAC]9
F1-XX18	D13S317	11	[TATC]11
F1-XX18	D13S317	12	[TATC]12
F1-XX18	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F1-XX18	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F1-XX18	D16S539	12	[GATA]12
F1-XX18	D16S539	13	[GATA]13
F1-XX18	D18S51	16	[AGAA]16
F1-XX18	D18S51	18	[AGAA]18
F1-XX18	D19S433	15.2	GGTAGG [AAGG]14
F1-XX18	D19S433	16.2	GGTAGG [AAGG]15
F1-XX18	D1S1656	15.3	[TAGA]4 [TGA]1 [TAGA]10 [TAGG]1
F1-XX18	D1S1656	17	[TAGA]16 [TAGG]1
F1-XX18	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XX18	D1S1677	15	[TTCC]15
F1-XX18	D21S11	28	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F1-XX18	D21S11	30	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]12
F1-XX18	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XX18	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XX18	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XX18	D2S1338	24	[TGCC]7 [TTCC]14 GTCC[TTCC]2
F1-XX18	D2S1776	10	[AGAT]10
F1-XX18	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XX18	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XX18	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XX18	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F1-XX18	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F1-XX18	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F1-XX18	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XX18	D4S2408	10	[ATCT]10
F1-XX18	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XX18	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XX18	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XX18	D5S818	13	[AGAT]13
F1-XX18	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XX18	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XX18	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX18	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F1-XX18	D7S820	8	[GATA]8
F1-XX18	D7S820	11	[GATA]11
F1-XX18	D8S1179	11	[TCTA]11
F1-XX18	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XX18	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XX18	FGA	27	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]19 CTCC [TTCC]2
F1-XX18	Penta_D	8	[TCTTT]8
F1-XX18	Penta_D	13	[TCTTT]13
F1-XX18	Penta_E	12	[AAAGA]12
F1-XX18	Penta_E	15	[AAAGA]15
F1-XX18	TH01	6	[TCAT]6
F1-XX18	TH01	9	[TCAT]9
F1-XX18	TPOX	8	[AATG]8
F1-XX18	TPOX	9	[AATG]9
F1-XX18	vWA	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XX18	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12

F1-XX19	AMELX	1	[G]1
F1-XX19	CSF1PO	10	[AGAT]10
F1-XX19	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XX19	D10S1248	14	[GGAA]14
F1-XX19	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XX19	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F1-XX19	D12S391	19.3	GAT [AGAT]11 [AGAC]7 [AGAT]1
F1-XX19	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]7 [AGAT]1
F1-XX19	D13S317	8	[TATC]8
F1-XX19	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F1-XX19	D16S539	11	[GATA]11
F1-XX19	D16S539	13	[GATA]13
F1-XX19	D18S51	13	[AGAA]13
F1-XX19	D18S51	17	[AGAA]17
F1-XX19	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XX19	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F1-XX19	D1S1677	12	[TTCC]12
F1-XX19	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XX19	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XX19	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F1-XX19	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XX19	D2S1338	24	[TGCC]7 [TTCC]14 GTCC[TTCC]2
F1-XX19	D2S1776	10	[AGAT]10
F1-XX19	D2S1776	13	[AGAT]13
F1-XX19	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XX19	D2S441	14	[TCTA]11 TTTA[TCTA]2
F1-XX19	D3S1358	14	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]11
F1-XX19	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F1-XX19	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F1-XX19	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F1-XX19	D4S2408	10	[ATCT]10
F1-XX19	D4S2408	11	[ATCT]11
F1-XX19	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XX19	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]9 [GATA]3 [GATT]3
F1-XX19	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XX19	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XX19	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XX19	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XX19	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F1-XX19	D7S820	10	[GATA]10
F1-XX19	D8S1179	8	[TCTA]8
F1-XX19	D8S1179	11	[TCTA]11
F1-XX19	FGA	21	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]13 CTCC [TTCC]2
F1-XX19	FGA	23	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]15 CTCC [TTCC]2
F1-XX19	Penta_D	13	[TCTTT]13
F1-XX19	Penta_D	14	[TCTTT]14
F1-XX19	Penta_E	14	[AAAGA]14
F1-XX19	Penta_E	18	[AAAGA]18
F1-XX19	TH01	6	[TCAT]6
F1-XX19	TH01	9	[TCAT]9
F1-XX19	TPOX	8	[AATG]8
F1-XX19	vWA	16	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]11
F1-XX19	vWA	19	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]14

F1-XY15	AMELX	1	[G]1
F1-XY15	AMELY	1	[A]1
F1-XY15	CSF1PO	10	[AGAT]10
F1-XY15	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XY15	D10S1248	11	[GGAA]11
F1-XY15	D10S1248	15	[GGAA]15
F1-XY15	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F1-XY15	D12ATA63	19	[TAA]16 [CAA]3
F1-XY15	D12S391	19	[AGAT]12 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XY15	D12S391	22	[AGAT]13 [AGAC]9
F1-XY15	D13S317	11	[TATC]11
F1-XY15	D13S317	11	[TATC]11
F1-XY15	D14S1434	12	[CTGT]3 [CTAT]9
F1-XY15	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F1-XY15	D16S539	11	[GATA]11
F1-XY15	D16S539	12	[GATA]12
F1-XY15	D18S51	16	[AGAA]16
F1-XY15	D18S51	17	[AGAA]17
F1-XY15	D19S433	16.2	GGTAGG [AAGG]15
F1-XY15	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F1-XY15	D1S1656	17	[TAGA]16 [TAGG]1
F1-XY15	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XY15	D1S1677	17	[TTCC]17
F1-XY15	D21S11	28	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F1-XY15	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XY15	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XY15	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XY15	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F1-XY15	D2S1338	21	[TGCC]8 [TTCC]13
F1-XY15	D2S1776	11	[AGAT]11
F1-XY15	D2S1776	12	[AGAT]12
F1-XY15	D2S441	11	[TCTA]11
F1-XY15	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]12
F1-XY15	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F1-XY15	D3S4529	14	[ATCT]9 ATTT[ATCT]4
F1-XY15	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F1-XY15	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XY15	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XY15	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F1-XY15	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XY15	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XY15	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XY15	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XY15	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F1-XY15	D7S820	8	[GATA]8
F1-XY15	D7S820	11	[GATA]11
F1-XY15	D8S1179	11	[TCTA]11
F1-XY15	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XY15	DYS391	11	[TCTA]11
F1-XY15	FGA	21	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]13 CTCC [TTCC]2
F1-XY15	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XY15	Penta_D	13	[TCTTT]13
F1-XY15	Penta_E	14	[AAAGA]14
F1-XY15	Penta_E	15	[AAAGA]15
F1-XY15	SRY	1	[T]1
F1-XY15	TH01	7	[TCAT]7
F1-XY15	TH01	9	[TCAT]9
F1-XY15	TPOX	8	[AATG]8
F1-XY15	TPOX	9	[AATG]9
F1-XY15	Yindel	2	[TTCTC]2
F1-XY15	vWA	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XY15	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F1-XY21	AMELX	1	[G]1
F1-XY21	AMELY	1	[A]1
F1-XY21	CSF1PO	10	[AGAT]10
F1-XY21	CSF1PO	11	[AGAT]11
F1-XY21	D10S1248	13	[GGAA]13
F1-XY21	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XY21	D12ATA63	13	[TAA]10 [CAA]3
F1-XY21	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XY21	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]8
F1-XY21	D12S391	21	[AGAT]12 [AGAC]9
F1-XY21	D13S317	12	[TATC]12
F1-XY21	D13S317	14	[TATC]14
F1-XY21	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F1-XY21	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F1-XY21	D16S539	9	[GATA]9
F1-XY21	D16S539	11	[GATA]11
F1-XY21	D18S51	15	[AGAA]15
F1-XY21	D18S51	16	[AGAA]16
F1-XY21	D19S433	14	AAGGTAGG [AAGG]12
F1-XY21	D19S433	15	AAGGTAGG [AAGG]13
F1-XY21	D1S1656	16	[TAGA]15 [TAGG]1
F1-XY21	D1S1656	17.3	[TAGA]4 [TGA]1 [TAGA]12 [TAGG]1
F1-XY21	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XY21	D21S11	29	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F1-XY21	D21S11	31.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11 TA [TCTA]1
F1-XY21	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F1-XY21	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XY21	D2S1338	20	[TGCC]7 [TTCC]13
F1-XY21	D2S1338	24	[TGCC]7 [TTCC]14 GTCC[TTCC]2
F1-XY21	D2S1776	8	[AGAT]8
F1-XY21	D2S1776	9	[AGAT]9
F1-XY21	D2S441	10	[TCTA]10
F1-XY21	D3S1358	19	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]15
F1-XY21	D3S1358	20	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]16
F1-XY21	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F1-XY21	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XY21	D4S2408	10	[ATCT]10
F1-XY21	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]10 [GATA]2 [GATT]3
F1-XY21	D5S2800	19	[GGTA]3 [GACA]10 [GATA]3 [GATT]3
F1-XY21	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XY21	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XY21	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XY21	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F1-XY21	D7S820	10	[GATA]10
F1-XY21	D7S820	12	[GATA]12
F1-XY21	D8S1179	13	[TCTA]13
F1-XY21	D8S1179	15	[TCTA]2 TCTG[TCTA]12
F1-XY21	DYS391	10	[TCTA]10
F1-XY21	FGA	21	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]13 CTCC [TTCC]2
F1-XY21	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F1-XY21	Penta_D	11	[TCTTT]11
F1-XY21	Penta_D	13	[TCTTT]13
F1-XY21	Penta_E	13	[AAAGA]13
F1-XY21	SRY	1	[T]1
F1-XY21	TH01	6	[TCAT]6
F1-XY21	TH01	7	[TCAT]7
F1-XY21	TPOX	8	[AATG]8
F1-XY21	TPOX	11	[AATG]11
F1-XY21	Yindel	2	[TTCTC]2
F1-XY21	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F1-XY22	AMELX	1	[G]1
F1-XY22	AMELY	1	[A]1
F1-XY22	CSF1PO	10	[AGAT]10
F1-XY22	D10S1248	11	[GGAA]11
F1-XY22	D10S1248	13	[GGAA]13
F1-XY22	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F1-XY22	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XY22	D12S391	19	[AGAT]12 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XY22	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]8
F1-XY22	D13S317	14	[TATC]14
F1-XY22	D14S1434	12	[CTGT]3 [CTAT]9
F1-XY22	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F1-XY22	D16S539	8	[GATA]8
F1-XY22	D16S539	9	[GATA]9
F1-XY22	D18S51	15	[AGAA]15
F1-XY22	D18S51	16	[AGAA]16
F1-XY22	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XY22	D19S433	15	AAGGTAGG [AAGG]13
F1-XY22	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F1-XY22	D1S1656	16	[TAGA]15 [TAGG]1
F1-XY22	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XY22	D1S1677	16	[TTCC]16
F1-XY22	D21S11	29	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F1-XY22	D21S11	31.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11 TA [TCTA]1
F1-XY22	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F1-XY22	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XY22	D2S1338	20	[TGCC]7 [TTCC]13
F1-XY22	D2S1338	21	[TGCC]8 [TTCC]13
F1-XY22	D2S1776	9	[AGAT]9
F1-XY22	D2S1776	14	[AGAT]14
F1-XY22	D2S441	10	[TCTA]10
F1-XY22	D2S441	10	[TCTA]8 TCTG[TCTA]1
F1-XY22	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XY22	D3S1358	20	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]16
F1-XY22	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F1-XY22	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F1-XY22	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XY22	D4S2408	10	[ATCT]10
F1-XY22	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XY22	D5S2800	19	[GGTA]3 [GACA]10 [GATA]3 [GATT]3
F1-XY22	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XY22	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XY22	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XY22	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XY22	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F1-XY22	D7S820	10	[GATA]10
F1-XY22	D7S820	12	[GATA]12
F1-XY22	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XY22	D8S1179	13	[TCTA]13
F1-XY22	DYS391	10	[TCTA]10
F1-XY22	FGA	21	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]13 CTCC [TTCC]2
F1-XY22	FGA	24	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]16 CTCC [TTCC]2
F1-XY22	Penta D	11	[TCTTT]11
F1-XY22	Penta D	13	[TCTTT]13
F1-XY22	Penta E	13	[AAAGA]13
F1-XY22	Penta E	17	[AAAGA]17
F1-XY22	SRY	1	[T]1
F1-XY22	TH01	6	[TCAT]6
F1-XY22	TPOX	8	[AATG]8
F1-XY22	TPOX	11	[AATG]11
F1-XY22	Yindel	2	[TTCTC]2
F1-XY22	vWA	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XY22	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F1-XY24	AMELX	1	[G]1
F1-XY24	AMELY	1	[A]1
F1-XY24	CSF1PO	10	[AGAT]10
F1-XY24	D10S1248	11	[GGAA]11
F1-XY24	D10S1248	16	[GGAA]16
F1-XY24	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F1-XY24	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F1-XY24	D12S391	19	[AGAT]12 [AGAC]6 [AGAT]1
F1-XY24	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]7 [AGAT]1
F1-XY24	D13S317	8	[TATC]8
F1-XY24	D13S317	14	[TATC]14
F1-XY24	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F1-XY24	D16S539	9	[GATA]9
F1-XY24	D16S539	13	[GATA]13
F1-XY24	D18S51	13	[AGAA]13
F1-XY24	D18S51	16	[AGAA]16
F1-XY24	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F1-XY24	D19S433	15	AAGGTAGG [AAGG]13
F1-XY24	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F1-XY24	D1S1677	14	[TTCC]14
F1-XY24	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F1-XY24	D21S11	29	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F1-XY24	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F1-XY24	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F1-XY24	D2S1338	20	[TGCC]7 [TTCC]13
F1-XY24	D2S1338	24	[TGCC]7 [TTCC]14 GTCC[TTCC]2
F1-XY24	D2S1776	10	[AGAT]10
F1-XY24	D2S1776	14	[AGAT]14
F1-XY24	D2S441	10	[TCTA]8 TCTG[TCTA]1
F1-XY24	D2S441	14	[TCTA]11 TTTA[TCTA]2
F1-XY24	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]13
F1-XY24	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F1-XY24	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F1-XY24	D4S2408	8	[ATCT]8
F1-XY24	D4S2408	11	[ATCT]11
F1-XY24	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F1-XY24	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]9 [GATA]3 [GATT]3
F1-XY24	D5S818	11	[AGAT]11
F1-XY24	D5S818	12	[AGAT]12
F1-XY24	D6S1043	11	[AGAT]11
F1-XY24	D6S1043	12	[AGAT]12
F1-XY24	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F1-XY24	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F1-XY24	D7S820	10	[GATA]10
F1-XY24	D8S1179	11	[TCTA]11
F1-XY24	D8S1179	12	[TCTA]12
F1-XY24	DYS391	10	[TCTA]10
F1-XY24	FGA	21	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]13 CTCC [TTCC]2
F1-XY24	FGA	23	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]15 CTCC [TTCC]2
F1-XY24	Penta_D	11	[TCTTT]11
F1-XY24	Penta_D	14	[TCTTT]14
F1-XY24	Penta_E	13	[AAAGA]13
F1-XY24	Penta_E	14	[AAAGA]14
F1-XY24	SRY	1	[T]1
F1-XY24	TH01	6	[TCAT]6
F1-XY24	TPOX	8	[AATG]8
F1-XY24	Yindel	2	[TTCTC]2
F1-XY24	vWA	15	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]11
F1-XY24	vWA	19	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]14

F2-XX10	AMELX	1	[G]1
F2-XX10	CSF1PO	11	[AGAT]11
F2-XX10	CSF1PO	13	[AGAT]13
F2-XX10	D10S1248	13	[GGAA]13
F2-XX10	D10S1248	16	[GGAA]16
F2-XX10	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F2-XX10	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F2-XX10	D12S391	18	[AGAT]10 [AGAC]7 [AGAT]1
F2-XX10	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]7 [AGAT]1
F2-XX10	D13S317	10	[TATC]10
F2-XX10	D13S317	11	[TATC]11
F2-XX10	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F2-XX10	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F2-XX10	D16S539	8	[GATA]8
F2-XX10	D16S539	9	[GATA]9
F2-XX10	D18S51	14	[AGAA]14
F2-XX10	D18S51	15	[AGAA]15
F2-XX10	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F2-XX10	D19S433	14	AAGGTAGG [AAGG]12
F2-XX10	D1S1656	16	[TAGA]15 [TAGG]1
F2-XX10	D1S1656	17.3	[TAGA]4 [TGA]1 [TAGA]12 [TAGG]1
F2-XX10	D1S1677	12	[TTCC]12
F2-XX10	D1S1677	14	[TTCC]14
F2-XX10	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F2-XX10	D21S11	29	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F2-XX10	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F2-XX10	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F2-XX10	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F2-XX10	D2S1338	19	[TGCC]7 [TTCC]12
F2-XX10	D2S1776	11	[AGAT]11
F2-XX10	D2S1776	12	[AGAT]12
F2-XX10	D2S441	14	[TCTA]11 TTTA[TCTA]2
F2-XX10	D2S441	16	[TCTA]13 TTTA[TCTA]2
F2-XX10	D3S1358	14	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]11
F2-XX10	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]12
F2-XX10	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F2-XX10	D4S2408	8	[ATCT]8
F2-XX10	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F2-XX10	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]9 [GATA]3 [GATT]3
F2-XX10	D5S818	9	[AGAT]9
F2-XX10	D5S818	12	[AGAT]12
F2-XX10	D6S1043	11	[AGAT]11
F2-XX10	D6S1043	20	[AGAT]14 ACAT[AGAT]5
F2-XX10	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F2-XX10	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F2-XX10	D7S820	8	[GATA]8
F2-XX10	D7S820	10	[GATA]10
F2-XX10	D8S1179	13	[TCTA]1 TCTG[TCTA]11
F2-XX10	D8S1179	15	[TCTA]2 TCTG[TCTA]12
F2-XX10	FGA	20	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]12 CTCC [TTCC]2
F2-XX10	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F2-XX10	Penta_D	13	[TCTTT]13
F2-XX10	Penta_D	14	[TCTTT]14
F2-XX10	Penta_E	7	[AAAGA]7
F2-XX10	Penta_E	13	[AAAGA]13
F2-XX10	TH01	6	[TCAT]6
F2-XX10	TH01	7	[TCAT]7
F2-XX10	TPOX	8	[AATG]8
F2-XX10	TPOX	9	[AATG]9
F2-XX10	vWA	16	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]11
F2-XX10	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12

F2-XX06	AMELX	1	[G]1
F2-XX06	CSFIPO	10	[AGAT]10
F2-XX06	CSFIPO	11	[AGAT]11
F2-XX06	D10S1248	14	[GGAA]14
F2-XX06	D12ATA63	16	[TAA]13 [CAA]3
F2-XX06	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F2-XX06	D12S391	18	[AGAT]11 [AGAC]6 [AGAT]1
F2-XX06	D12S391	20	[AGAT]12 [AGAC]8
F2-XX06	D13S317	8	[TATC]8
F2-XX06	D13S317	11	[TATC]11
F2-XX06	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F2-XX06	D16S539	12	[GATA]12
F2-XX06	D18S51	11	[AGAA]11
F2-XX06	D18S51	20	[AGAA]20
F2-XX06	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F2-XX06	D19S433	15	AAGGTAGG [AAGG]13
F2-XX06	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F2-XX06	D1S1677	13	[TTCC]13
F2-XX06	D1S1677	15	[TTCC]15
F2-XX06	D21S11	29	[TCTA]6 [TCTG]5 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10
F2-XX06	D21S11	32.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]12 TA [TCTA]1
F2-XX06	D22S1045	15	[ATT]12 ACT[ATT]2
F2-XX06	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F2-XX06	D2S1338	19	[TGCC]7 [TTCC]12
F2-XX06	D2S1338	23	[TGCC]6 [TTCC]14 GTCC[TTCC]2
F2-XX06	D2S1776	11	[AGAT]11
F2-XX06	D2S1776	12	[AGAT]12
F2-XX06	D2S441	11	[TCTA]9 TCTG[TCTA]1
F2-XX06	D2S441	12	[TCTA]12
F2-XX06	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F2-XX06	D3S4529	12	[ATCT]7 ATTT[ATCT]4
F2-XX06	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F2-XX06	D4S2408	8	[ATCT]8
F2-XX06	D4S2408	9	[ATCT]9
F2-XX06	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F2-XX06	D5S2800	18	[GGTA]3 [GACA]9 [GATA]3 [GATT]3
F2-XX06	D5S818	9	[AGAT]9
F2-XX06	D5S818	12	[AGAT]12
F2-XX06	D6S1043	19	[AGAT]13 ACAT[AGAT]5
F2-XX06	D6S1043	20	[AGAT]14 ACAT[AGAT]5
F2-XX06	D6S474	16	[AGAT]5 [GATA]11
F2-XX06	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F2-XX06	D7S820	8	[GATA]8
F2-XX06	D7S820	11	[GATA]11
F2-XX06	D8S1179	12	[TCTA]12
F2-XX06	D8S1179	14	[TCTA]1 TCTG[TCTA]12
F2-XX06	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F2-XX06	FGA	22.2	[TTTC]3 TTTT TT[CTTT]15 CTCC [TTCC]2
F2-XX06	Penta_D	11	[TCTTT]11
F2-XX06	Penta_D	14	[TCTTT]14
F2-XX06	Penta_E	5	[AAAGA]5
F2-XX06	TH01	8	[TCAT]8
F2-XX06	TH01	9	[TCAT]9
F2-XX06	TPOX	8	[AATG]8
F2-XX06	vWA	16	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]11
F2-XX06	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12

F2-XX07	AMELX	1	[G]1
F2-XX07	CSF1PO	10	[AGAT]10
F2-XX07	CSF1PO	11	[AGAT]11
F2-XX07	D10S1248	14	[GGAA]14
F2-XX07	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F2-XX07	D12ATA63	18	[TAA]15 [CAA]3
F2-XX07	D12S391	17	[AGAT]10 [AGAC]6 [AGAT]1
F2-XX07	D12S391	20	[AGAT]13 [AGAC]6 [AGAT]1
F2-XX07	D13S317	8	[TATC]8
F2-XX07	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F2-XX07	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F2-XX07	D16S539	8	[GATA]8
F2-XX07	D16S539	12	[GATA]12
F2-XX07	D18S51	11	[AGAA]11
F2-XX07	D18S51	20	[AGAA]20
F2-XX07	D19S433	13	AAGGTAGG [AAGG]11
F2-XX07	D19S433	15	AAGGTAGG [AAGG]13
F2-XX07	D1S1656	11	[TAGA]11
F2-XX07	D1S1656	15	[TAGA]14 [TAGG]1
F2-XX07	D1S1677	13	[TTCC]13
F2-XX07	D1S1677	15	[TTCC]15
F2-XX07	D21S11	30.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10 TA [TCTA]1
F2-XX07	D21S11	32.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]12 TA [TCTA]1
F2-XX07	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F2-XX07	D2S1338	20	[TGCC]7 [TTCC]13
F2-XX07	D2S1338	23	[TGCC]6 [TTCC]14 GTCC[TTCC]2
F2-XX07	D2S1776	11	[AGAT]11
F2-XX07	D2S1776	12	[AGAT]12
F2-XX07	D2S441	12	[TCTA]12
F2-XX07	D2S441	14	[TCTA]11 TTTA[TCTA]2
F2-XX07	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F2-XX07	D3S1358	18	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]14
F2-XX07	D3S4529	12	[ATCT]7 ATTT[ATCT]4
F2-XX07	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F2-XX07	D4S2408	8	[ATCT]8
F2-XX07	D4S2408	9	[ATCT]9
F2-XX07	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]7 [GATA]1 [GATT]3
F2-XX07	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F2-XX07	D5S818	9	[AGAT]9
F2-XX07	D5S818	12	[AGAT]12
F2-XX07	D6S1043	19	[AGAT]13 ACAT[AGAT]5
F2-XX07	D6S1043	20	[AGAT]14 ACAT[AGAT]5
F2-XX07	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F2-XX07	D6S474	17	[AGAT]5 [GATA]12
F2-XX07	D7S820	10	[GATA]10
F2-XX07	D7S820	11	[GATA]11
F2-XX07	D8S1179	13	[TCTA]2 TCTG[TCTA]10
F2-XX07	D8S1179	14	[TCTA]1 TCTG[TCTA]12
F2-XX07	FGA	22.2	[TTTC]3 TTTT TT[CTTT]15 CTCC [TTCC]2
F2-XX07	FGA	24	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]16 CTCC [TTCC]2
F2-XX07	Penta_D	12	[TCTTT]12
F2-XX07	Penta_D	14	[TCTTT]14
F2-XX07	Penta_E	5	[AAAGA]5
F2-XX07	Penta_E	7	[AAAGA]7
F2-XX07	TH01	8	[TCAT]8
F2-XX07	TH01	9	[TCAT]9
F2-XX07	TPOX	8	[AATG]8
F2-XX07	vWA	14	[TCTA]1 [TCTG]1 [TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]3 TCCA[TCTA]3
F2-XX07	vWA	16	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]11

F2-XX08	AMELX	1	[G]1
F2-XX08	CSF1PO	10	[AGAT]10
F2-XX08	CSF1PO	13	[AGAT]13
F2-XX08	D10S1248	13	[GGAA]13
F2-XX08	D10S1248	15	[GGAA]15
F2-XX08	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F2-XX08	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F2-XX08	D12S391	15	[AGAT]8 [AGAC]6 [AGAT]1
F2-XX08	D12S391	19	[AGAT]12 [AGAC]6 [AGAT]1
F2-XX08	D13S317	9	[TATC]9
F2-XX08	D13S317	12	[TATC]12
F2-XX08	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F2-XX08	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F2-XX08	D16S539	9	[GATA]9
F2-XX08	D16S539	14	[GATA]14
F2-XX08	D18S51	10	[AGAA]10
F2-XX08	D18S51	14	[AGAA]14
F2-XX08	D19S433	14	AAGGTAGG [AAGG]12
F2-XX08	D19S433	16.2	GGTAGG [AAGG]15
F2-XX08	D1S1656	11	[TAGA]11
F2-XX08	D1S1656	12	[TAGA]12
F2-XX08	D1S1677	14	[TTCC]14
F2-XX08	D1S1677	15	[TTCC]15
F2-XX08	D21S11	30.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]10 TA [TCTA]1
F2-XX08	D21S11	31.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11 TA [TCTA]1
F2-XX08	D22S1045	11	[ATT]8 ACT[ATT]2
F2-XX08	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F2-XX08	D2S1338	17	[TGCC]6 [TTCC]11
F2-XX08	D2S1338	18	[TGCC]6 [TTCC]12
F2-XX08	D2S1776	9	[AGAT]9
F2-XX08	D2S1776	10	[AGAT]10
F2-XX08	D2S441	10	[TCTA]8 TCTG[TCTA]1
F2-XX08	D2S441	14	[TCTA]11 TTTA[TCTA]2
F2-XX08	D3S1358	15	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]12
F2-XX08	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F2-XX08	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F2-XX08	D4S2408	8	[ATCT]8
F2-XX08	D4S2408	11	[ATCT]11
F2-XX08	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F2-XX08	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]7 [GATA]1 [GATT]3
F2-XX08	D5S818	11	[AGAT]11
F2-XX08	D5S818	12	[AGAT]12
F2-XX08	D6S1043	12	[AGAT]12
F2-XX08	D6S1043	17	[AGAT]11 ACAT[AGAT]5
F2-XX08	D6S474	14	[AGAT]5 [GATA]9
F2-XX08	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F2-XX08	D7S820	8	[GATA]8
F2-XX08	D7S820	8	[GATA]8
F2-XX08	D7S820	9	[GATA]9
F2-XX08	D8S1179	14	[TCTA]1 TCTG[TCTA]12
F2-XX08	D8S1179	15	[TCTA]2 TCTG[TCTA]12
F2-XX08	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F2-XX08	FGA	23	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]15 CTCC [TTCC]2
F2-XX08	Penta_D	10	[TCTTT]10
F2-XX08	Penta_E	10	[AAAGA]10
F2-XX08	Penta_E	12	[AAAGA]12
F2-XX08	TH01	7	[TCAT]7
F2-XX08	TPOX	8	[AATG]8
F2-XX08	vWA	14	[TCTA]1 [TCTG]1 [TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]3 TCCA[TCTA]3
F2-XX08	vWA	18	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]13

F2-XY12	AMELX	1	[G]1
F2-XY12	AMELY	1	[A]1
F2-XY12	CSF1PO	11	[AGAT]11
F2-XY12	CSF1PO	13	[AGAT]13
F2-XY12	D10S1248	14	[GGAA]14
F2-XY12	D10S1248	15	[GGAA]15
F2-XY12	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F2-XY12	D12ATA63	15	[TAA]11 [CAA]4
F2-XY12	D12S391	15	[AGAT]8 [AGAC]6 [AGAT]1
F2-XY12	D12S391	19	[AGAT]13 [AGAC]5 [AGAT]1
F2-XY12	D13S317	10	[TATC]10
F2-XY12	D13S317	12	[TATC]12
F2-XY12	D14S1434	10	[CTGT]3 [CTAT]7
F2-XY12	D14S1434	14	[CTGT]3 [CTAT]11
F2-XY12	D16S539	9	[GATA]9
F2-XY12	D16S539	14	[GATA]14
F2-XY12	D18S51	10	[AGAA]10
F2-XY12	D18S51	13	[AGAA]13
F2-XY12	D19S433	14	AAGGTAGG [AAGG]12
F2-XY12	D19S433	14.2	GGTAGG [AAGG]13
F2-XY12	D1S1656	11	[TAGA]11
F2-XY12	D1S1656	17	[TAGA]16 [TAGG]1
F2-XY12	D1S1677	14	[TTCC]14
F2-XY12	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F2-XY12	D21S11	31.2	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11 TA [TCTA]1
F2-XY12	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F2-XY12	D2S1338	18	[TGCC]6 [TTCC]12
F2-XY12	D2S1776	9	[AGAT]9
F2-XY12	D2S441	10	[TCTA]8 TCTG[TCTA]1
F2-XY12	D2S441	14	[TCTA]11 TTTA[TCTA]2
F2-XY12	D3S1358	14	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]11
F2-XY12	D3S1358	16	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]12
F2-XY12	D3S4529	13	[ATCT]8 ATTT[ATCT]4
F2-XY12	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F2-XY12	D4S2408	8	[ATCT]8
F2-XY12	D4S2408	10	[ATCT]10
F2-XY12	D5S2800	14	[GGTA]3 [GACA]6 [GATA]2 [GATT]3
F2-XY12	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F2-XY12	D5S818	12	[AGAT]12
F2-XY12	D5S818	12	[AGAT]12
F2-XY12	D6S1043	12	[AGAT]12
F2-XY12	D6S1043	20	[AGAT]14 ACAT[AGAT]5
F2-XY12	D6S474	15	[AGAT]5 [GATA]10
F2-XY12	D6S474	18	[AGAT]5 [GATA]13
F2-XY12	D7S820	9	[GATA]9
F2-XY12	D7S820	11	[GATA]11
F2-XY12	D8S1179	14	[TCTA]1 TCTG[TCTA]12
F2-XY12	D8S1179	15	[TCTA]2 TCTG[TCTA]12
F2-XY12	DYS391	10	[TCTA]10
F2-XY12	FGA	22	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]14 CTCC [TTCC]2
F2-XY12	FGA	26	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]18 CTCC [TTCC]2
F2-XY12	Penta_D	9	[TCTTT]9
F2-XY12	Penta_D	10	[TCTTT]10
F2-XY12	Penta_E	7	[AAAGA]7
F2-XY12	Penta_E	12	[AAAGA]12
F2-XY12	SRY	1	[T]1
F2-XY12	TH01	7	[TCAT]7
F2-XY12	TH01	9.3	[TCAT]4 CAT[TCAT]5
F2-XY12	TPOX	8	[AATG]8
F2-XY12	Yindel	2	[TTCTC]2
F2-XY12	vWA	14	[TCTA]1 [TCTG]1 [TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]3 TCCA[TCTA]3
F2-XY12	vWA	16	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]11

F2-XY09	AMELX	1	[G]1
F2-XY09	AMELY	1	[A]1
F2-XY09	CSF1PO	11	[AGAT]11
F2-XY09	D10S1248	14	[GGAA]14
F2-XY09	D12ATA63	12	[TAA]9 [CAA]3
F2-XY09	D12ATA63	17	[TAA]14 [CAA]3
F2-XY09	D12S391	19	[AGAT]13 [AGAC]5 [AGAT]1
F2-XY09	D12S391	24	[AGAT]14 [AGAC]9 [AGAT]1
F2-XY09	D13S317	10	[TATC]10
F2-XY09	D13S317	11	[TATC]11
F2-XY09	D14S1434	10	[CTGT]3 [CTAT]7
F2-XY09	D14S1434	13	[CTGT]3 [CTAT]10
F2-XY09	D16S539	9	[GATA]9
F2-XY09	D16S539	13	[GATA]13
F2-XY09	D18S51	13	[AGAA]13
F2-XY09	D18S51	15	[AGAA]15
F2-XY09	D19S433	14.2	GGTAGG [AAGG]13
F2-XY09	D19S433	15.2	GGTAGG [AAGG]14
F2-XY09	D1S1656	16	[TAGA]15 [TAGG]1
F2-XY09	D1S1656	17	[TAGA]16 [TAGG]1
F2-XY09	D1S1677	14	[TTCC]14
F2-XY09	D21S11	29	[TCTA]4 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F2-XY09	D21S11	30	[TCTA]5 [TCTG]6 [TCTA]3 TA [TCTA]3 TCA [TCTA]2 TCCATA [TCTA]11
F2-XY09	D22S1045	16	[ATT]13 ACT[ATT]2
F2-XY09	D22S1045	17	[ATT]14 ACT[ATT]2
F2-XY09	D2S1338	18	[TGCC]6 [TTCC]12
F2-XY09	D2S1338	23	[TGCC]7 [TTCC]13 GTCC[TTCC]2
F2-XY09	D2S1776	9	[AGAT]9
F2-XY09	D2S1776	12	[AGAT]12
F2-XY09	D2S441	10	[TCTA]8 TCTG[TCTA]1
F2-XY09	D2S441	11	[TCTA]11
F2-XY09	D3S1358	14	[TCTA]1 [TCTG]2 [TCTA]11
F2-XY09	D3S1358	17	[TCTA]1 [TCTG]3 [TCTA]13
F2-XY09	D3S4529	15	[ATCT]10 ATTT[ATCT]4
F2-XY09	D3S4529	16	[ATCT]11 ATTT[ATCT]4
F2-XY09	D4S2408	8	[ATCT]8
F2-XY09	D4S2408	10	[ATCT]10
F2-XY09	D5S2800	17	[GGTA]3 [GACA]8 [GATA]3 [GATT]3
F2-XY09	D5S818	12	[AGAT]12
F2-XY09	D6S1043	18	[AGAT]12 ACAT[AGAT]5
F2-XY09	D6S1043	20	[AGAT]14 ACAT[AGAT]5
F2-XY09	D6S474	16	[AGAT]5 [GATA]11
F2-XY09	D6S474	18	[AGAT]5 [GATA]13
F2-XY09	D7S820	10	[GATA]10
F2-XY09	D7S820	11	[GATA]11
F2-XY09	D8S1179	13	[TCTA]2 TCTG[TCTA]10
F2-XY09	D8S1179	15	[TCTA]2 TCTG[TCTA]12
F2-XY09	DYS391	10	[TCTA]10
F2-XY09	FGA	22.2	[TTTC]3 TTTT TT[CTTT]15 CTCC [TTCC]2
F2-XY09	FGA	26	[TTTC]3 TTTT TTCT [CTTT]18 CTCC [TTCC]2
F2-XY09	Penta_D	9	[TCTTT]9
F2-XY09	Penta_E	7	[AAAGA]7
F2-XY09	Penta_E	14	[AAAGA]14
F2-XY09	SRY	1	[T]1
F2-XY09	TH01	8	[TCAT]8
F2-XY09	TH01	9.3	[TCAT]4 CAT[TCAT]5
F2-XY09	TPOX	8	[AATG]8
F2-XY09	TPOX	11	[AATG]11
F2-XY09	Yindel	2	[TTCTC]2
F2-XY09	vWA	16	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]11
F2-XY09	vWA	17	[TCTA]1 [TCTG]4 [TCTA]12

EK-3 :ETİK KURUL KARARI

İÜC Tarih ve Sayı: 08/06/2018-1448



T.C.
İSTANBUL ÜNİVERSİTESİ-CERRAHPAŞA
Adli Tıp Enstitüsü Müdürlüğü



Sayı :86669574-302.14.06-
Konu :Naciye DURMUŞ İŞLEYEN'in
Tez Başlığının Etik Açından
Değerlendirilmesi.

FEN BİLİMLERİ ANABİLİM DALI BAŞKANLIĞINA

İlgi :09/05/2018 tarihli, 169687 sayılı yazı

Fen Bilimleri Anabilim Dalının Yüksek Lisans öğrencisi Naciye DURMUŞ İŞLEYEN'in "Yakın Akrabalarda NGS Teknolojisi ile STR Lokuslarının Ayrım Gücünün Belirlenmesi" başlıklı tez çalışması 05 Haziran 2018 tarihinde toplanan Cerrahpaşa Tıp Fakültesi Klinik Araştırmalar Etik Kurulunca müzakere edilmiş olup; etik açıdan uygun görüldüğüne dair 05.06.2018 tarihli, 4096 sayılı yazısı ilişikte gönderilmiştir.

Bilgileriniz ve buna göre gereğini rica ederim.

e-İmzalı
Prof. Dr. Faruk AŞICIOĞLU
Enstitü Müdürü

EK :
1

DAĞITIM

Gereği:
Naciye DURMUŞ İŞLEYEN

Bilgi:
Fen Bilimleri Anabilim Dalı Başkanlığı
Sayın Dr. Öğr. Üyesi Özlem BÜLBÜL
(Öğretim Üyesi)

Doğrulamak için: <http://dogrulama.istanbulc.edu.tr/en/veion.sorgula/beigedogrulama.aspx?v=BENNCMUC5>

Ayrıntılı bilgi için iribet : Məhəmməd SALDIRAN Dahili : 22833

İ.Ü.C. Adli Tıp Enstitüsü 34098 Cerrahpaşa/İSTANBUL

Tel : (0212) 414 30 00 Faks : (0212) 588 00 11

e-posta : adlitipens@istanbul.edu.tr Elektronik Ağ : www.istanbulc.edu.tr



İÜC Tarih ve Sayı: 05/06/2018-4096



T.C.
İSTANBUL ÜNİVERSİTESİ-CERRAHPAŞA
Cerrahpaşa Tıp Fakültesi Dekanlığı



Sayı :59491012-604.01.02-
Konu :Yüksek Lisans Öğrencisi Naciye
Durmuş İŞLEYEN'in etik kurul
kararı A-03

ADLİ TIP ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE

İlgi :11.05.2018 tarih,86669574-302.14.06-173004 sayılı yazı

Enstitümüz Fen Bilimleri Anabilim Dalı Dr.Öğr. Üyesi Özlem BÜLBÜL'ün danışmanlığında Yüksek Lisans Öğrencisi Naciye Durmuş İŞLEYEN'in yürütücülüğünde "Yakın Akrabalarda NGS Teknolojisi ile STR Lokuslarının Ayrım Gücünün Belirlenmesi" başlıklı Yüksek Lisans Tezi hakkında ilgi yazınız ve ekleri 05 Haziran 2018 tarihinde toplanan Fakültemiz Klinik Araştırmalar Etik Kurulunca müzakere edilmiş olup, Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP) alınması koşuluyla etik açıdan uygun olduğuna karar verilmiştir.

e-İmza
Prof. Dr. Özgür KASAPÇOPUR
Başkan

e-İmza
Prof. Dr. Hakan EKMEKÇİ
Dekan a.
Dekan Yardımcısı

NOT: Yönetmelik gereği Sonuç Raporunun ve Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP) desteğini onay belgesinin Klinik Araştırmalar Etik Kuruluna iletilmesi gerekmektedir

EK :
1 dosya elden teslim edilecektir.

Doğrulamak için: http://dogrulama.istanbul.edu.tr/en/Vision_sorgula/belgedogrulama.aspx?V=BENDCMR47

Ayrıntılı bilgi için iribat : Güler SOYDANER Dahili : 22300

İstanbul Üniversitesi-Cerrahpaşa Cerrahpaşa Tıp Fakültesi 34303 Cerrahpaşa/ İSTANBUL

Tel : 0 (212) 414 30 00 Faks : 0 (212) 632 00 33

e-posta : ctfpersonel@istanbul.edu.tr Elektronik Ağ : www.istanbul.edu.tr



10. ÖZGEÇMİŞ

Kimlik Bilgileri

Adı-Soyadı: Naciye DURMUŞ İŞLEYEN

Doğum Yeri:

E-posta:

Eğitim Bilgileri

Lise:	2003-2006	Adana Anadolu Lisesi
	2006-2007	İzmir Özel Fatih Anadolu Lisesi
Lisans:	2007-2011	İstanbul Üniversitesi, Fen Fakültesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik, İstanbul
Yüksek		
Lisans:	2013-2016	İstanbul Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Moleküler Biyoloji-Genetik ve Biyoteknoloji, İstanbul
Yüksek		
Lisans:	2011-2019	İstanbul Üniversitesi Cerrahpaşa Tıp Fakültesi, Adli Tıp Enstitüsü, Fen Bilimleri Anabilim Dalı
Doktora:	2016-Devam	İstanbul Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Moleküler Biyoloji-Genetik ve Biyoteknoloji, İstanbul

Projeler

Biyoteknolojik Uygulamalara Yönelik Yeni Sıvı Kristal Bileşiklerin Tasarımı, Yükseköğretim Kurumları tarafından destekli bilimsel araştırma projesi, Araştırmacı: ÇAKAR Zeynep Petek, Araştırmacı: GÜRSEL YEŞİM, Yürütücü:SESALAN BEHİCE ŞEBNEM, Araştırmacı: DURMUŞ İŞLEYEN Naciye, Araştırmacı: ÖZTÜRK Yetkin, Araştırmacı: Uslan Canan, , 02/02/2016 - 02/02/2018

Yakın Akrabalarda NGS Teknolojisi ile STR Lokuslarının Ayrım Gücünün Belirlenmesi, Yükseköğretim Kurumları tarafından destekli bilimsel araştırma projesi, Araştırmacı: DURMUŞ İŞLEYEN Naciye, Yürütücü: BÜLBÜL ERCAN Özlem.

Eserler

1. KÖKSOY Baybars,DURMUŞ Mahmut, DURMUŞ İŞLEYEN Naciye,ÖZTÜRK Yetkin,ÇAKAR Zeynep Petek,HEPUZER GÜRSEL Yeşim, USLAN Canan,SESALAN Behice Şebnem (2019). The synthesis and investigation of photochemical, photophysical and biological properties of new lutetium, indium, and zinc phthalocyanines substituted with PEGME-2000 blocks. JBIC Journal of Biological Inorganic Chemistry, 24(2), 191-210., Doi: 10.1007/s00775-019-01638-5 (Yayın No: 5069031).
2. USLAN Canan,DURMUŞ İŞLEYEN Naciye,ÖZTÜRK Yetkin,TURANLI YILDIZ Burcu,ÇAKAR Zeynep Petek,GÖKSEL ŞAHİN Meltem,DURMUŞ Mahmut,SESALAN Behice Şebnem (2018). A novel of PEG-conjugated phthalocyanine and evaluation of its photocytotoxicity and antibacterial properties for photodynamic therapy. Journal of Porphyrins and Phthalocyanines, 22(01n03), 10-24., Doi: 10.1142/S1088424617500729 (Yayın No: 4570821).
3. DURMUŞ Naciye, BALTA Bülent (2018). A MOLECULAR DYNAMICS STUDY OF THE Dmc1 PROTEIN. 12th Chemical Physics Congress (Özet Bildiri/Poster) (Yayın No:4352120).
4. USLAN Canan,DURMUŞ Naciye,ÖZTÜRK Yetkin,TURANLI YILDIZ Burcu, ÇAKAR Zeynep Petek, HEPUZER GÜRSEL Yeşim, SESALAN Behice Şebnem (2016). SYNTHESIS OF A NOVEL SiPc-PEG1000 AND EVALUATION OF ITS ANTIBACTERIAL PROPERTIES. 13th European Biological InorganicChemistry Conference (Özet Bildiri/Poster) (Yayın No:4549815)
5. DURMUŞ İŞLEYEN Naciye, ÇAKAR Zeynep Petek (2015). Evolutionary engineering of aluminium-resistant Saccharomyces cerevisiae. Microbial stress: From molecules to systems (Tam Metin Bildiri/Poster) (Yayın No:4352110).