

Bölüm 9

ADLİ GENETİK VERİLERİN DEĞERLENDİRİLMESİNDE KULLANILAN İSTATİSTİKİ YÖNTEMLER

Fatma ÇAVUŞ YONAR¹

Süeda SARICA²

“Dünyada yaşayan ve aralarında genetik açıdan anlamlı bir fark bulunmayan tüm insanların (~8 milyar insanın) DNA profilini bir sisteme kaydedecek sihirli bir değneğimiz var olsaydı, bir DNA profilinin toplumdaki görülme sıklığını ortaya koymak için popülasyon genetiği ve istatistik biliminin yardımına gerek kalır mıydı?”

(Yükseloğlu&Kara, 2018)

GİRİŞ

Adli genetik bilimi istatistiki hesaplamalara hem DNA üzerindeki tüm bölgelere bakmadığı hem de dünya üzerindeki tüm insanların genotip verilerine sahip olmadığı için ihtiyaç duymaktadır. Adli genetik, istatistikten yararlanarak olay yerinden elde edilen DNA profilinin şüpheliyle veya şüphelinin dışında bir kişiyle eşleşme olasılığına cevap vererek DNA delillerinin eşsizliğini ortaya koymakta, mahkemede kullanılabilir olmasını sağlamaktadır. Yargı sisteminde adli genetikçiden beklenen, biyolojik örneklerin geçerli bir yöntem ile analiz edilmesi, hazırlanan adli raporun anlaşılabilir bir anlatım ile sunulması, sonuç ve yorumların güvenilir olmasıdır.

DNA tiplendirilmesinin mahkemede kabul edilebilir delil olmasına kadar, DNA tiplendirilmesi için kullanılan metotlar üzerinde yoğun araştırmalar yapılmış ve kullanılan her bir lokusun tüm alelleri için istatistiksel frekansların tespitine yönelik popülasyon çalışmaları gerçekleştirilmiştir. Popülasyon gene-

¹ Dr., İstanbul Üniversitesi-Cerrahpaşa, Adli Tıp ve Adli Bilimler Enstitüsü, İstanbul

² İstanbul Üniversitesi-Cerrahpaşa, Adli Tıp ve Adli Bilimler Enstitüsü, İstanbul

öncelikle popülasyona özgü alel ve genotip frekanslarını bilmeli, sonrasında da elde edilen istatistiki sonuçların yorumlanması ve mahkemeye sunulmasında uygun yaklaşım metodunu belirlemelidir.

Nesep tayinlerinde, adli genetik raporunun sonuç bölümünde genel olarak dahil etme söz konusu ise, "...babasıdır/annesidir" şeklinde kesin bir ifade yerine "... babası/annesi olabileceği" şeklinde ihtiyatlı bir cümle kullanılmaktadır. Olasılık teorisi gereğince, anne-baba-çocuk üçlüsünde gözlenen geçişlerin kümülatif doğruluğunun sayısal ifadesi %99.999 oranıdır. Bu oranın 1'e yani %100'e ulaşması olasılık teorisi gereğince imkansızdır. Dışlama ise kesindir ve %100'dür.

Adli yargı sisteminin delil ile şüpheli arasındaki eşleşmenin istatistiki olarak ifade edilmesini istediği durumlarda kalitatif yaklaşım kabul gören bir metot değildir. Diğer metotlar kalitatif metodun aksine dışlamaya ve genotipe dayalı yaklaşımlardır. Dışlamaya dayalı metotlarda karışım DNA profilini oluşturan katılımcıların genotipi bilinmeksizin delil değerlendirilmektedir. Eşleşme olasılığı ve olabilirlik oranı metotlarında ise delil her ayrıntıları ile değerlendirilerek yorumlanmaktadır.

Adli genetik alanında kullanılan hesaplamalara haiz olmak, yargı sisteminin anlayabileceği bir şekilde ifade etmek, bu hesaplamaların bilimsel temelini yorumlamak adli DNA analizlerinin önemli bir boyutunu oluşturmaktadır. Adli genetikte yargı sistemine hizmet eden bilirkişilerin başarısı, kendisinden talep edilenleri, bilimsel ve kabul gören temellere bağlı kalmak şartıyla, basit ve anlaşılır bir biçimde ifade edebildiği ölçüdedir.

KAYNAKLAR

1. Alaeddini, R., Walsh, S. J., Abbas, A. (2010), Forensic implications of genetic analyses from degraded DNA—A review, *Forensic Science International: Genetics*, 4(3), 148–157. doi:10.1016/j.fsigen.2009.09.007
2. Amorim, A., Pinto, N. (2018), Big data in forensic genetic,. *Forensic science international. Genetics*, 37, 102–105. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.08.001>
3. Budowle B., Eisenberg A.J., van Daal A. (2009), Validity of Low Copy Number Typing and Applications to Forensic Science, *Croat Med J.* 50, 207-17.doi: 10.3325/cmj.2009.50.207
4. Butler, J.M., Buel, E., Crivellente, F., McCord, B.R. (2004), Forensic DNA typing by capillary electrophoresis using the ABI Prism 310 and 3100 genetic analyzers for STR analysis. *Electrophoresis*. 25, 1397–1412. doi: 10.1002/elps.200305822.

5. Butler, J. M. (2010), Statistical Interpretation: Evaluating the Strength of Forensic DNA Evidence, J. M. Butler içinde, *Fundamentals of Forensic DNA Typing* (s. 229-258) Academic Press. ISBN 9780123749994, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374999-4.00011-4>
6. Butler, J. M. (2015) Relationship Testing: Kinship Statistics, J. M. Butler içinde, *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation* (s.349-401) Academic Press ISBN 9780124052130, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-405213-0.00014-2>
7. Caliebe, A., Walsh, S., Liu, F., Kayser, M., Krawczak, M. (2017), Likelihood ratio and posterior odds in forensic genetics: Two sides of the same coin, *Forensic science international. Genetics*, 28, 203–210. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.03.004>
8. Chakraborty, R. (1992), Sample size requirements for addressing the population genetic issues of forensic use of DNA typing, *Human biology*, 141-159.
9. Cole, S. A., Prainsack, B. (2015). Genetics and Forensics. *International Encyclopedia of the Social & Behavioral Sciences*, (s. 955–961). doi:10.1016/b978-0-08-097086-8.82050-4
10. Elkins, K. M. (2013), Computing Random Match Probability from DNA Profile Data Using Population Databases, K. M. Elkins içinde, *Forensic DNA Biology*, (s.115-120), Academic Press. ISBN 9780123945853, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-394585-3.00013-4>
11. Esen Melez, İ. (2013). Adli Genetiğe Giriş. İstanbul:Nobel Tıp Kitabevleri Tic. Ltd. Şti.
12. Evett, I.W., Weir, B.S. (1998), Interpreting DNA Evidence: Statistical Genetics for Forensic Scientists. MA: Sinauer Assoc., Sunderland.
13. Fung W. K., Hu Y. Q., (2008), Statistical DNA Forensics: Theory, Methods and Computation, John Wiley&Sons, England.
14. Gill, P., Bleka, Ø., Hansson, O., Benschop, C., Haned, H. (2020), Forensic genetics: the basics, *Forensic Practitioner's Guide to the Interpretation of Complex DNA Profiles*,(s.1–53) Academic Press. doi:10.1016/b978-0-12-820562-4.00009-2
15. Gill, P.(2001), An assessment of the utility of single nucleotide polymorphisms (SNPs) for forensic purposes, *International Journal of Legal Medicine*, 114(4-5), 204-210. doi:10.1007/s004149900117
16. Gjertson D. W., Brenner C. H., Baur M. P., Carracedo A., Guidet F., Luque J. A., Lesig R., Mayr W. R., Pascali V. L., Prinz M., Schneider P. M., Morling N., (2007), ISFG: Recommendations on biostatistics in paternity testing, *Forensic Sci. Int: Genetics* 1(3-4), 223-231 doi:10.1016/j.fsigen.2007.06.006
17. Godbey, W. T. (2014). *An Introduction to Biotechnology: The Science, Technology and Medical Applications*. Elsevier.
18. Houck, M. M., Siegel, J. A. (2016), DNA Analizi, Y. Doğan içinde, *Adli Bilimlerin Temeli*, İstanbul:Nobel Tıp Kitabevleri Tic. Ltd.Şti. (Orijinal eserin yayın tarihi 2010).
19. Kara, U., Yükseloğlu, E. H. (2015), *Temel Adli Genetik*, İstanbul:Nobel Tıp Kitabevleri Tic. Ltd.Şti.
20. Ladd, C., Lee, H. C., Yang, N., Bieber, F. R. (2001), Interpretation of complex forensic DNA mixtures. *Croatian medical journal*, 42(3), 244–246.

21. Linacre, A. M. T. (2018), DNA Profiling. Reference Module in Chemistry, Molecular Sciences and Chemical Engineering. doi:10.1016/b978-0-12-409547-2.14203-9
22. Oldoni, F., Podini, D. (2019), Forensic molecular biomarkers for mixture analysis. *Forensic Science International: Genetics*. doi:10.1016/j.fsigen.2019.04.003
23. Yükseloğlu, E. H., & Kara, U. (2018). Adli Uygulamalarda İstatistiksel Değerlendirme. *Türkiye Klinikleri Adli Tıp-Özel Konular*, 4(2), 29-36.
24. Zorlu T. (2015), Karışmış örneklerde STR analizinin LR (Likelihood ratio) kullanılarak yorumlanması, Doktora Tezi, İstanbul