

**XIII. AZIZ SANCAR INSTITUTE OF EXPERIMENTAL MEDICINE DAYS**  
**XIII. AZİZ SANCAR DENEYSEL TIP ARAŞTIRMA ENSTİTÜSÜ GÜNLERİ**

**Omics Technologies in Life Sciences: From Genome to Therapy**  
**Yaşam Bilimlerinde Omik Teknolojileri: Genomdan Tedaviye**

December 21-22, 2021  
21-22 Aralık 2021

**SPEECH SUMMARY**  
**KONUŞMA ÖZETLERİ**



## SPEECH SUMMARY / KONUŞMA ÖZETLERİ

### [KK-01]

#### The use of Systems Biology in Treatment of Liver Diseases

Adil Mardinoglu<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Science for Life Laboratory, KTH - Royal Institute of Technology, Stockholm, Sweden

<sup>2</sup>Centre for Host-Microbiome Interactions, Faculty of Dentistry, Oral & Craniofacial Sciences, King's College London, London, United Kingdom

#### ABSTRACT

To develop novel strategies for prevention and treatment as well as to gain detailed insights about the underlying molecular mechanisms of liver diseases, it is vital to study the biological functions of liver and its interactions with other tissues and gut microbiota. Biological networks can provide a scaffold for studying biological pathways operating in the liver in connection with disease development in a systematic manner. Herein, our recent work where biological networks have been employed to identify the reprogramming in liver physiology in response to NASH/NAFLD is presented. The possible contribution of mechanistic modelling approach to the discovery of biomarkers and identification of drug targets which may lead to design of targeted and effective treatment strategies is further discussed.

#### Key points:

- Omics technologies are used in detailed characterization of human liver tissue in health and disease states.
- Biological network models are functional tools for exploring and integration of multiomics data.
- Systems biology uses a holistic and integrative approach for comprehensive analysis of the biological functions in healthy and diseased states
- Systems Biology approaches have been successfully employed in hepatology to identify biomarkers and drug targets.
- These integrative tools can be used for simulation of liver tissue functions and its crosstalk with other tissues for prediction of therapeutic and side effects.

### [KK-02]

#### Investigation of the Biological Heterogeneity of Hematopoietic Stem Cells

Christophe Desterke<sup>1</sup>

<sup>1</sup>University Paris Saclay, INSERMUA9, Villejuif, France

Hematopoietic stem cells help maintaining blood homeostasis throughout life. The production of blood cells diversity is based on a fine and balanced regulation between proliferation, quiescence and differentiation of hematopoietic stem cells. At birth, a heterogeneous pool of hematopoietic stem cells is present in the bone marrow. Over the course of life, the reduction of hematopoietic stem cells pool heterogeneity can lead to hematopoiesis bias by clonal selection: CHIP (Clonal hematopoiesis of indeterminate potential).

CHIP is a hematopoietic state that may be involved in the progression of chronic myeloid pathologies. After data quality control, single cell transcriptome technology applied to primitive hematopoietic cells makes it possible to study their molecular expression heterogeneity to lead to the identification of distinct cell communities. This technology also makes it possible to define the level of mitochondrial activation by estimating the percentage of

mitochondrial transcripts in the total transcriptome. By molecular deconvolution on the actors involved in the cell cycle, it is possible to predict the cell cycle phase progression. By single cell geneset enrichment, it is possible to infer cellular function heterogeneity in their transcriptome. By pseudotemporal mathematical transformation of the data, it is possible to identify cell trajectories that may reflect a cell fate decision. The study of the heterogeneity of CD34<sup>+</sup> CD38<sup>-</sup> in human bone marrow during aging has demonstrate a cell trajectory linked to the up regulation of the transcription factor EGR1 (1).

## Reference

1. Desterke C, Bennaceur-Griscelli A, Turhan AG. EGR1 dysregulation defines an inflammatory and leukemic program in cell trajectory of human-aged hematopoietic stem cells (HSC). *Stem Cell Res Ther.* 2021;12(1):419. Published 2021 Jul 22.

## [KK-03]

### Küçük Hücreli Olmayan Akciğer Kanseri Veri Setlerinin Yeniden Analizi

Çiğdem Erol<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Botanik Anabilim Dalı, İstanbul Üniversitesi Enformatik Bölümü ve Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü, İstanbul, Türkiye

## ÖZ

Küçük hücreli olmayan akciğer kanseri (NSCLC), en sık görülen akciğer kanseri türüdür. Bu hastalıkla ilişkili genlerin belirlenmesi amacıyla birçok araştırma yapılmaktadır. Bu araştırmaların bir kısmında elde edilen genetik veri setleri, *NCBI Gene Expression Omnibus* (NCBI GEO) gibi veri tabanlarında depolanmakta ve açık erişime sunulmaktadır. Genetik veri eldesinde kullanılan yöntemlerden biri olan mikrodizi çalışmaları, deneysel yoğun bir emek, zaman ve önemli bir maliyet gerektirmektedir. Tüm bu çabaların sonucunda elde edilen veri, üretildiği yayında kullanılmasının yanı sıra herkese açık veri tabanlarında da paylaşılmaktadır. Aynı hastalıkla ilişkili olarak, farklı amaçlarla, farklı deneysel tasarıma sahip, farklı platformlarda üretilen bu veri setlerinin analizi özellikle az örnek sayısı içermeleri nedeniyle birçok zorluklar içermektedir. Ancak günümüz veri çağında değerli olan enformasyonu/bilgiyi veriden elde etmek adına farklı bakış açılarıyla yeni algoritmalarla, yeni yaklaşımlarla bu veri yığınları içerisinde araştırmalar yapılması gerekmektedir. Bu araştırmalar her zaman yeni bir enformasyon elde etmekle sonuçlanmayabilir. Ancak mevcut veriden tüm enformasyonu çıkarabilmek adına multidisipliner ekiplerle yeni yaklaşımları denemekten vazgeçmemek gerekmektedir.

TÜSEB tarafından desteklenen 4590 numaralı proje kapsamında, küçük hücreli olmayan akciğer kanserine etki eden genlerin tespit edilmesi amacıyla proje sürecinde NCBI GEO veri tabanında NSCLC hastalığıyla ilişkili 18 mikrodizi veri seti tespit edilmiş bu veri setlerinden doğrudan NSCLC ile ilişkili olduğu belirlenen, 12 adet veri seti (GSE21656, GSE6410, GSE4127, GDS2297, GDS2298, GSE6914, GSE10245, GSE4573, GSE5519, GSE43459, GSE19804 ve GSE50138) analize dahil edilmiştir. R Studio ve Bioconductor aracılığı ile destek vektör makinesi (svmRadial), k en yakın komşu (knn), naïve bayes, rastgele orman (rf), C5.0 karar ağacı, çok katmanlı perceptron (mlp) ve temel bileşen adımına sahip yapay sinir ağı (pcaNNet) algoritmaları ile veri setleri ayrı ayrı analiz edilerek ilişkili genler belirlenmeye çalışılmıştır. Proje çıktıları olarak bir bildiri hazırlanıp sunulmuş ve makale olarak yayımlanmıştır. "Topluluk Öğrenmesi Yöntemi ile Mikrodizi Veri Analizi" adlı yüksek lisans tez çalışması tamamlanmıştır. Projenin diğer çıktılarının uluslararası indeksli dergilere gönderilmesi süreci devam etmektedir. Proje sonuçlarına erişmek isteyen araştırmacıların ilgili yayınları takip etmesi önerilmektedir.

Veri analizi ile ilgili makine öğrenmesi araştırmalarında hangi yöntem kullanılırsa kullanılsın sonuçta yeni keşfedilen enformasyon sadece potansiyel bir adaydır. Mutlaka ıslak laboratuvar ortamındaki deneylerle doğrulanmalıdır. Biyoenformatik analizler neticesinde binlerce, onbinlerce aday gen/molekül içerisinde 5-10 tane olası aday genler

belirlenmekte, bu sayede ıslak laboratuvarında maliyet, zaman ve emek kaybının azaltılmasına katkı sağlanabilmektedir. Islak laboratuvardan elde edilen araştırma çıktıları yeniden veri analizi çalışmalarının girdisi olmakta, bu çalışmaların çıktısı ise ıslak laboratuvar için önemli bir girdi olmakta ve verinin bu döngüsü, ilgili hastalığın tanı ve tedavisinde önemli bir işbirliği içermektedir.

Genetik veri eldesinde yaşanan gelişmeler neticesinde, herkese açık veri tabanlarında depolanan ve paylaşılan genetik veri boyutu her geçen gün artmaktadır. Mevcut veri yığınları, tekrara düşmeden, farklı zamanlarda, farklı yaklaşımlarla analiz edilerek değerli olan enfomasyona ulaşma arayışı canlı tutulmalıdır. Bu açıdan bakıldığında veri analizi neredeyse hiç bitmeyen bir süreçtir. Aynı veri setine her yeni yaklaşım, yöntem, bakış açısı, farklı bir keşfe imkan yaratabilir. NSCLC (yada başka bir hastalık) ile ilgili mikrodizi ya da diğer veri setlerini yeniden analiz etmeyi düşünen araştırmacılara öncelikle, hastalığı iyi tanımaları, hastalıkla ilişkili problemleri ve genleri iyi bilmeleri mümkünse bu alanda çalışan uzmanlarla beraber araştırmaya başlamaları önerilmektedir.

*Bu çalışma, XIII. Aziz Sancar DETAE Günleri, "Yaşam Bilimlerinde Omik Teknolojileri: Genomdan Tedaviye" Temasıyla, 21-22 Aralık 2021 tarihleri arasında düzenlenen etkinlikte yapılan TÜSEB 4590 numara ile desteklenen "Küçük Hücreli Olmayan Akciğer Kanser Veri Setlerinin Yeniden Analizi" başlıklı proje ile ilgili sunumun özetini içermektedir.*

## Kaynaklar

1. Bawa TA. Topluluk Öğrenmesi Yöntemi ile Mikrodizi Veri Analizi. İstanbul Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü yüksek lisans tezi. 2022.
2. Bawa TA, Özkan Y, Erol ÇS. Reanalysis of Non-Small-Cell Lung Cancer Microarray Gene Expression Data. Proceedings 2021; 74(1):22.
3. Bawa TA, Özkan Y, Erol Ç. Reanalysis of Non-Small Cell Lung Cancer Microarray Gene Expression Data. 7th International Management Information Systems Conference 2020 (En iyi 3. Bildiri seçilmiştir).
4. Mendoza DP, Piotrowska Z, Lennerz JK, Digumarthy SR. Role of imaging biomarkers in mutation-driven non-small cell lung cancer. World J Clin Oncol 2020;11(7):412-427.
5. Özkan Y, Erol Ç. Biyoformatik DNA Mikrodizi Veri Madenciliği. Papatya Yayıncılık. 2015
6. Özkan Y, Selçukcan Erol Ç. Kanser Biyoformatiğinde Yapay Zeka. Papatya Yayıncılık Eğitim, İstanbul: ISBN: 978-605-9594-54-7, Aralık 2018.

## [KK-04]

### Genome Editing and Single-Cell Sequencing in Preclinical Models of Acute Erythroid Leukemia

Ilaria Iacobucci<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Pathology, St. Jude Children's Research Hospital, Memphis (TN), USA

Coupling genomic discoveries to functional and translational studies is crucial to reveal mechanisms of pathogenesis and mostly important to suggest novel therapeutic targets. This approach has been fundamental for acute erythroid leukemia (AEL), a high-risk leukemia subtype characterized by uncontrolled expansion of erythroid progenitor cells. Although morphological criteria alone have failed to provide meaningful insights into leukemia biology and classification, recent genomic and transcriptomic studies (1) have shown that AEL is characterized by a distinct mutational spectrum with six age-related genomic subgroups associated with outcome. Biallelic *TP53* mutations often with concomitant mutations of chromatin regulators, transcription factors and tumor suppressors (*DNMT3A*, *BCOR*, *EZH2*, *RB1*, or *NFIX*) represent the most frequent alterations occurring in over 32% of cases.

To establish faithful models of AEL, we recently (2) used CRISPR/Cas9 genome editing of primary hematopoietic stem cells and transplant assays to induce combinatorial mutations in ten genes recurrently mutated in AEL. By multi-omic approaches, including single-cell DNA sequencing to dissect genetic heterogeneity induced by genome editing and cross species gene expression analysis, we demonstrated the importance of mutational cooperativity in specifying leukemia lineage. Concomitant editing and inactivation of *Trp53/Bcor/Dnmt3a*, or *Trp53/Bcor/Rb1/*

*Nfix* promoted the development of acute erythroid leukemia in mice. Other combination of mutations induced a B or T cell lymphoid phenotype or a mixed lymphoid-erythroid phenotype. Single-cell sequencing showed that transformation was promoted by expansion of multiple clones with the dominant one usually showing the highest number of driver mutations. Moreover, analysis of serial passages in mice showed a dynamic accumulation of mutations in signaling genes which recapitulates sequential occurrence of mutations in human AEL and confirms that mutations in signaling genes are secondary events that promote expansion of fitter clones. Gene expression analysis by transcriptome sequencing showed that AEL models were enriched in transcription factors required for differentiation of megakaryocyte-erythroid progenitors and were enriched in signatures similar to human erythroid leukemia.

Finally, these tumors provided a powerful platform for exploring therapeutic intervention with drug sensitivity associated with leukemia genotype.

In conclusions, we successfully generated genetically defined models of AEL, recapitulating the diverse mutational spectra and expression signatures identified in human AEL and providing a powerful platform for the identification and validation of new drugs for improving therapy for patients with AEL.

## References

1. Iacobucci I, Wen J, Meggendorfer M, Choi JK, Shi L, Pounds SB, et al. Genomic subtyping and therapeutic targeting of acute erythroleukemia. *Nat Genet.* 2019 Apr; 51(4): 694-704. doi: 10.1038/s41588-019-0375-1.
2. Iacobucci I, Qu C, Varotto E, Janke LJ, Yang X, Seth A, et al. Modeling and targeting of erythroleukemia by hematopoietic genome editing. *Blood.* 2021 Mar 25; 137(12): 1628-1640. doi: 10.1182/blood.2020009103.

## [KK-05]

### Mikrobiyota Analizlerinde Multi-Omik Yaklaşımlar

Muzaffer Arıkan<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Tıbbi Biyoloji Anabilim Dalı, İstanbul Medipol Üniversitesi, İstanbul, Türkiye

<sup>2</sup>Sağlık Bilim ve Teknolojileri Araştırma Enstitüsü, İstanbul Medipol Üniversitesi, İstanbul, Türkiye

## ÖZ

Mikrobiyota araştırmalarının son yıllarda hız kazanması ve uygulamaya dönük çalışmaların gittikçe artmasında özellikle omik teknolojilerinde yaşanan ilerlemelerin büyük katkısı bulunmaktadır. Günümüzde mikrobiyota analizlerinde en yaygın kullanılan omik teknolojileri; metagenomik, metatranskriptomik, metaproteomik ve metabolomik olarak sıralanabilir (1). Omik teknolojilerinin her biri tek başına da bilimsel araştırma için önemli bilgiler sunmakla birlikte bu teknolojilerin birlikte analiz edilmesi ve entegrasyonu sayesinde çok daha önemli sonuçlar elde etmek mümkün hale gelmektedir. Dolayısıyla multi-omik yaklaşımların uygulanması ve farklı omik verilerinin entegrasyonu büyük potansiyel taşıyan bir alandır (2). Multi-omik verilerinin entegrasyonu ve analizi ile ilgili son yıllarda çeşitli yaklaşımlar ve analiz akışları geliştirilmiştir. Bu yaklaşımlar genel olarak üç gruba ayrılabilir: kavramsal, istatistiksel ve model temelli entegrasyonlar (3). Kavramsal entegrasyon, farklı omik verilerinden elde edilen sonuçların bir araya getirilmesiyle bir mikrobiyota örneğinin biyolojisinin daha iyi anlaşılmasını sağlar. İstatistiksel entegrasyon, farklı omik analiz sonuçlarının kendi içinde ve birbiriyle olan istatistiksel ilişkisini incelemeyi sağlar. Model temelli entegrasyon ise farklı omik verilerini daha önce belirlenmiş bir sistem modelindeki katmanlara yerleştirerek analiz etmeyi ve bu sayede moleküler organizasyonu ve işlevsel özellikleri anlamayı hedefler. Multi-omik verilerin entegrasyonu, analizi ve görselleştirilmesi için geliştirilmiş en yaygın kullanılan programlar arasında IMPaLA (4), gNOMO (5), PaintOmics (6) ve MOFA (7) sayılabilir. Bu programların dayandığı yöntemlerin her biri farklı entegrasyon yaklaşımlarını benimser ve özel olarak belirli omik türlerinin entegrasyonu için kullanılır. Dolayısıyla

entegre multi-omik veri analizlerinde, üretilen omik verilerinin özellikleri ve hangi entegrasyon tipinin kullanılacağı dikkate alınması gereken önemli noktalardandır.

## Kaynaklar

1. Aguiar-Pulido V, Huang W, Suarez-Ulloa V, Cickovski T, Mathee K, Narasimhan G. Metagenomics, Metatranscriptomics, and Metabolomics Approaches for Microbiome Analysis. *Evol Bioinform Online* 2016;12(Suppl 1):5-16. Published 2016 May 12.
2. Segata N, Boernigen D, Tickle TL, Morgan XC, Garrett WS, Huttenhower C. Computational meta'omics for microbial community studies. *Mol Syst Biol* 2013;9:666. Published 2013 May 14.
3. Santiago-Rodriguez TM, Hollister EB. Multi 'omic data integration: A review of concepts, considerations, and approaches. *Semin Perinatol* 2021;45(6):151456.
4. Kamburov A, Cavill R, Ebbels TM, Herwig R, Keun HC. Integrated pathway-level analysis of transcriptomics and metabolomics data with IMPaLA. *Bioinformatics* 2011;27(20):2917-2918.
5. Muñoz-Benavent M, Hartkopf F, Van Den Bossche T, Piro VC, García-Ferris C, Latorre A, Renard BY, et al. gNOMO: a multi-omics pipeline for integrated host and microbiome analysis of non-model organisms. *NAR Genom Bioinform* 2020 Aug 5;2(3):lqaa058. doi: 10.1093/nargab/lqaa058. Erratum in: *NAR Genom Bioinform* 2020 Oct 09;2(4):lqaa083.
6. García-Alcalde F, García-López F, Dopazo J, Conesa A. Paintomics: a web based tool for the joint visualization of transcriptomics and metabolomics data. *Bioinformatics* 2011;27(1):137-139.
7. Argelaguet R, Velten B, Arnol D, et al. Multi-Omics Factor Analysis-a framework for unsupervised integration of multi-omics data sets. *Mol Syst Biol* 2018;14(6):e8124. Published 2018 Jun 20.

## [KK-06]

### Omik Verilerin Nörolojideki Yeri

Nihan Hande Akçakaya<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Nöroloji Anabilim Dalı, Tıp Fakültesi, Demiroğlu Bilim Üniversitesi, İstanbul, Türkiye

## ÖZ

Tüm genetik dizimizi anlatan genom her hücre tipinde farklı transkripsiyonla ifade edilip, çeşitli metabolitleri oluşturur. Aynı genetik dizinin farklı sistemlere ait hücrelerde değişen transkripsiyonuyla çeşitli metabolitler oluşmaktadır. Özellikle transkripsiyon üzerine dış etmenlerin etkisi metabolomik ve transkriptomik analizleri karmaşıktır. Sadece omik verilerin istatistiksel değişimleri tıbben bir anlam ifade etmeyebilir. Omik veriler daima klinik semiyolojik verilerle birlikte değerlendirilmelidir.

Tarihsel olarak genomik yaklaşım; 1932 yılında kromozomal düzensizlikler ve zihinsel yetmezlik ilişkisi teorisi 1959'da Down sendromlu bireylerde trizomi 21'in tanımlanması ve günümüzde 'array' bazlı yöntemlerle daha küçük kromozomal değişimlerin klinikle ilişkisinin tanımlanması şeklinde gelişmiştir. Günümüzde zihinsel yetmezlikler, dismorfizm ve konjenital anomalilerle birlikte giden tutulumların tanımlanmasında karyotip ve 'array' incelemeleri standart omik testlerdir. Tüm genom (WGS), transkribe edilen tüm genomun dizilenmesi olan tüm ekzom dizileme (WES) araştırma temelli omik yöntemlerdir. Klinik pratikte seçilmiş genlerin çalışıldığı panel dizilemeler bir grup hastalıkla ilişkili varyantların araştırıldığı omik olmayan yaklaşımlardır. Ancak tanısız olarak klinikte yaygınlaşması gerekmektedir.

Nörogenetik tanıda en ayrıntılı genomik yaklaşım olarak genom trio ile her zaman tanı mümkün olmamaktadır. Tekrar dizisi hastalıkları gibi pek çok farklı genetik mekanizma dizilemeyle saptanamaz. Böyle durumlarda genetik patolojiye uygun çalışma seçilmelidir. Genomik testlerle saptanamayan ya da gözden kaçabilen diğer durum mozaiklidir. Kandan yapılan dizilemede kısmen mevcut olan varyantı bulmak olasıdır. Ancak mozaiklik açısından asıl bakılması gereken sinir dokusudur. Mutasyonun kandan belirlenememiş olması klinisyeni tanıdan uzaklaştırmamalıdır. Beyin omurilik sıvısında hücreden bağımsız DNA elde edilmesi gibi yöntemler ya da post mortem çalışmalar yapılmalıdır.

Metabolom fenotipe en yakın omik yaklaşımdır. Kütle/mass spektrometrisi (MS) tek ölçümde yüzlerce metabolitin tespiti, niceliği ve yapısını aydınlatan hassas bir yöntemdir. "Tandem MS" testi belirli metabolik hastalıkların tanısında rutin kullanılmaktadır. Yeni hastalık düşünüldüğü durumlarda araştırma amaçlı MS çalışmasıyla etkilenen dokudan, etkilendiği ön görülen moleküle yönelik araştırma genişletilebilir.

Transkriptom dinamik bir yaklaşımdır. Farklı dokularda, farklı yaş ve zamanda, yükseklik, beslenme gibi çevresel faktörlerden direkt etkilenir. Değişkenlerden direkt etkilenmesi nedeniyle in vitro ya da in vivo çalışmalarda optimize olarak çalışılmasıyla transkriptomik değişimler anlamlandırılabilir. Kandan yapılacak bir transkriptom çalışmasının beyin ya da başka doku için anlamlı sonuç verme ihtimali düşüktür. Nöroloji pratiğinde henüz yeri olmamakla birlikte metabolomun önceki basamağı olması nedeniyle gelecekte tedaviye dönük büyük önem kazanacağı öngörülebilir.

### Kaynaklar

1. Wright CF, FitzPatrick DR, Firth HV. Paediatric genomics: diagnosing rare disease in children [published correction appears in Nat Rev Genet. 2018 Feb 19;]. Nat Rev Genet 2018; 19(5): 253-268.
2. Allen G, Benda CE, Böök JA, Carter CO, Ford CE, Chu EH, et al. Mongolism. American Journal of Human Genetics 1961; 13(4): 426.
3. Alseekh S, Aharoni A, Brotman Y, Contrepolis K, D'Auria J, Ewald J, et al. Mass spectrometry-based metabolomics: a guide for annotation, quantification and best reporting practices. Nat Methods 2021; 18: 747-756 .
4. Karczewski KJ, Snyder MP. Integrative omics for health and disease. Nat Rev Genet 2018; 19(5): 299-310.
5. Cerebrospinal fluid liquid biopsy for detecting somatic mosaicism in brain [published correction appears in Brain Commun. 2021 Jun 17; 3(2): fcab103]. Brain Commun 2021; 3(1): fcaa235.

## [KK-07]

### "Büyük Veri" ve Biyobanka Süreçleri

Özkan Özdemir<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Genom Çalışmaları Anabilim Dalı, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Acıbadem Üniversitesi, İstanbul, Türkiye

### ÖZ

Günümüzdeki teknolojik ilerlemeye bağlı olarak gelişen büyük veri konsepti, biyolojik ve tıbbi araştırmalarda giderek daha fazla yer almaya başlamıştır. Buna bağlı olarak yüksek çıktılı veri ile ilgili tanı ve araştırma süreçlerinde materyal ve veri güvenliği, kalitesi, kişiselliği ve bu süreçlerin hukuki altyapısı giderek önem kazanmaya başlayan darboğazlar olarak öne çıkmaktadır. Belirli bir popülasyona veya belirli bir temaya özel olarak, düzenli bir sistem çerçevesinde toplanmış biyolojik numuneleri ve bunlarla ilişkili verileri kapsayan birimler olan biyobankalar günümüzde yüksek kalitede ve büyüklükte araştırma ve geliştirme faaliyetlerini gerçekleştirebilmek adına en önemli bileşenlerden biridir. Bu kapsamda toplanan biyolojik numuneler, verilerin tutulması, işlenmesi ve dağıtımında biyobanka dahilinde gerçekleşen süreçler ayrıca önem arz etmektedir. Konuşma dahilinde biyobanka birimlerinde biyolojik örneklemere yaklaşım ve analitik süreçler ile ilgili güncel bilgiler paylaşılacaktır.