



Veteriner Farmakoloji ve Toksikoloji Derneği Bülteni

Bulletin of Veterinary Pharmacology and Toxicology Association

e-ISSN: 2667-8381

Afşin KOCAKAYA ^{1,2,a*}
Bengi ÇINAR KUL ^{3,b}

¹Ankara Üniversitesi, Veteriner Fakültesi,
Zootehni Anabilim Dalı, Ankara

²Ankara Üniversitesi, Sağlık Bilimleri
Enstitüsü, Genetik Anabilim Dalı,
Ankara

³Ankara Üniversitesi, Veteriner Fakültesi,
Genetik Anabilim Dalı, Ankara

ORCID^a: 0000-0003-2023-8895

ORCID^b: 0000-0002-8955-0097

*Sorumlu Yazar: Afşin KOCAKAYA
E-Posta: akocakaya@ankara.edu.tr

Geliş Tarihi: 12.09.2024

Kabul Tarihi: 24.06.2024

15 (1): 77-85, 2024

DOI: 10.38137/vftd.1435396

Makale atf

Kocakaya, A. ve Çınar Kul, B. (2024). Yeni çağda omik bilimler ve hayvan yetiştiriciliği, Veteriner Farmakoloji ve Toksikoloji Derneği Bülteni, 15 (2), 77-85. DOI: 10.38137/vftd.1435396.

YENİÇAĞDA OMİK BİLİMLER VE HAYVAN YETİŞTİRİCİLİĞİ

ÖZET. Teknolojik gelişmelerin sonucunda ortaya çıkan OMİK bilimleri, biyolojik sistemlerin yapı ve işlevselliğinin büyük ölçekli veriler aracılığıyla araştırılmasına ve analiz edilmesine olanak sağlamaktadır. Genomik, transkriptomik, proteomik ve metabolomik bilimleri içeren omik bilimleri, hiyerarşik olarak aşağıdan yukarıya bir yaklaşım kullanarak biyolojik sistemlerin incelenmesine ve analizine olanak tanır. Genetik ve hayvan ıslahındaki ilerlemeler, genomik bilginin çeşitli seleksiyon süreçlerinde kullanılmasını kolaylaştırmıştır. Ayrıca, teknik gelişmelerin kullanılması ile çok miktarda verinin verimli bir şekilde ele alınması ve analiz edilmesi, hayvancılık işletmeleri ve çiftçilerin karşılaştıkları zorlukları yönetmelerine yardımcı olmak açısından önemlidir. Bu özel çerçevede içerisinde, kapsamlı veya karmaşık ölçüm araçlarının kullanılmasının bir sonucu olarak yeni fenotipler ortaya çıkmaktadır. Hayvan ıslahında yeni karakterlerin biyolojik kökenleri ve genetik yapısı hakkında bilgi edinmek, hayvancılığın uzun vadeli sürdürülebilirliği için önem arz etmektedir. OMİK bilimleri, yeni fenotiplere öncelik vererek ve hayvan refahıyla uyumlu sürdürülebilir yetiştirme uygulamalarını teşvik etmede önemli bir rol üstlenerek iklimde değişikliklerin meydana geldiği bu yeni çağda hayvan yetiştirmedeki zorlukları çözmeye yardımcı olmaktadır. Bu derleme, OMİK bilimlerine ve potansiyel uygulamalarına genel bakış sunmayı amaçlamaktadır.

Anahtar Kelimeler: Hassas hayvancılık, hayvan ıslahı, hayvan refahı, OMİK bilimler, sürdürülebilir hayvancılık.

OMIC SCIENCES IN THE NEW AGE AND ANIMAL BREEDING

ABSTRACT. Technological developments have enabled OMIC sciences to investigate and analyze the structure and functionality of biological systems through large-scale data. Omics sciences, which include genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics, enable the study and analysis of biological systems using a hierarchically bottom-up approach. Advances in genetics and animal breeding have facilitated the use of genomic information in various selection processes. Additionally, handling and analyzing large amounts of data efficiently using technical advances is essential to help livestock enterprises and farmers manage their challenges. Within this particular framework, new phenotypes emerge as a result of the use of extensive or complex measurement tools. Obtaining information about the biological origins and genetic structure of new characters in animal breeding is important for the long-term sustainability of animal breeding. OMIC sciences provide the capacity to solve the challenges of animal breeding in this new age of climate change by prioritizing new phenotypes and playing a key role in promoting sustainable breeding practices compatible with animal welfare. This review aims to provide an overview of OMICS and their potential applications.

Keywords: *Legionella pneumophila*, Legionnaires' disease, tap water, water pollution.

Giriş

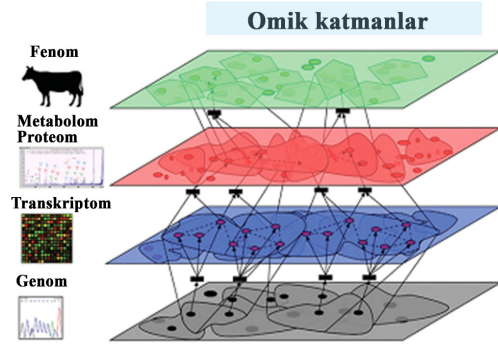
Teknolojinin ve özellikle bilgisayar biliminin gelişmesi sonucunda büyük verilerle çalışılabilir olanağı ortaya çıkmış ve beraberinde genetik biliminde gelişmelere yol açmıştır (Şekil 1). Bu gelişmeler genom, proteom, transkriptom ve matabolom gibi çalışma alanlarını ortaya çıkarmıştır (Vailati-Riboni ve ark., 2017). Genetik ve hayvan yetiştiriciliği alanlarında meydana gelen gelişmeler ile de seleksiyonda kullanılan genomik bilgi için birçok uygulama alanı ortaya çıkmıştır (Özbeyaz ve Kocakaya, 2011; Pérez-Enciso ve Steibel, 2021). Bu uygulamalar genellikle yüksek verimli DNA dizilime ve genotipleme teknolojilerinden köken almaktadır (Pérez-Enciso ve Steibel, 2021).



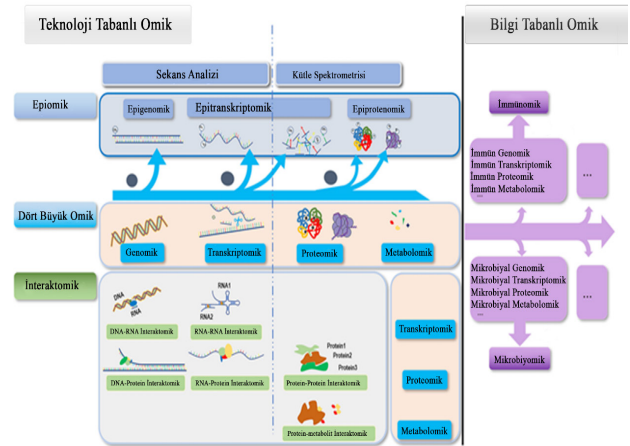
Şekil 1. Genetikle ilgili farklı disiplinlerin tarihsel diyagramı (Robert, 2008'den uyarlanmıştır)

Büyük verilerle çalışılabilir imkânının sağlanması ile biyolojik bütün bir sistemin belirli bir düzeyde yapısını ve işlevini temsil eden büyük miktarda veriyi araştırma ve analiz etme olanağı sağlayan bir alan olan OMİK (OMICS) bilimleri ortaya çıkmıştır (Houle, 2007; Vailati-Riboni ve ark., 2017; Dai ve Shen, 2022; Wikipedia, 2023; Omics, 2024) OMİK bilimlerin başta dört büyük omik bilimi olmak üzere genomik, transkriptomik, proteomik, metabolomik sırasıyla hiyerarşik bir düzende (Şekil 2) aşağıdan yukarıya sıralanırlar. Ayrıca omik bilimlerin epigenomik, epitranskriptomik, epiprotenomik, interaktomik, immünomik, mikrobiyomik (metagenomik), nutrigenomik, lipidomik, farmakogenomik ve fenomik gibi çalışma alanları vardır (Şekil 3) (Vailati-Riboni ve ark., 2017; Subedi ve ark., 2022; Dai ve Shen, 2022;

Sukhija ve ark., 2023; Wikipedia, 2023; Omics, 2024; RD-Connect, 2024).



Şekil 2. Sistem biyolojisi yaklaşımındaki omik kademeli dizisi, belirli bir fenotipin çeşitli biyolojik bilgi seviyelerini birbirine bağlamaktadır (Seidel ve ark., 2020'dan uyarlanmıştır).



Şekil 3. Omiklerin hiyerarşisi üzerine kavramsal bir örnek (Dai ve Shen, 2022'den uyarlanmıştır).

Son yirmi yılda başta genomik çalışmalar olmak üzere ortaya çıkan bu teknolojiler, hayvan popülasyonlarının ıslahını kolaylaştırarak sürdürülebilir tarım ve hayvancılık sistemleri geliştirmenin yolunu açmıştır (Özbeyaz ve Kocakaya, 2011; Rexroad ve ark., 2019; Nye ve ark., 2020; Wu ve ark., 2023). Sürdürülebilir hayvancılığın devam ettirilebilmesi için türe özgü genomik araçların ve kaynakların daha da geliştirilmesi,

bunların kullanımlarının yaygınlaştırılması gerekmektedir (Pérez-Enciso ve Steibel, 2021).

Omik bilimler, biyoloji alanında önemli bir yeni teknoloji olarak hızla gelişmektedir. Bu derlemede gelişmekte olan bu Omik bilimler ve hayvan yetiştiriciliği biliminde kullanılabilecek olanlar hakkında kısa bilgiler verilmesi amaçlanmaktadır.

Omik teknolojilerini teknoloji ve bilgi tabanlı olmak üzere iki kategoriye ayırıyoruz. Teknoloji tabanlı omikler, “dört büyük omik” (genomik, transkriptomik, proteomik ve metabolomik), epiomik (epigenomik, epitranskriptomik ve epiproteomik) ve bunların etkileşimini (DNA-RNA etkileşimi, RNA-RNA etkileşimi, DNA-protein etkileşimi, RNA- protein etkileşimi, protein-protein etkileşimi ve protein-metabolit etkileşimi) olmak üzere üç gruba ayrılabilen “merkezi dogmayı” anlamak için geliştirilen teknolojilere dayanmaktadır. Her bir interaktomik terimin yatay (üstte) ve dikey (sağda) pembe kutuları ile gösterilen OMICS, iki etkileşimli OMICS’i oluşturur. Bilgiye dayalı OMICS, birden fazla OMICS bilgisini entegre ederek belirli bir bilgi alanını sistematik bir şekilde anlamak için geliştirilmiştir. Bu kategoriye örnek olarak immünomik, mikrobiyomik ve ötesi verilebilir.

Omik Bilimler Nelerdir?

OMİK terimi, belirli bir biyolojik sistemin, belirli bir düzeydeki tüm yapısını ve işlevini temsil eden çok miktardaki verinin (Big Data) kapsamlı analizini ifade eder. Bu yaklaşım, biyolojik sistemleri araştırmaya yönelik yöntemleri büyük ölçüde etkilemiştir. Genellikle omik’in geliştirilmesinde kullanılan “yukarıdan aşağıya” yaklaşımının “aşağıdan yukarıya” metodolojilerle entegrasyonu, biyolojik sistemlerin verimli bir şekilde araştırılması için eksiksiz bir araç sunmaktadır. Örneğin kanser gibi karmaşık bozuklukların anlaşılması, kanserli ve sağlıklı hücreler arasındaki basit bir ayırmadan yavaş ve sınırlı bir şekilde karmaşık sistemlerin kapsamlı bir analizine doğru ilerlemiştir. Bu analiz, genomik, transkriptomik, proteomik ve metabolomik seviyelerde çok sayıda modifikasyon katmanının küresel ve tarafsız bir şekilde incelenmesini içermektedir (Yan ve ark., 2018; Dalal ve ark., 2020; Dai ve Shen, 2022).

Çeşitli araştırmalar sonucunda, ilk yüksek verimli cihaz olan DNA mikrodizilerinin ortaya çıkışından bu yana, omik araştırmaları için hızla yöntemler oluşturulmuştur. Sentral dogmayı takiben omik

teknolojileri, statik genomik değişiklikleri, zamansal transkriptomik bozulmaları, alternatif birleştirmenin yanı sıra uzay-zamansal proteomik dinamikleri ve post-translasyonel modifikasyonları (PTM) yakalamak için kullanılmışlardır. Ayrıca omik teknolojilerin, epigenom, epitranskriptom ve epiproteomu kapsayacak şekilde epigenetik düzeyde çeşitli omikleri araştırmak için kapsamını genişletilmiştir. Bu terimler, ilgili omiklerin tek bir hücrede sağladıkları bilgilerin ötesine geçen tüm modifikasyonlarını ifade etmektedir. Dahası, omik teknolojileri, interaktomun farklı seviyelerindeki moleküler etkileşimlerin yanı sıra metabolom ve immünom gibi hastalıkla bağlantılı özelliklerin incelenmesine de olanak tanımaktadırlar. Çoklu omiklerin entegrasyonu, spesifik bir hastalığın moleküler imzası ve fenotipik ifadeleri arasında kapsamlı bir neden-sonuç ilişkisi kurmada baskın bir eğilim haline gelmektedir. Tek hücre dizilimi ekstra hassasiyet sağlayarak tek hücre düzeyinde incelemelere olanak tanımaktadır. Hızla ilerleyen ve genişleyen omik disiplini, bize birçok düzensiz özelliğin ve bunların fenotipik tezahürlerinin altında yatan karmaşık moleküler yolları yöntemli ve doğru bir şekilde keşfetme yeteneğini vermiştir. Bununla birlikte, hücresel aktivitenin karmaşık doğası ve karar verme mekanizması, yeni omiklerin ve ilgili yaklaşımların gelişimini sürekli olarak teşvik etmektedir (Dai ve Shen, 2022).

Her ne kadar gerçeğe bir dereceye kadar yaklaşıyor olsak da hücresel omiklere ilişkin artan bilgi, hücrelerin karmaşık işleyişine dair anlayışımızı sürekli olarak değiştirmektedir. Bu, hücresel patolojik durumların yeniden düzenlenmesini tamamen kontrol altına alınması hedefine ulaşılmasını güçleştirmektedir. Bu nedenle, gelecekteki olasılıkları tahmin etmek ve hedefi hızlandırmak için omiklerdeki ilerlemeyi ve devam eden araştırmaları kapsamlı bir şekilde değerlendirmek gerekmektedir (Şekil 3) (Dai ve Shen, 2022).

OMİK Bilimlerin Sınıflandırılması Teknoloji Tabanlı Omik Bilimler

Sekans analizi ve kütle spektrometrisi (MS), belirli bir biyolojik sistemin omiklerini araştırmak için kullanılan temel deneysel tekniklerdir. Sekans analizine dayalı yöntemler, DNA ve RNA içeren genom, transkriptom, epitom ve interaktomun araştırılması için uygundur. MS tabanlı teknikler ise DNA veya RNA içermeyen proteom, metabolom ve interaktomları incelemektedir (Dai ve Shen, 2022).

Sekans Analizine Bağlı Omik Bilimler

Genomik

Genomun yapısını, işlevini, evrimini, haritalanmasını, biyolojisinin altında yatan düzenlemeyi ve bireyler arasındaki farklılıkları moleküler düzeyde araştıran bilim dalıdır (Yan ve ark., 2018; Dalal ve ark., 2020; Dai ve Shen, 2022; wikipedia, 2023; Omics, 2024).

Transkriptomik

Transkriptom, bir hücre veya hücre grubu içinde aktif olarak sentezlenen tüm RNA moleküllerinin toplamını ifade eder. Bunlar, haberci RNA (mRNA), mikroRNA'lar (miRNA'lar), uzun kodlamayan RNA'lar (lncRNA'lar) ve dairesel RNA'lar (circRNA'lar) da dâhil olmak üzere birçok RNA kategorisini içermektedir. Hücresel gelişim hem iç hem de dış uyaranlara yanıt olarak gen ekspresyon yollarındaki periyodik değişiklikleri ortaya çıkarır (Yan ve ark., 2018; Dalal ve ark., 2020; Dai ve Shen, 2022; Wikipedia, 2023).

Transkriptomik, belirli bir zaman dilimi boyunca belirli bir genomdan üretilen RNA moleküllerini tanımlamak ve ölçmek için kullanılan birçok tekniği kapsar. Bu teknikler, tüm transkriptomun sekansını içeren RNA dizisini ve DNA mikrodizi teknolojisini içerir. Bu yaklaşımlar, hücre grupları veya belirli hücre tipleri üzerinde çalışabilir ve gen ifadesinin önemini aydınlatırlar. Transkriptomik teknolojileri bir organizmanın tüm transkriptomunu inceler. Transkripsiyon, organizmanın genomunda bulunan DNA'da depolanan bilgiyi RNA'ya dönüştürür. Transkriptom, hücredeki anlık gen ifadesini ve hücresel süreçleri yansıtmaktadır (Yan ve ark., 2018; Dalal ve ark., 2020; Dai ve Shen, 2022; Wikipedia, 2023).

Moleküler biyoloji alanındaki en önemli zorluk, tek bir genomun çok çeşitli hücre tiplerini ürettiği mekanizmayı anlamaktır. Dahası, araştırmacılar gen ifadesinin kontrolünü anlama ve aktif biyolojik süreçleri ayırt etme konusunda engellerle karşılaşmaktadır. Transkriptom ve transkriptomik, gen ekspresyonunu ve hücresel kontrolleri anlamak için çok etkili tekniklerdir. Bu disiplin, moleküler biyoloji ve tıbbi çalışmalar alanlarında gen ekspresyonu kontrollerinin ve hücresel süreçlerin anlaşılmasında çok önemli bir rol oynamaktadır (Yan ve ark., 2018; Dalal ve ark., 2020; Dai ve Shen, 2022; Wikipedia, 2023).

Epigenomik

Epigenomik, gen transkripsiyonu için önemli bir düzenleyici mekanizma görevi görerek, genetik dizileri değiştirmeden meydana gelen gen aktivitesinin kontrolündeki tüm değişiklikleri aydınlatır (Yan ve ark., 2018; Dalal ve ark., 2020; Dai ve Shen, 2022; Sukhija ve ark., 2023; Wikipedia, 2023; Omics, 2024). Epigenomik, genetik bilginin yanı sıra genetik bilgiyi ortaya çıkarmak için tüm genomdaki epigenetik değişikliklerin kapsamlı analiziyle ilgilenir (Yan ve ark., 2018). Süreç, DNA molekülleri arasındaki etkileşimleri de içeren kromatin organizasyonunun daha yüksek düzeyde analiz edilmesini gerektirir. Ayrıca Histonlarda, DNA ve RNA'da meydana gelen değişikliklerin incelenmesini de gerektirmektedir (Yan ve ark., 2018; Dai ve Shen, 2022; Sukhija ve ark., 2023).

Epitranskriptomik

Deneysel ölçümlerle elde edilen protein seviyeleri çoğu zaman mevcut mRNA miktarıyla doğrudan bir korelasyon göstermez. Bu, protein sentezinde bir mRNA molekülünün kullanımını ve etkinliğini belirleyen tamamlayıcı düzenleyici mekanizmaların varlığına işaret eder. Bireysel mRNA yapı taşlarının kimyasal olarak değiştirilmesi, mRNA seviyesinde protein oluşumunun hassas kontrolünü sağlayan bir yöntemdir. Epitranskriptomik, RNA değişikliklerinin rolünü araştıran gelişmekte olan bir çalışma alanıdır (Stamp ve ark., 2018). Epitranskriptomik, RNA modifikasyonunun mRNA'daki değiştirilmiş nükleotidlere odaklandığı gen ifadesinin düzenlenmesinde RNA yapısının ve modifikasyonların rolünü aydınlatmayı amaçlamaktadır (Dai ve Shen, 2022; Stamp ve ark., 2018).

İnteraktomik

İnteraktomik, hücre içindeki proteinler ve diğer moleküller arasındaki etkileşimleri ve bu etkileşimlerin sonuçlarını araştırmak için biyoinformatik ve biyolojiyi birleştiren disiplinler arası bir alandır. İnteraktomik, türler arasında ve türler içinde interaktomlar olarak bilinen bağlantı ağlarını analiz ederek bu ağların özelliklerini nasıl koruduğunu veya değiştirdiğini belirler. İnteraktomik, sistem biyolojisindeki, bir biyosistem veya organizmaya kapsamlı bir bakış açısı sağlayan "yukarıdan

aşağıya” yaklaşımın örneğini oluşturur. Genom çapında ve proteomik verilerden oluşan kapsamlı koleksiyonlar toplanır ve çeşitli moleküller arasındaki ilişkiler ortaya çıkarılır. Veriler, bu moleküller arasındaki karşılıklı etkileşime ilişkin yeni fikirlerin formüle edilmesine yol açar. Bu hipotezleri test etmek için daha sonra deneyler yapılabilir. Kısaca interaktomik araştırma, genler, proteinler veya protein-ligand etkileşimleri arasındaki etkileşimlerin büyük ölçekte kapsamlı analizini ifade eder (Dai ve Shen, 2022; Wikipedia, 2023).

İnteraktomikler DNA-RNA İnteraktomik, RNA-RNA İnteraktomik, DNA-Protein İnteraktomik, RNA-Protein İnteraktomik şeklinde incelenebilirler (Dai ve Shen, 2022).

MS (Kütle Spektrometrisi) Tabanlı Omik Bilimler

Proteomik

Proteom, bir organizma veya sistem tarafından sentezlenen veya değiştirilen ve genetik ve çevresel etkilere bağlı olarak varyasyona maruz kalan proteinlerin tüm koleksiyonunu ifade eder (Yan ve ark., 2018). Proteomik, bir hücre, doku veya organizmada ifade edilen tüm proteinlerin fonksiyonel öneminin incelenmesidir. Bilginin nasıl iletildiğini anlamak için protein sinyali incelenir. Proteinlerin biyolojik fonksiyonların çoğundan sorumlu olduğu göz önüne alındığında, özellikle kanser gelişimi ortamında, hücreler farklılaştıkça proteomdaki değişikliklerin doğru bir şekilde değerlendirilmesi önem arz etmektedir, işte bu değerlendirme proteomik çalışmalarının konusunu oluşturmaktadır (Yan ve ark., 2018; Dalal ve ark., 2020; Dai ve Shen, 2022; Sukhija ve ark., 2023; Wikipedia, 2023; Omics, 2024).

Metabolomik

Metabolom terimi, tek bir organizmadan elde edilen biyolojik bir numunede (hücreler, biyolojik sıvılar, dokular veya organizmalar) bulunacak küçük moleküllü metabolitleri (50-1500 Da), küçük moleküllü substratları, ara ürünleri ve hücre metabolizmasının ürünlerini içeren kimyasal süreçlerin tamamını kapsar. Metabolomik, biyolojik sistemlerin patojenik uyarılara veya genetik değişime karşı dinamik ve çok parametrelilik metabolik tepkisini niceliksel olarak ölçme sürecidir. Spesifik olarak metabolomik, “belirli hücresel süreçlerin geride bıraktığı benzersiz kimyasal parmak izlerinin sistematik çalışmasıdır”, bunların küçük moleküllü metabolit

profillerinin incelenmesidir (Yan ve ark., 2018; Dalal ve ark., 2020; Dai ve Shen, 2022; Sukhija ve ark., 2023; Wikipedia, 2023).

Metabolomikte üretilen veriler genellikle farklı ortamlardaki hastalar (bireyler) üzerinde gerçekleştirilen ölçümleri içerir; bunlar sayısallaştırılmış spektrumları veya metabolit seviyelerinin bir derlemesini içerebilir (Yan ve ark., 2018).

Hayvan yetiştiriciliğine uygulanan metabolomikler, karakter tanımını iyileştirmek ve dolayısıyla yenilikçi ıslah değeri/damızlık değer tahminleri oluşturmak için ihtiyaç duyulan fenotipler yaklaşımının bir sonraki neslinin temel taşı olabilecektir (Fontanesi, 2016). Yeni ve geleneksel özelliklerin biyolojik arka planı ve genetik mimarisi hakkındaki bilgi, metabolomik bilgiler kullanılarak genişletilebilir, böylece hayvan yetiştiriciliğinde yeni uygulamalar için fırsatlar açılabilir (Seidel ve ark., 2020)

Epitranskriptomik

Sekans analizine dayalı tespit yöntemlerine ek olarak, RNA modifikasyonu da sıvı kromatografi-tandem kütle spektrometrisi (LC-MS/MS) kullanılarak incelenebilir. Bu yaklaşımlarda ya tam RNA ya da saf mRNA, enzimatik olarak tek tek nükleotidlere hidrolize edilir. Daha sonra numuneyi analiz etmek için sıvı kromatografi-tandem kütle spektrometrisi kullanılır. Numunenin kütle spektrometresi zirvelerini bilinen standartlarla karşılaştırarak mevcut tüm RNA modifikasyonlarını ve bunların ne kadar yaygın olduğunu bulmak ve ölçmek mümkündür. Bu yaklaşımlar kantitatif yaklaşımlar olmasına ve araştırmalar arasında benzer bulgular sağlanmasına rağmen, önemli girdi örneklerine ihtiyaç duymaktadırlar, kap nükleotidler gibi düşük miktardaki nükleotidleri tanımlamak için pratik değildirler ve modifikasyonların belirli bölgeleri hakkında bilgi sunamazlar (Dai ve Shen, 2022).

Epiproteomik

Epiproteom hem histon hem de histon olmayan proteinlerde meydana gelen translasyon sonrası modifikasyonları (PTM) kapsar. Bu, protein fosforilasyonu, metilasyon, asetilasyon, ubikitinasyon ve SUMOilasyon gibi modifikasyonların yanı sıra laktilasyon ve süksinilasyon gibi yakın zamanda tanımlanmış modifikasyonları da içermektedir. Histonlar, proteinler ve DNA arasındaki etkileşimde çok önemli bir rol oynar ve epigenomun

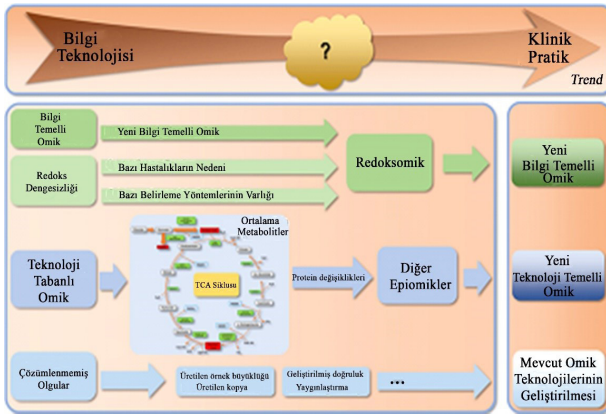
şekillendirilmesi için gereklidir. Histon olmayan proteinler ise sinyallerin iletilmesinde ve genetik bilginin hücrel işlevlere dönüştürülmesinde rol oynar. Farklı epiproteom türleri, epigenetik düzenlemelerin merkezi dogma ve hücre davranışıyla ilgili önemli olayları nasıl etkilediğine dair değerli bilgiler sağlar. Bu epiproteomlar proteinleri çeşitli epiproteomik barkodlarla işaretler (Dai ve Shen, 2022).

İnteraktomik

MS tabanlı omiklerde de Protein-Protein ve Protein-Metabolit İnteraktomikler de bulunmaktadır.

Bilgi Tabanlı Omik Bilimler

Omik terimi sadece deneysel ve hesaplamalı yöntemleri değil aynı zamanda belirli bir çalışma alanı dâhilinde birçok moleküler bilgi türünün entegrasyonunda içerecek şekilde gelişmiştir. Bu paradigma değişimi, immünomik ve mikrobiyomik gibi omik alanların ortaya çıkmasıyla sonuçlanmıştır (Şekil 4) (Dai ve Shen, 2022).



Şekil 4. OMİK teknoloji geliştirmede gelecekteki eğilime ilişkin kavramsal örnek.

İmmünomik

İmmünomik kelimesi ilk olarak 2001 yılında genomlardan, proteomikten ve transkriptomiklerden elde edilen verileri birleştirerek immünojenoloji çalışma sürecini tanımlamak için kullanıldı. Nihai amaç, moleküler immünojenolojinin bulgularını klinik ortamda uygulamaktır. İmmünom, konağın bağışıklık sistemi ile etkileşime giren antijenlerin veya epitoplarnın toplanmasını ifade eder. İmmünomik, aşı tasarımı ve antijen tanımlama yaklaşımlarını temelden dönüştürme potansiyeliyle hastalık teşhisini, tedavisini ve önlenmesini geliştirmek için kullanılmaktadır (Yan ve ark., 2018; Dai ve Shen, 2022).

Mikrobiyomik (Metagenomik)

Mikrobiyomik, bir mikroorganizma topluluğunun bileşimine, davranışına ve değişikliklerine katkıda bulunan moleküllerin analiz edilmesi ve ölçülmesine yönelik bilimsel bir çalışmadır. Bu, genomik, transkriptomik, proteomik ve metabolomik gibi çeşitli bilgi türlerinin birleştirilmesiyle yapılır. Amaç, mikrobiyom olarak bilinen belirli bir ortamdaki tüm mikroorganizma koleksiyonunu inceleyerek bu mikroorganizmaların hastalıklarda oynadığı rolü anlamaktır (Dai ve Shen, 2022). 2008 yılında insan mikrobiyomu projesi (<http://commonfund.nih.gov/hmp/index>) aracılığıyla ortaya çıkan insan mikrobiyomu, insan vücudunda yaşayan ve konakçılarıyla etkileşime giren birçok mikroorganizmadan oluşur. Kemirgenlerin mikrobiyomları üzerine yapılan çalışmalar, mikrobiyomlar ile insan hastalıkları arasındaki güçlü bağlantılara dair ikna edici kanıtlar sağlamıştır. Mikrobiyomlar, insanlarla bir arada yaşayan toplulukları araştırma ve etkileme konusundaki olağanüstü kapasitelerini sergileyerek, insan hastalıklarına ilişkin değerli bilgiler sunabilecektir (Dai ve Shen, 2022; Wikipedia, 2023).

Omik teknolojilerinin gelişim yollarıyla ilgili üç eğilim vardır. İlk görev kategorisi, mevcut OMİK tekniklerinde var olan teknik sorunları çözmektir. İkinci eğilim, çeşitli ara metabolitler tarafından yapılan modifikasyonlardan türetilen yeni omik türlerinin, özellikle de yeni epimiklerin tanımlanmasıdır. İnsan hastalık yönetimi ile ilgili olarak çeşitli seviyelerde hücre homeostazının önemine dair artan anlayışla, immünomik ve mikrobiyomik tarafından gösterildiği gibi omik veri entegrasyonu yoluyla sistematik bir açıdan belirli bir bilgi alanına girme eğilimi vardır. Bu eğilimde, hücreleri sağlıklı durumda tutmada redoks homeostazının kritik rolleri ve kanserler de dahil olmak üzere çeşitli hastalıkların patogenezi göz önüne alındığında, “redoksomik” i yeni ortaya çıkan bir bilgi tabanlı omik türü olarak önerilmektedir (Dai ve Shen, 2022’den uyarlanmıştır).

Diğer Omik Bilimler Nutrigenomik

Nutrigenomik, diyetdeki besinler ile transkripsiyon faktörlerini, RNA ve protein ekspresyonunu, hücrel homeostazi ve metabolit sentezini düzenlemekten sorumlu genler arasındaki etkileşimlerin teorik bir incelemesidir. Nutrigenomik alanında besinler, hücrel sensör sistemini yöneten, dolayısıyla genlerin ve proteinlerin ekspresyonunu ve dolayısıyla metabolitlerin

üretimini etkileyen diyet sinyalleri olarak görülmektedir (Sukhija ve ark., 2023).

Fenomik

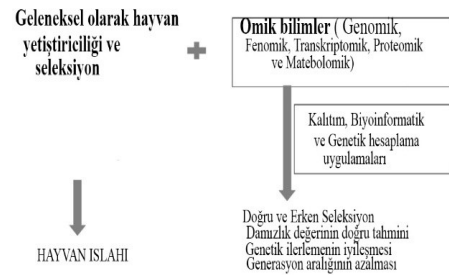
FENOMİK terimi, kısaca fenotipin (fenomun) genetik mutasyona ve çevresel etkilere karşı verdiği yanıtın ölçümünü tanımlar (Akçapınar ve Ünal, 2005; Yan ve ark., 2018; Jin, 2021; McCoy ve ark., 2023; Phenomics, 2024). Fenomik'in temel amaçlarından biri, bir organizmanın fiziksel ve biyolojik özelliklerini içeren fenotipi kapsamlı ve hızlı bir şekilde karakterize etmektir (David Houle ve ark., 2010; Jin, 2021; Tills ve ark., 2023; Phenomics, 2024). Bu biyolojik özellikler genlerin, epigenetik'in, mikroorganizmaların, gıdanın ve çevresel etkilerin karmaşık etkileşimlerinden kaynaklanan bireylerin ve popülasyonların fiziksel, kimyasal ve biyolojik özellikleri de dâhil olmak üzere bir dizi kantitatif karakterdir (Jin, 2021). Fenomik, bir organizmanın çeşitli boyutlardaki özelliklerine ilişkin büyük miktarlardaki fenotipik verilerinin, ucuz ve kolay bir şekilde toplanabilmesine, analizine ve kullanılmasına imkân veren teknolojilerin uygulanmasını sağlayan yöntemler ile araçları kapsayan bir bilim alanıdır (David Houle ve ark., 2010; Mrode ve ark., 2020). Fenomik, doğru ve tekrarlanabilir özellik ölçümü veya fenotipleme, hassas hayvancılık yönetimi ve genetik iyileştirmenin merkezinde yer almaktadır (Greenwood ve ark., 2016).

Sonuç

Değişen iklim şartları nedeniyle hayvancılık işletmeleri ve çiftçiler, tüm üretim sisteminin sürdürülebilirliği ile ilgili çeşitli zorluklarla karşı karşıya kalmışlardır. Bu zorluklar, hayvancılığın çevre ve iklim üzerindeki etkisini, genetik çeşitlilik dâhil olmak üzere doğal kaynakların ve yem kıtlığının artması endişesini, hayvan refahı ve sağlığı ile ilgili endişeleri ve anti mikrobiyal direnci içerir. Yetiştiricilerin ve hayvanların bu zorlukların üstesinden gelebilmesi için iyi genotipler ve sağlam konstitütüsyonlu fenotiplerin mevcudiyeti önem arz etmektedir. Teknolojik gelişmeler ve yüksek miktarda verinin mevcudiyeti ve işlenmesi bu bağlamda kilit rol oynamaktadır. Yeni fenotipler, büyük ölçekli veya gelişmiş ölçüm teknolojilerine dayanmaktadır. Sensör kayıtları, çok çeşitli özellikler (örneğin, metan emisyonları, rumen mikrobiyom karakterizasyonu, süt örneklerinden elde edilen orta kızılötesi spektrumlar ve davranış özellikleri) için giderek daha önemli bir rol

oynamaktadır (Chang ve ark., 2020; Seidel ve ark., 2020; Vieira Ventura ve ark., 2020).

Modern yetiştirme programları, mümkün olan en iyi hayvan sağlığı ve refahı standartları ve minimum çevresel etki gibi çeşitli kısıtlamalar altında üretimde optimum verimlilik elde etmeyi amaçlamaktadır. Omik çağında hem araştırma hem de pratik gelişmeler, bu yeni zorluklarla karşı karşıya kalan hayvan yetiştirme amaçlı yeni fenotiplere odaklanmaktadır. Yeni karakterlerin biyolojik arka planını ve genetik mimarisini anlamada hala büyük boşluklar olduğu unutulmamalıdır. Özellikle ölçülmesi zor veya pahalı olan kötü tanımlanmış fenotipler için, genom ve fenom arasındaki ilişki anlaşılmdan uzaktır. Bu nedenle, hem uygun ölçüm teknolojilerinin, çalışma protokollerinin ve değerlendirme yöntemlerinin geliştirilmesinde hem de ilgili özellikler arasındaki etkileşimlerin analizi için güçlü bir disiplinler arası iş birliği gereklidir. Şu anda çalışılan bazı özelliklerin üreme için uygun olmadığı ortaya çıkabilir, ancak yine de yönetim amaçları için yararlı olabilir. İslah hedefi özelliklerinin artan sayısı ve karmaşıklığı ile dengeli ıslah hedeflerinin tasarımı geçmişe göre daha karmaşık hale gelmiştir. Bununla birlikte, sorunlar ve hedef yönler farklı ülkeler arasında benzerdir ve bu nedenle, verilerin bir araya getirilmesi (örneğin, genel seleksiyonda kullanmak için yeterince büyük referans bir popülasyon oluşturmak) hızlı bir ilerleme sağlayacaktır (Greenwood ve ark., 2016; Seidel ve ark., 2020; Vieira Ventura ve ark., 2020).



Şekil 5. Omik bilimlerin hayvan ıslahı üzerine etkisi (Chakraborty ve ark., 2022'den uyarlanmıştır).

Sonuç olarak, bilgisayar teknolojilerinin gelişmesiyle birlikte bitki ve hayvan yetiştiriciliği ile genetik alanında çok sayıda yenilik ortaya çıkmıştır. Bu yeniliklerden hayvan yetiştiriciliğinde faydalanılmaktadır (Şekil 5). Bu derlemede bu yeniliklerden OMİK bilimleri

üzerinde durulmuştur. Omik bilimler biyoloji ve mühendislik bilimlerini bir araya getirerek bu bilimlerin ortak çalışması ile hayvan hastalıkları ve ekonomik değeri üzerinde çalışarak sürdürülebilirliğe destek olabilecek yeni gelişen multidisipliner bilimler olarak ortaya çıkmaktadır.

Kaynaklar

- Akçapınar, H. & Ünal, N. (2005). *Hayvan Islahı Öğrenci Notları*.
- Chakraborty, D., Sharma, N., Kour, S., Sodhi, S. S., Gupta, M. K., Lee, S. J. & Son, Y. O. (2022). Applications of omics technology for livestock selection and improvement. *Front Genet*, 13, 774113. doi: <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.774113>.
- Chang, Y., Brito, L. F., Alvarenga, A. B. & Wang, Y. (2020). Incorporating temperament traits in dairy cattle breeding programs: challenges and opportunities in the phenomics era. *Animal Frontiers*, 10(2), 29-36. <https://doi.org/10.1093/af/vfaa006>.
- Dai, X. & Shen, L. (2022). Advances and Trends in Omics Technology Development. *Frontiers in Medicine*, 9. <https://doi.org/10.3389/fmed.2022.911861>.
- Dalal, N., Jalandra, R., Sharma, M., Prakash, H., Makharia, G. K., Solanki, P. R., Singh, R. & Kumar, A. (2020). Omics technologies for improved diagnosis and treatment of colorectal cancer: Technical advancement and major perspectives. *Biomedicine & Pharmacotherapy*, 131, 110648. <https://doi.org/10.1016/j.biopha.2020.110648>.
- Fontanesi, L. (2016). Metabolomics and livestock genomics: Insights into a phenotyping frontier and its applications in animal breeding. *Animal Frontiers*, 6(1), 73-79. <https://doi.org/10.2527/af.2016-0011>.
- Greenwood, P. L., Bishop-Hurley, G. J., González, L. A. & Ingham, A. B. (2016). Development and application of a livestock phenomics platform to enhance productivity and efficiency at pasture. *Animal Production Science*, 56(8), 1299. <https://doi.org/10.1071/AN15400>.
- Houle, D. (2007). A dispatch from the multivariate frontier. *Journal of Evolutionary Biology*, 20(1), 22-23. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2006.01237.x>.
- Houle, D., Govindaraju, DR. & Omholt, S. (2010). Phenomics: the next challenge. *Nature Reviews Genetics*, 11(12), 855-866. <https://doi.org/10.1038/nrg2897>.
- Jin, L. (2021). Welcome to the Phenomics Journal. *Phenomics*, 1(1), 1-2. <https://doi.org/10.1007/s43657-020-00009-4>.
- McCoy, J. C. S., Spicer, J. I., Ibbini, Z. & Tills, O. (2023). Phenomics as an approach to Comparative Developmental Physiology. *Frontiers in Physiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fphys.2023.1229500>.
- Mrode, R., Ekine Dzivenu, C., Marshall, K., Chagunda, M. G. G., Muasa, B. S., Ojango, J. & Okeyo, A. M. (2020). Phenomics and its potential impact on livestock development in low-income countries: innovative applications of emerging related digital technology. *Animal Frontiers*, 10(2), 6-11. <https://doi.org/10.1093/af/vfaa002>.
- Nye, J., Zingaretti, L. M. & Pérez-Enciso, M. (2020). Estimating Conformational Traits in Dairy Cattle With DeepAPS: A Two-Step Deep Learning Automated Phenotyping and Segmentation Approach. *Frontiers in Genetics*, 11. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00513>.
- Omics (2024). *What is omics*. Erişim Adresi: https://omics.org/What_is_omics (Erişim Tarihi: 11.01.2024).
- Özbeyaz, C. & Kocakaya, A. (2011). Genomic Evaluation in Dairy Cattle (A review). *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 51(2), 93-104.
- Pérez-Enciso, M. & Steibel, J. P. (2021). Phenomes: the current frontier in animal breeding. *Genetics Selection Evolution*, 53(1), 22. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00618-1>.
- Phenomics (2024). *Phenomics*. Erişim Adresi: en.wikipedia.org/wiki/Phenomics (Erişim Tarihi: 11.01.2024).
- RD-Connect (2024). *Omics Data*. Erişim Adresi: <https://rd-connect.eu/what-we-do/omics/> (Erişim Tarihi: 11.01.2024).
- Rexroad, C., Vallet, J., Matukumalli, L. K., Reecy, J., Bickhart, D., Blackburn, H., Boggess, M., Cheng, H., Clutter, A., Cockett, N., Ernst, C., Fulton, J. E., Liu, J., Lunney, J., Neiberghs, H., Purcell, C., Smith, T. P. L., Sonstegard, T., Taylor, J. & Wells, K. (2019). Genome to Phenome: Improving Animal Health, Production, and Well-Being –

- A New USDA Blueprint for Animal Genome Research 2018–2027. *Frontiers in Genetics*, 10. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00327>.
- Robert, C. (2008). Challenges of functional genomics applied to farm animal gametes and pre-hatching embryos. *Theriogenology*, 70(8), 1277-1287. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2008.06.005>.
- Seidel, A., Krattenmacher, N. & Thaller, G. (2020). Dealing with complexity of new phenotypes in modern dairy cattle breeding. *Animal Frontiers*, 10(2), 23-28. <https://doi.org/10.1093/af/vfaa005>.
- Stamp, F., Binder, E. & Chen, A. (2018). *The uncharted territory of epitranscriptomics – mRNA modifications in psychiatric disorders*. www.mpg.de/12621941/psych_jb_2018.
- Subedi, P., Moertl, S. & Azimzadeh, O. (2022). Omics in Radiation Biology: Surprised but Not Disappointed. *Radiation*, 2(1), 124-129. <https://doi.org/10.3390/radiation2010009>.
- Sukhija, N., Kanaka, K. K., Goli, R. C., Kapoor, P., Sivalingam, J., Verma, A., Sharma, R., Tripathi, S. B. & Malik, A. A. (2023). The flight of chicken genomics and allied omics-a mini review. *Ecological Genetics and Genomics*, 29, 100201. <https://doi.org/10.1016/j.egg.2023.100201>.
- Tills, O., Holmes, L. A., Quinn, E., Everett, T., Truebano, M. & Spicer, J. I. (2023). Phenomics enables measurement of complex responses of developing animals to global environmental drivers. *Science of The Total Environment*, 858, 159555. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.159555>.
- Vailati-Riboni, M., Palombo, V. & Loor, J. J. (2017). What Are Omics Sciences? İçinde B. N. Ametaj (Ed.), *Periparturient Diseases of Dairy Cows* (ss. 1-7). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-43033-1_1.
- Vieira Ventura, R., Fonseca e Silva, F., Manuel Yáñez, J. & Brito, L. F. (2020). Opportunities and challenges of phenomics applied to livestock and aquaculture breeding in South America. *Animal Frontiers*, 10(2), 45-52. <https://doi.org/10.1093/af/vfaa008>.
- Wikipedia. (2023). *Omics*. Erişim Adresi: <https://en.wikipedia.org/wiki/Omics> (Erişim Tarihi: 15.11.2023).
- Wu, X.-L., Ding, X., Zhao, Y., Miles, A. M., Brito, L. F., Heringstad, B., Zhao, S. & Jiang, Z. (2023). Editorial: Lactation genomics and phenomics in farm animals: Where are we at? *Frontiers in Genetics*, 14. <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1173595>.
- Yan, S., Nagle, D. G., Zhou, Y. & Zhang, W. (2018). Application of Systems Biology in the Research of TCM Formulae. İçinde *Systems Biology and its Application in TCM Formulas Research* (ss. 31-67). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-812744-5.00003-5>.