

# بیوانفورماتیک چیست؟

نخست یافته‌های حاصل از پدیده‌های زیستی و به خصوص ژنتیک و زیست‌شناسی سلولی - مولکولی را در رایانه ذخیره می‌کنند و سپس به کمک نرم‌افزارهای رایانه‌ای این اطلاعات را باز یافت و بعد تحلیل و با یافته‌های جدید مقایسه می‌کنند. سرانجام با افزودن اطلاعات جدیدتر به محفوظات قبلی و مقایسه‌ی آن‌ها نتایج کامل‌تر و دقیق‌تری حاصل به دست می‌آورند.

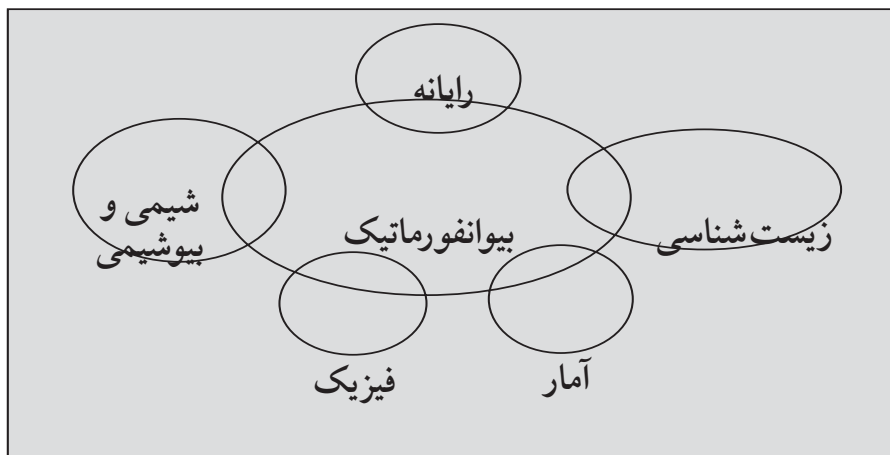
علاوه بر ژنومیک و پروتئومیک، شاخه‌ی دیگری در مقوله‌ی بیوانفورماتیک گنجانیده شده است و آن دانش متابولومیک است که به بررسی متابولیت‌های حاصل از متابولیسم سلولی می‌پردازد.

هر کدام از بخش‌های بیوانفورماتیک سعی در شناسایی بخشی از پیچیدگی‌های علم زندگی دارند. بعضی از محققان امروزی دانش نوینی به نام زیست‌شناسی سیستمی<sup>۶</sup> را در علم بیوانفورماتیک پایه‌گذاری کرده‌اند. این علم برای پاسخ‌دهی به سؤال‌های پیچیده‌ی زیستی به کار برده می‌شود.

در علم زیست‌شناسی سیستمی سعی می‌کنند همه‌ی جنبه‌های زیست‌شناختی یک موجود زنده و محیط پیرامون آن را با استفاده از برهم‌کنش‌های علوم مختلف، مثل بیوشیمی، بافت‌شناسی، زیست‌شناسی، بوم‌شناسی و علوم سلولی - مولکولی درک کنند. در این علم لازم است تا از طریق بررسی بدن جاندار، دستگاه‌ها، اندام‌ها، بافت‌ها و ساختار سلولی و مولکولی جاندار و با بررسی ساختار DNA، RNA و پروتئین‌ها پی به ماهیت و سازوکار سیستم‌های زنده ببرند.

علم بیوانفورماتیک ترکیبی از علوم رایانه‌ای و زیست‌شناسی است. در این علم نرم‌افزارهای رایانه‌ای و بانک‌های اطلاعاتی برای حل و پاسخگویی به مسائل زیست‌شناسی به کار می‌روند. دو فعالیت اصلی متخصصان علم بیوانفورماتیک ژنومیک<sup>۱</sup> و پروتئومیک<sup>۲</sup> است. علاوه بر آن، در علم بیوانفورماتیک مقوله‌هایی مثل ترانسکریپتومیک<sup>۳</sup> و متابولومیک<sup>۴</sup> نیز بررسی می‌شوند. ژنومیک شامل تحلیل داده‌های ژنی و ژن‌هاست. به عبارت دیگر، ژنومیک شامل بررسی ژنوم جاندار به کمک رایانه است. بنابراین علم ژنومیک شامل بررسی، شناسایی، تحلیل و مقایسه‌ی توالی نوکلئوتیدهای ژن یا ژن‌های یک جاندار زنده است. در علم ژنومیک توالی نوکلئوتیدها در افراد یک گونه را با هم و با افراد سایر گونه‌ها مقایسه می‌کنند. پروتئومیک شامل مطالعه، شناسایی، تحلیل و مقایسه‌ی توالی آمینواسیدهای پروتئین‌ها یا پروتئین‌های جانداران زنده است. در این علم به ساختار فضایی و مولکولی و حتی آرایش فضایی اتم‌های یک پروتئین توجه می‌کنند. در ترانسکریپتومیک توالی نوکلئوتیدهای mRNA در یک جاندار بررسی و تحلیل و با دیگر mRNAها مقایسه می‌شود. در این علم به مباحثی همچون پردازش RNA<sup>۵</sup> توجه می‌کنند. بیوانفورماتیک که شامل این مباحث است، علمی وابسته به رایانه است و به کمک آن به تحلیل‌های زیستی می‌پردازد.

در شکل ۱ طرحی کلی از علم بیوانفورماتیک و جایگاه آن در دنیای علم به تصویر کشیده شده است. در عمل بیوانفورماتیک،



شکل ۱: جایگاه بیوانفورماتیک در میان علوم.

سال ۱۹۶۸ سال شروع علم بیوانفورماتیک است. در این سال محقق‌ی به نام مارگارت دیهوف<sup>۶</sup> مجموعه‌ای از توالی آمینواسیدهای یک پروتئین را جمع‌آوری و به صورت یک برنامه‌ی رایانه‌ای ذخیره کرد و نام آن را اطلس ساختار و توالی پروتئینی نامید.

یکی از پژوهش‌های مهم در بیوانفورماتیک استفاده از یک برنامه‌ی جست‌وجوگر بود که شباهت توالی آمینواسیدها را در پروتئین‌ها مقایسه می‌کرد. این برنامه سعی داشت تا به منشأ ویروس‌ها پی ببرد. دانشمندان در طی این‌گونه بررسی‌ها از نرم‌افزاری که در حقیقت اولین نرم‌افزار از این دست بود و FASTP نامیده می‌شد، برای مشخص کردن تشابه توالی یک ژن ویروسی سرطان‌زا با یک ژن سلولی به نام PDGF به کار بردند. نتایج خارق‌العاده‌ی این پژوهش نمایانگر استفاده از نرم‌افزار در دانش زیست‌شناسی بود. از آن به بعد، بیوانفورماتیک با سرعت رشد کرد. رشد بیوانفورماتیک در راستای رشد فنون توالی‌یابی DNA بود و این رشد را می‌توان به رشد علم زیست‌شناسی مولکولی یا اختراع میکروسکوپ در قرن ۱۷ تشبیه کرد.

پروژه‌های توالی‌یابی را می‌توان پیشرو ابتکارهای بیوانفورماتیک در آینده دانست. پروژه‌ی ژنوم آدمی یک مثال موفقیت‌آمیز از پروژه‌های توالی‌یابی ژنوم است. هر روزه با انجام پروژه‌های ژنومی بر وسعت و عمق دانش بیوانفورماتیک افزوده می‌شود. اولین ژنومی که توالی‌یابی شد، ژنوم ویروس فاژ MS<sub>۲</sub> بود. سپس ژنوم باکتری *Haemophilus influenza* که اولین ژنوم یک موجود آزادی بود، در بانک اطلاعاتی ژنومی درج شد.

پیشرفت بیوانفورماتیک با هیاهوی کم‌تری نسبت به تکمیل پروژه‌ی ژنوم آدمی همراه بود. ولی واضح بود که توالی‌یابی ژنوم جانداران دیگر برای بیوانفورماتیک‌دانان امروزی بسیار مهم است. توالی ژنومی به تنهایی اطلاعات کمی به محققان می‌دهد، برای تفسیر توالی‌های ژنومی، انجام مقایسه‌ی ژنوم افراد یک‌گونه و یا گونه‌های مختلف با هم ضروری است و لازمه‌ی این مقایسه وجود بانک‌های اطلاعاتی عمومی قابل دسترسی برای همه است. امروزه سایت‌های مختلفی روی وب وجود دارند که اختصاصاً در زمینه‌ی علم بیوانفورماتیک فعالیت می‌کنند.

بخش مهمی از رشته‌ی بیوانفورماتیک شامل توسعه‌ی فناوری‌های نوینی است که پردازش اطلاعات بیوانفورماتیک را ساده

و سریع می‌کنند. این فناوری‌ها شامل ساخت رایانه‌های سریع و نرم‌افزارهای قوی با الگوریتم‌های جدید است. این نو شدن، توانایی تحلیل سریع داده‌ها را به دانشمندان می‌دهد. هم‌اکنون بسیاری از مشکل‌ترین سؤال‌های زیست‌شناسی توسط دانش بیوانفورماتیک جواب داده می‌شود. برخی از این سؤال‌ها شامل فهم ارتباط میان فنوتیپ و ژنوتیپ صفات از جمله بیماری‌های موروثی انسان و نیز فهم شبکه‌های بیولوژیک و درک مراحل تمایز سلولی و بافتی در طی رشد و بلوغ جاندار است. باید گفت که در هر سیستمی که در آن اطلاعات را بتوان به صورت دیجیتال ارائه کرد، بیوانفورماتیک به راحتی و با توانایی زیاد قابلیت اجرا دارد. بنابراین بیوانفورماتیک را می‌توان از سلول تا کل جاندار به کار برد. دانشمندان با درک مناسب از کل قسمت‌های ژنوم، سعی در درک بهتر از سیستم‌های پیچیده‌ی زنده‌ی دارنده‌ی آنان قصد دارند به سؤال‌های مهمی درباره‌ی مکانیسم چرخه‌ی سلولی، تمایز سلولی، ادامه‌ی زندگی و مرگ سلول، بیان ژن، متابولیسم سلولی و تکثیر و وراثت آن پاسخ دهند. درک اثرهای متقابل همه‌ی اجزای یک سلول از ژن تا پروتئین مرحله‌ی دیگری است که محققین قصد دارند به مطالعه‌ی آن‌ها پردازند تا به درک پیچیدگی سیستم‌های زنده نایل آیند.

بیوانفورماتیک از طریق این دست‌یافته‌ها و با به‌کارگیری علوم رایانه‌ای توانایی ارائه‌ی کلیدهای راهگشا در فهم و ارائه‌ی مدل‌های زیستی دارد.

زیرنویس

1. Genomics
2. Proteomics
3. Transcriptomics
4. Metabolomics
5. Splicing
6. System Biology
7. Margaret Dayhoff

منابع

1. Hancock, 2004. Dictionary of Bioinformatics and Computational Biology. Wiley Publishing, USA.
2. Lesk, M. 2002. Oxford Publishing, UK.
3. Prescott, L. M. 2002. Microbiology. McGrawHill, USA.
4. Rastolgi, 2005. Bioinformatics, Methods and application. Prentice Hall of India.
5. <http://www.wikipedia.com>