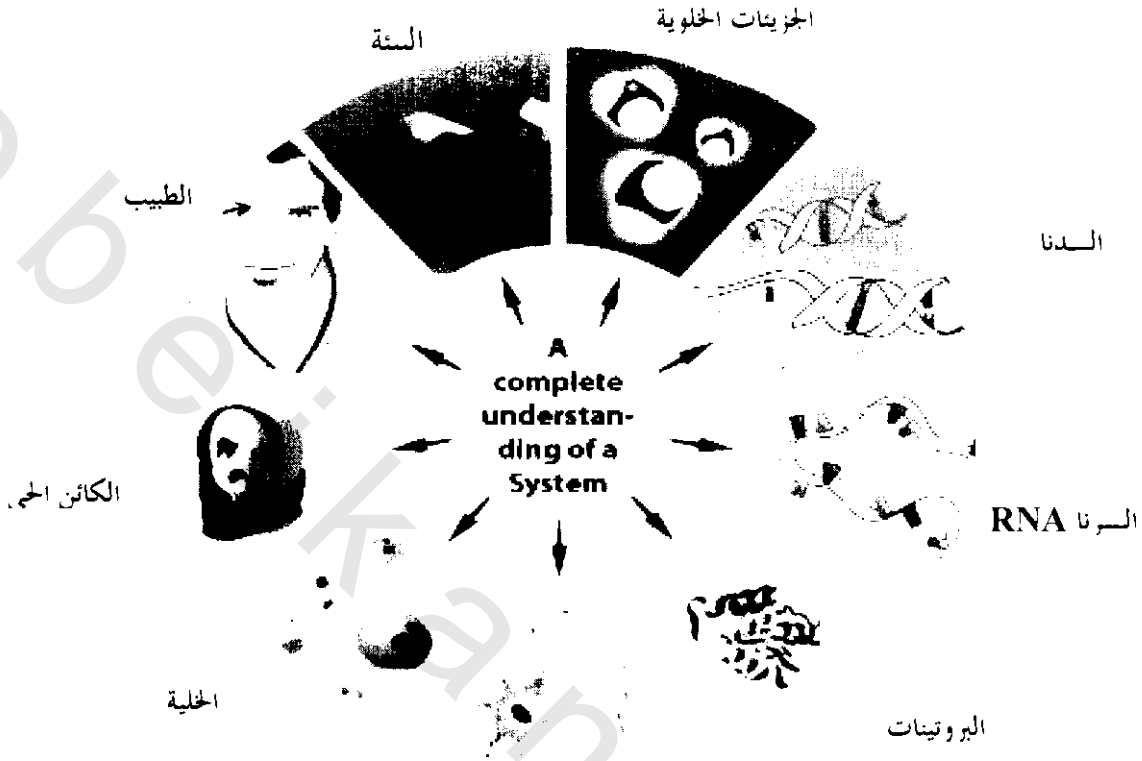
مقدمة

علم المعلوماتية الحيوية هو علم يستخدم الحاسب الألى والبرامج وقواعد البيانات لحل وشرح وتفسير العديد من التساؤلات البيولوجية ويتعامل هذا العلم مع مجموعة البيانات البيولوجية الهائلة الناتجة من المشروعات العلمية الكبيرة مثل مشروع الجينوم البشرى . ويوجد مجالين كبيرين من العلوم البيولوجية يستخدم فيهما علم المعلوماتية الحيوية بشكل أساسى ومتزايد وهما علم الجينومية Genomics (دراسة التركيب والوظيفة للمجموع الكلى لجينات الكائن الحى) وعلم البروتيومية Proteomics (دراسة التركيب والوظيفة للمجموع الكلى لبروتينات الكائن الحى).

ويعرف الجينوم بأنة مجموعة من تتابعات DNA التي تكون التركيب الوراثى للكائن الحى والتي تنتقل من جيل لأخر وتشمل هذه التتابعات كل الجينات (الوحدة الوظيفية والطبيعية لمادة الوراثة المنتقلة من الأب إلي الأبناء) والجزيئات الأخرى المنسوخة والغير مشفره . وعلي الجانب الأخر يشير علم البروتيومية إلي تحليل المجموعة الكاملة من بروتينات الكائن الحى والدراسة الكاملة للتركيب والوظيفة داخل الكائن.

بالأضافة الى ذلك فإن علم المعلوماتية الحيوية يستخدم في فروع كثيرة من علم البيولوجي مثل علم خرائط التمثيل الغذائي و شبكات الأتصال الخلوية و التفاعلات البيوكيميائية وغيرها . وتهدف كل هذه النواحي الهامة في علم المعلوماتية الحيوية إلي فهم الأنظمة البيولوجية المعقدة.

وقد أدى التوسع الكبير فى مجال المعلوماتية الحيوية الى أرتباطه بمجموعة كبيرة من العلوم الأخرى فى محيط الكائن الحى ولينتج ما يسمى بالنظام البيولوجي المتكامل " System biology" حيث أن النظام البيولوجي المتكامل يعتبر وسيلة لحل وتفسير العديد التساؤلات البيولوجية المعقدة وهو يتكون من اندماج علم الجينومية وعلم البروتيومات وعلم المعلوماتية الحيوية والعديد من العلوم الأخرى المتعلقة بها وذلك لشرح وتفسير كيفية عمل المسار الحيوي في الخلية و التعرف علي كيفية تفاعل الجينات والبروتينات والعناصر الاخرى الداخلية والخارجية المرتبطة بالمسار الحيوي مع بعضها البعض ومع البيئة المحيطة. كما يظهر فى الشكل ١



شبكات الأتصال الخلوية

شكل ١ : صورة توضح الموجة القادمة من علم المعلوماتية الحيوية والتى النظام البيولوجي المتكامل (System biology) والتى تشتمل على مجموعة كبيرة من العلوم البيولوجية

obeikandl.com

نبذة تاريخية عن علم المعلوماتية الحيوية:

شهدت تسعينات القرن العشرين، تقدّماً قوياً في علوم الوراثة والجينات، خصوصاً في المشاريع الخاصةالتعرّف على التركيب الوراثي لعدد من الكائنات الحيّة، مثل الخميرة والفأر وذبابة الفاكهة وغيرها. وتوّجت هذه الجهود بالكشف عن التركيبة الوراثية (الجينية) للانسان. وبديهي ان تلك الانجازات ولّدت كمية كبيرة من المعرفة و المعلومات المتطورة في مجال علم البيولوجيا، تضمنت معرفة الخريطة الجينية لكثير من الكائنات المختلفة، والمركبات البروتينية الناتجة من الجينات المختلفة والتفاعل بينها وما ينتجه ذلك التفاعل من بروتينات أساسية وانزيمات وغيرها.

كما تمت دراسة الأنزيمات المسؤولة عن قراءة الشفرة الوراثية والتعامل مع معطياتها بمزيد من التفصيل، بما في ذلك نسخ المعلومات التي تحملها تلك الشفرة الحيّة والفريدة من نوعها. وبذا، استطاع العلماء التعرّف على تلك المعلومات التي تحُدّد تركيب الجسم وطبيعة عمله ونسق نموه. وهكذا، أدّت تلك التطورات إلى نمو نوعي في معلومات البشر عن الظواهر البيولوجية وتراكيبها وآلياتها. لذلك ظهرت الحاجة الى حفظ هذه المعلومات في قواعد بيانات بيولوجية Biological Databases والتى قد يتراوح عددها بين ٥٠٠ و١٠٠٠ قاعدة حتى الأن وتتزايد هذه القواعد مع مرور الوقت وزيادة الأبحاث والمعلومات كما لوحظ أندماج العديد من قواعد البيانات المتشابهة للتسهيل على الباحث. فمثلا قواعد البيانات الجينية الخاصة بكائن ما توضع فى محتوى الكترونى تسمى «بنك الجينات» GENE BANK وتختص بحفظ المعلومات عن تركيب وتتابعات الجينات الوراثية للكائنات لهذا الكائن . وغالبا ما نجد هذه البنوك الجينية للكائنات المختلفة مرتبطة مع بعضها ومع قواعد البيانات البروتينية لنفس الكائنات بالأضافة الى بعض المعلومات البيولوجية الأخرى. وأدى التزايد الكمي والنوعى للمعلومات البيولوجية إلى تطوير حقول علمية أخرى، خصوصاً الطبية منها.

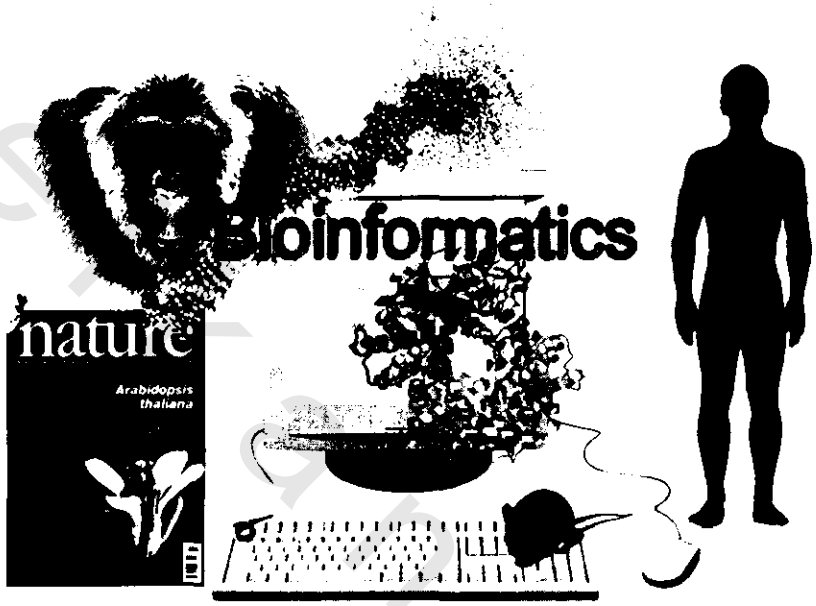
وترجع بداية أستخدام علم المعلوماتية الحيوية إلي العالمة "مارجريت داي هوف" في عام ١٩٦٨ حيث قامت هذه العالمة بعمل خريطة وكتالوج للتتابعات البروتنية توضح فيه تركيب وتتابع مجموعة من البروتينات الفيروسية. وقد ساعد ذلك على عمل برنامج حوسبى للبحث عن مناطق التشابه والأختلاف بين التتابعات الجينية والبروتينية المختلفة وتعد هذه الخطوة من أهم الخطوات البارزة في تطور علم المعلوماتية الحيوية. حيث استخدم العلماء في هذه الدراسة أول برامج بحثى للكشف عن تشابه التتابعات والذى أطلق عليه أسم الـ FASTP وبذلك تم توضيح أن تتابع

الجينوم الفيروسي المسبب للسرطان V-sis مشابه جدا لتتابع للجين PDGF الخلوي وزودت هذه النتيجة علماء البيولوجي بمعلومات كثيرة عن كيفة تسبب هذا التتابع الفيروسي فى احداث السرطان. وقد نشر هذا البحث فى عام ١٩٦٩ فى دورية علمية شهيرة والمعروفة بأسم (Scientific American) .

ويعد مشروع الجينوم البشري (Human genome project) من أكبر وانجح المشروعات العلمية التى أستخدمت علم المعلوماتية الحيوية بكثافة. ومن الجدير بالذكر أن أول الجينومات التي تم التعرف على تتابعها كانت من الفيروسات وهو فاج MS2 وكذلك جينوم البكتريا المسببة مرض الأنفلونزا. ويزود علم المعلوماتية الحيوية العلماء بالبرامج السهلة والميسرة لتحليل البيانات الضخمة والتي تعتبرالأن وسيلة أساسية لحل الكثير من المشاكل العلمية الجديدة .كما يعتبر علم المعلوماتية الحيوية علم حيوي مثير ويعبرعن طريقة حديثة للتفكير فى المشاكل البيولوجية والتى سوف يقود تطور الحاسب الألى فيها اكتشافات بيولوجية كبيرة. أن معرفة برامج الحاسب الألى وقواعد البيانات الخاصة بالعلوماتية الحيوية أصبحت جزء لايتجزء من العمل البيولوجى الحديث ولكل من يعمل فى ذلك المجال فى القرن الحادى والعشرين.

شكل٢ : شكل توضيحى يبين أستخدام الحاسب فى تحليل المعاومات البيولوجية

ويقوم علم المعلوماتية الحيوية بحل المشاكل البيولوجية الهامة والتي تشمل فهم الارتباط بين التركيب الجيني والشكل المظهري للأمراض البشرية وكذلك فهم العلاقة بين تركيب ووظيفة البروتينات.



شكل٣: يوضح رسم تخيلى للمفهوم العام للمعلوماتية الحيوية والدمج بين علوم البيولوجى وعلوم الحاسب