

ادارة المعلومات و التكنولوجيا الحيوية للنبات

مقدمة:

انهى العلماء على مستوى العالم 2126 مشروعا لدراسة الجينوم البشرى و ذلك فى 30 يوليو 2006. و لقد نشر 405 جينوم بالكامل و هناك 1665 مشروع يتم استكمالها. و تتيح نتائج هذه الدراسات للعاملين فى مجال الصحة كشف طرق جديدة لعلاج العديد من الامراض. كما تمهد الطريق للزراعيين لفهم تطور النبات و تحسين المحاصيل.

و لكى يستفيد العلماء من هذه المعلومات فانهم يحتاجون الى قواعد بيانات لتخزين هذه المعلومات بحيث يسهل الوصول اليها. كما يحتاج العلماء الى الادوات (اجهزة الحاسب الآلى و البرامج الخاصة بذلك) التى تسهل لهم ادارة هذه المعلومات وتحليلها واستخدامها فى الاجابة على الاسئلة المهمة التى يطرحونها ومعرفة اماكن الجينات وتركيب البروتينات و قرابة الانواع. و للقيام بجميع هذه العمليات فقد تحول العلماء الى المعلوماتية الاحيائية Bioinformatics.

ما هى المعلوماتية الاحيائية؟

تعتبر المعلوماتية الاحيائية علما جديدا يجمع قوة الحاسب الآلى و لعمليات الحاسبية والاحصائية لدراسة علوم الحياة وحلا لمشاكل بيولوجية. فبواسطة المعلوماتية الاحيائية تمكن العلماء من تحليل العديد من الجينومات¹ بما فى ذلك جينوم الذرة (<http://www.tigr.org/tdb/tgi/plant.shtml>) و الموالح (<http://harvest.ucr.edu>).

و يتناول هذا المقال المعلوماتية الاحيائية من وجهة نظر علمية و التى تستطيع ان تنقل النبات من المعمل الى الاجهزة و التى تتصل بالحاسب الآلى.

ما هى البيانات التى تتعامل معها المعلوماتية الاحيائية؟

تتعامل المعلوماتية الاحيائية بشكل عام مع البيانات البيولوجية الهامة التالية:

1. التتابع النيكليوتيدى المتسلسل للحامض النووى دنا DNA و رنا RNA و كذلك تتابع الاحماض الأمينية المكونة للبروتين و التى يمكن التوصل اليها بطرق معملية خاصة.

2. التركيب الجزيئى: نستطيع التوصل الى التركيب الجزيئى بجمع نتائج الديناميكية الحرارية (الثرموديناميك) وادخالها فى الحاسب الآلى مع قياسات لطرق معملية مثل انعكاس اشعة X و صورة الرنين المغناطيسى.

¹ الجينوم هو المجموعة الكاملة من الجينات داخل الخلية او بمعنة آخر هو دراسة المحتوى الوراثى الكامل للكائنات.

3. نتائج التعبير: يستخدم العلماء الترتيب الدقيق microarray فى المعمل لتحديد أين ومتى يتم التعبير الجينى. كما يمكن لهذه التقنية ان تقيس التعبير الجينى فى مجموعة خلايا، أو تحت تأثير عوامل بيئية مختلفة.
4. نتائج الابحاث السابقة: زادت الابحاث العلمية المنشورة بشكل كبير فى السنوات العشر السابقة، و يرجع ذلك لزيادة المشروعات العلمية البحثية الخاصة بدراسة الجينوم والتتابع النيكلوتيدى المتسلسل. ورتبت هذه الابحاث فى قواعد بيانات متاحة من خلال شبكة المعلومات الدولية.

ماذا يمكن للمعلوماتية الاحيائية ان تفعل بهذه النتائج؟

بداية يجب أن تجد طريقة لصياغة وادارة البيانات الخاصة بجميع التركيبات البيولوجية و تتابع النيكلوتيدات المتسلسل. وتعد ادرارة البيانات من أولويات العمل فى المعلوماتية الاحيائية وهى تقوم بذلك من خلال تنسيق المعلومات فى قواعد بيانات. وتعتبر قاعدة البيانات هى مجموعة من المعلومات مخزنة فى نظام تقسيمى. وتحتوى قواعد البيانات فى المعلوماتية الاحيائية على تتابع النيكلوتيدى المتسلسل للحامض النووى دنا DNA و رنا RNA ومن الممكن ان تحتوى على تتابع الاحماض الأمينية للبروتين. وتنظم هذه البيانات طبقا للوظيفة او للنوع المعزولة منه، ومن الممكن ان تحتوى قاعدة البيانات على مقالات منشورة فى مجلات علمية او مستخلصات الابحاث. وبتنسيق البيانات المتاحة يمكن للمعلوماتية الاحيائية ان تجد الوسيلة لاسترجاع واستخدام هذه البيانات، والذى يتم من خلال برامج الحاسب الآلى الذى يمكنه البحث فى قواعد البيانات و استرجاع المعلومات حسب رغبة العلماء.

كيف تستطيع المعلوماتية الاحيائية تحسين التكنولوجيا الحيوية النباتية؟

استطاعة المعلوماتية الاحيائية تحسين التكنولوجيا الحيوية النباتية من خلال الخطوات التالية:

• مساعدة العلماء فى الابحاث الاساسية

معرفة التتابع النيكلوتيدى المتسلسل لجينوم النباتات يمكن ان يمهد الطريق لأى دراسات مستقبلية لهذا النبات. على سبيل المثال يقوم علماء وزارة الزراعة الامريكية بتحليل التعبير الجينى فى محاصيل مثل فول الصويا والشعير من أجل تحديد وظيفة الجينات المتعلقة بمقاومة النبات للضغوط البيئية.

و تقوم فرق البحث فى كل من دول العالم المتقدم والنامى بالعديد من الابحاث فى هذا المجال، فعلى سبيل المثال يعمل المعهد الدولى للارز بالفلبين على الانتهاء من جينوم الارز، فى الوقت الذى انتهى فيه بالفعل العلماء البرازيليين من قراءة التتابع النيكلوتيدي لجينوم احد ممرضات الموالح *Xylella fastidiosa*.

و يقود اتحاد قراءة التتابع النيكلوتيدي لجينوم البطاطس و جامعة فاخنجن الهولندية مجموعات بحثية من البرازيل، شيلى، روسيا، الهند، الصين، بيرو و نيوزيلاند و جميعهم يعملون من أجل قراءة التتابع النيكلوتيدي لعدد 840 مليون زوج من القواعد الخاصة بالحامض النووى دنا DNA الموجودة على 12 كروموسوم لنبات البطاطس. و سوف يستخدم العلماء فى جميع انحاء العالم هذه النتائج فى تحسين البطاطس و التى تعد المحصول الرابع من حيث الاهمية فى العالم.

• امكانية استخدامها للوصول الى نباتات افضل

بمجرد معرفة الجين المسؤول عن صفة ما فى النبات فمن الممكن للعلماء تحديد عناصر المقاومة للأمراض و تحمل الضغوط البيئية و من ثم تصميم طرق يمكن أن تجعل النبات أكثر تحملاً. كما يستخدم العلماء المعلوماتية الاحيائية من أجل الوصول الى نباتات ذات ثمار عالية الجودة أو لها القدرة على تحمل العوامل البيئية المعاكسة.

و يدرس المركز الاسترالى للتكنولوجيا الحيوية الزراعية محصول البابا و الذى يعتبر من اهم المحاصيل الغذائية فى المناطق الاستوائية، كما يدخل فى صناعة ادوات التجميل و صناعة الادوية. و لمعرفة الجين الخاص بسرعة تلف ثمار البابا فان العلماء يدرسون ما يعرف باسم علامات التتابع المتسلسل المعبر عنها Expressed Sequence Tag (EST) و الخاص بجينوم الثمار. و تعتبر علامات التتابع المتسلسل المعبر عنها EST تسلسل قصير من الحامض النووى دنا DNA للجينات المعبر عنها و التى تستخدم كوسيلة للاكتشاف السريع للجين. و تمكن العلماء من معرفة الجينات التى يتم التعبير عنها بقوة اثناء عملية تلف الثمار، و بمعرفة هذه الجينات يمكن للعلماء ان ينتجوا بابا ذات ثمار متأخرة التلف أو ذات مذاق افضل.

• استخدامها فى دراسة التنوع البيولوجى

يستطيع العلماء اذا تعرفوا على الانواع القريبة وراثيا أن يحددوا الانواع المتوافقة جنسيا و التى تحتوى على صفات مفضلة (مثل الارز ذو السنابل الطويلة او الشعير، الذرة أو القمح ذو الحبوب الكبيرة). و من الممكن ان تصبح الاصناف البرية من المحاصيل

الموجودة الآن مصدرا للجينات التي تستخدم في تحسين تلك المحاصيل. فعلى سبيل المثال يرغب علماء جامعة ويسكنسون في تحسين صفات محصول البطاطس من خلال دراسة جينوم الاصناف البرية من البطاطس.

• استخدامها في تصميم ادوات جديدة لدراسة وظيفة الجينات

اكتشف العلماء عائلة من الجينات النباتية تسمى رنا الدقيق (miRNA). تسيطر جزيئات الحامض النووى الريبوزى فى العديد من عمليات نمو وتطور النبات. تسيطر هذه الجزيئات الدقيقة على الحامض النووى دنا DNA ، و تثبط عمل بعض الجينات. و قد يتسبب حدوث أى طفرة فى جزيئات الحامض النووى رنا الدقيق miRNA الى تثبيط أو موت النبات.

يمكن تصميم جزيئات الحامض النووى رنا الدقيق miRNA لتثبيط عائلة جينية بالكامل. و هذا ما دفع العلماء الى التحول الى هذه التكنولوجيا لتطوير جيل جديد من النباتات. هناك العديد من المشروعات البحثية فى جامعة كاليفورنيا ريفرسيد و معهد "وايتهد" لتعريف عائلات الحامض النووى رنا الدقيق miRNA فى المحاصيل الهامة مثل الارز.

• امكانية استخدامها لاختبار، تحليل و تعريف النباتات

يستطيع العلماء الآن تبادل المعلومات والنتائج الخاصة بدراسات الترتيب الدقيق microarray و الخاصة بالتعبير الجينى. كما يمكن للعلماء تبادل المعلومات فيما يتعلق بالتعبير الجينى والشكل البروتينى للنبات تحت تأثيرات بيئية معينة مثل الجفاف، الامراض أو الاصابة الحشرية. وبمعرفة الجينات التى يتم التعبير عنها بشكل كبير اثناء هذه العوامل المعاكسة فاننا نستطيع تحديد هذه الجينات و يمكن تحسينها أو نقلها لنباتات اخرى حتى تزيد قدرتها على تحمل الظروف البيئية غير المواتية.

عندما يريد العلماء مقارنة الاصناف المنتجة بالتكنولوجيا الحيوية والمنتجة بالطرق التقليدية فانهم يقومون بعمل دراسة لشكل البروتين والحامض النووى الريبوزى فى كلا الصنفين. لقد قام العلماء بدراسة الشكل البروتينى الدقيق (البروتينوم) لكل من البطاطس المنتجة بالتكنولوجيا الحيوية و الاخرى التقليدية لمعرفة الفرق بينهما، و قد اكدت الدراسة على عدم وجود أى اختلاف بين كلا الصنفين. استخدم علماء المعهد الدانيماركى للعلوم الزراعية الميكروأراى Microarray و بعض البرامج المتخصصة لمقارنة التعبير الجينى

لنباتات القمح المنتجة بالتكنولوجيا الحيوية والاصناف البرية وتوصلت الدراسة الى عدم وجود اى اختلافات معنوية فى التعبير الجينى بين صنفين القمح.

الطريق الى الامام

بزيادة معرفة العلماء بالجينوم النباتى تزداد اسئلتهم وحاجتهم لمزيد من المعلومات و المعرفة. ولا تتيح المعلوماتية الاحيائية المعلومات فقط بل انها تقود الى مزيد من الاختبارات و التجارب . فعلى سبيل المثال، توصلت دراسة حديثة لعلماء جامعة ايوا الامريكية الى تتابع نيكليوتيدى متسلسل فى جينوم الشوفان وهو ما اتاح للعلماء الفرصة للوصول الى مناطق محددة من الحامض النووى دنا DNA تمكنهم من تحديد انواع الشوفات المختلفة من خلال التفاعل النيكليوتيدى المتسلسل PCR كما يمكن استخدامها كعلامات هامة فى تربية الشوفان.

هناك العديد من الادوات لها وظائف عديدة فى مجال المعلوماتية الاحيائية لكى تفى باحتياجات العلماء. كما يتم تحديث قواعد البيانات الخاصة بالاحماض النووية و البروتينات والتي تساعد العلماء فى جميع مجالات علوم الحياة. تعطى المعلوماتية الاحيائية العديد من المنافع للباحثين فى مجال النباتات فيمكنها المساعدة فى تربية النبات والهندسة الوراثية وتساعد العلماء فى تحسين خواص النباتات من أجل مستقبل افضل.