

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 بأنه مجموعة من تتابعات DNA التي تكون التركيب الوراثى للكائن الحى والتي تنتقل من جيل لآخر وتشمل هذه التتابعات كل الجينات (الوحدة الوظيفية والطبيعية لمادة الوراثة المنتقلة من الأب إلى الأبناء) والجزيئات الأخرى المنسوخة والغير مشفرة . وعلى الجانب الآخر يشير علم البروتيومية إلى تحليل المجموعة الكاملة من بروتينات الكائن الحى والدراسة الكاملة للتركيب والوظيفة داخل الكائن.

بالإضافة الى ذلك فإن علم المعلوماتية الحيوية يستخدم في فروع كثيرة من علم البيولوجى مثل علم خرائط التمثيل الغذائى و شبكات الأتصال الخلوية و التفاعلات البيوكيميائية وغيرها . وتهدف كل هذه النواحي الهامة في علم المعلوماتية الحيوية إلى فهم الأنظمة البيولوجية المعقدة.

وقد أدى التوسع الكبير فى مجال المعلوماتية الحيوية الى ارتباطه بمجموعة كبيرة من العلوم الأخرى فى محيط الكائن الحى وليتج ما يسمى بالنظام البيولوجى المتكامل "System biology" حيث أن النظام البيولوجى 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 الحيوى فى الخلية والتعرف على كيفية تفاعل الجينات والبروتينات والعناصر الأخرى الداخلية والخارجية المرتبطة بالمسار الحيوى مع بعضها البعض ومع البيئة المحيطة. كما يظهر فى الشكل ١



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

نبذة تاريخية عن علم المعلوماتية الحيوية:

شهدت تسعينات القرن العشرين، تقدماً قوياً في علوم الوراثة والجينات، خصوصاً في المشاريع الخاصة بالتعرف على التركيب الوراثي لعدد من الكائنات الحية، مثل الخيرة والفأر وذبابة الفاكهة وغيرها. وتوّجت هذه الجهود بالكشف عن التركيبة الوراثية (الجينية) للإنسان. وبديهي أن تلك الانجازات ولدت كمية كبيرة من المعرفة والمعلومات المتطورة في مجال علم البيولوجيا، تضمنت معرفة الخريطة الجينية لكثير من الكائنات المختلفة، والمركبات البروتينية الناتجة من الجينات المختلفة والتفاعل بينها وما ينتج 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 الحية والفريدة من نوعها. وبذا، استطاع العلماء التعرف على تلك المعلومات التي تحدد تركيب الجسم وطبيعة عمله ونسق نموه. وهكذا، أدت تلك التطورات إلى نمو نوعي في معلومات البشر عن الظواهر البيولوجية وتراكيبها وآلياتها. لذلك ظهرت الحاجة إلى حفظ هذه المعلومات في قواعد بيانات بيولوجية Biological Databases والتي قد يتراوح عددها بين ٥٠٠ و ١٠٠٠ قاعدة حتى الآن وتزايدت هذه القواعد مع مرور الوقت وزيادة الأبحاث والمعلومات كما لوحظ أندماج العديد من قواعد البيانات المتشابهة لتسهيل على الباحث. فمثلاً قواعد البيانات الجينية الخاصة بكائن ما توضع في محتوى الكتروني تسمى «بنك الجينات» GENE BANK وتختص بحفظ المعلومات عن تركيب وتتابعات الجينات الوراثية للكائنات لهذا الكائن. وغالباً ما نجد هذه البنوك الجينية للكائنات المختلفة مرتبطة مع بعضها ومع قواعد البيانات البروتينية لنفس الكائنات بالإضافة إلى بعض المعلومات البيولوجية الأخرى. وأدى التزايد الكمي والنوعي للمعلومات البيولوجية إلى تطوير حقول علمية أخرى، خصوصاً الطبية منها.

وترجع بداية استخدام علم المعلوماتية الحيوية إلى العالمة "مارجريت داي هوف" في عام ١٩٦٨ حيث قامت هذه العالمة بعمل خريطة وكتالوج للتتابعات البروتينية توضح فيه تركيب وتتابع مجموعة من البروتينات الفيروسية. وقد ساعد ذلك على عمل برنامج حوسبي للبحث عن مناطق التشابه والاختلاف 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 بحثي للكشف عن تشابه التتابعات والذي أطلق عليه اسم الـ FASTP وبذلك تم توضيح أن تتابع

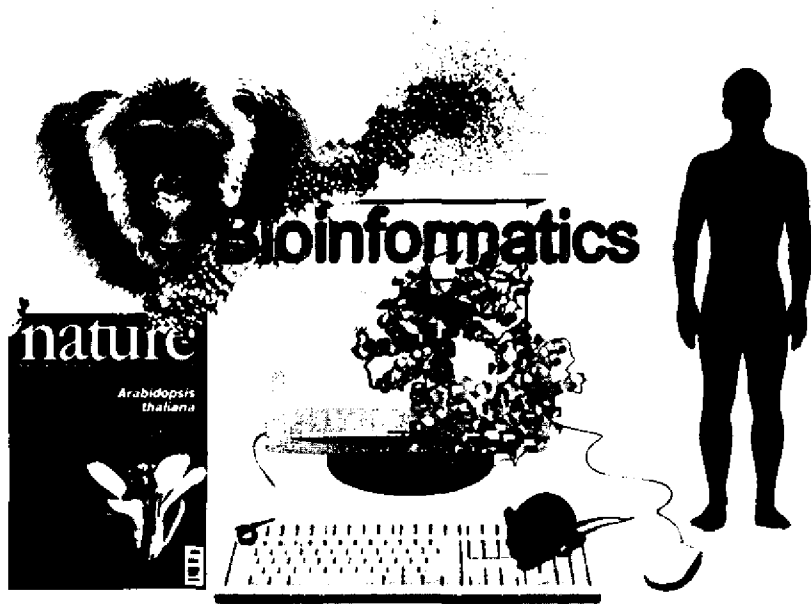
الجينوم الفيروسي المسبب للسرطان V-sis مشابه جدا للتابع للجين PDGF الخلوي وزودت هذه النتيجة علماء البيولوجي بمعلومات كثيرة عن كيفية تسبب هذا التابع الفيروسي في احداث السرطان. وقد نشر هذا البحث في عام ١٩٦٩ في دورية علمية شهيرة والمعروفة بأسم (Scientific American).

ويعد مشروع الجينوم البشري (Human genome project) من أكبر وانجح المشروعات العلمية التي 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 تعتبر الآن وسيلة أساسية لحل الكثير من المشاكل العلمية الجديدة. كما يعتبر علم المعلوماتية الحيوية حيوي مثير ويعبر عن طريقة حديثة للتفكير في المشاكل البيولوجية والتي سوف يقود تطور الحاسب الألى فيها اكتشافات بيولوجية كبيرة. أن معرفة برامج الحاسب الألى وقواعد البيانات الخاصة بالمعلوماتية الحيوية أصبحت جزء لا يتجزأ من العمل البيولوجي الحديث ولكل من يعمل في ذلك المجال في القرن الحادى والعشرين.



شكل ٢: شكل توضيحي يبين استخدام الحاسب في تحليل المعلومات 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.



شكل ٣: يوضح رسم تخيلي للمفهوم العام للمعلوماتية الحيوية والدمج بين علوم البيولوجي وعلوم الحاسب