ارمغان زیست شناسی برای ریاضی در سده بیست و یکم

غلامرضا رکنی لموکی

تهران، دانشگاه تهران، پردیس علوم، دانشکده ریاضی، آمار و علوم کامپیوتر

«آدمی مخفی است در زیر زبان»

مولوی، مثنوی معنوی، دفتر دوم، بخش بیست و یکم

چکیده

در این مقاله به طور مختصر به ارتباط میان ریاضی و زیست شناسی می‌پردازیم. اینکه ریاضی به حل بسیاری از مسائل زیست شناسی می‌پردازد، حکم جدیدی نیست. آنچه ممکن است که بسیار با اهمیت تر باشد این است که زیست شناسی با طرح پرسش‌هایی ویژه، پیشران نوینی برای ریاضی گردد. این مقاله در بخش‌های بعدی به صورت پرسش – پاسخ نگاشته خواهد. به علاوه سعی خواهد شد که از بیان فنی اندکی فاصله گرفته شود و با کمک مثال‌های قابل فهم مناسبات زیست‌ریاضی شرح داده شود. در این نوشتار، بسیاری از واژه‌های فنی ریاضی به زبان لاتین زیر نویس شده اند و خواننده علاقه مند می‌تواند با جستجوی آن‌ها به ماهیت دقیق آنها پی ببرد و بر صورتبندی ریاضی مربوطه اشراف پیدا کند.

واژه های کلیدی: ریاضیات زیستی، زیست ریاضی، مدل سازی، اختلال تکین، آمار زیستی، اثر ولف چایکوف، اثر آلی

نویسنده مسئول: rokni@ut.ac.ir

۱- سیمای کلی رابطه ریاضی و زیست شناسی چگونه است؟

رابطه ریاضی و زیست شناسی در سده بیست و یکم وارد مرحله بسیار متفاوتی شده است. در سده نوزدهم و پیش از آن زیست شناسی یک استفاده کننده سنتی و قدیمی از برخی دستاوردهای ریاضی بوده است. در طی سده بیستم، زیست شناسی به کاربری کاملا حرفه ایی از ریاضیات پیشرفته تبدیل شده است به طوری که، در حدود سال دوهزار میلادی، زیست شناسی از برآیند قدرت ریاضی برای پیشبرد اهدافش بهره جست. در فهرست این ابزار می‌توان به مفاهیمی مانند نوسان، اختلال تکین[۱۰]، تزویج نوسانگرهای زیستی[۱۱]، توصیف‌های هندسی، و دیگر ابزار ریاضی اشاره کرد. در این خصوص زیست شناسی موفق شد به توصیف بسیاری از پدیده‌های زیستی بپردازد و با برقراری ارتباط با بیوشیمی به سنتز کنترل کننده‌های زیستی دست یابد.

در سده بیست و یکم به نظر می‌رسد که زیست شناسی از یک مصرف کننده سنتی دستاوردهای ریاضی در حال تبدیل شدن به مرجعی الهام بخش در ریاضیات است. الهامات زیست شناسی در دنیای ریاضی از نوعی جدید است که در آنها ظاهرا مفاهیم ریاضی، از پیش، جایگاه ویژه ندارند. ولی با کمی تعمق و یافتن مدلی مناسب ساختار ریاضی ویژه پدیده‌های مورد نظر رخ می‌نماید. شروع الهامات ریاضی از جانب زیست شناسی از همین نقطه آغاز می‌شود. برای پاسخ دادن به پرسشهای مورد بحث، که بر اساس آن مدل ساخته شده است، ممکن است ریاضیات نوینی مورد نیاز باشد. این رابطه نه تنها به استفاده از ابزار ریاضی توسط زیست شناسی منجر می‌شود، بلکه به ساختن ابزاری جدید در ریاضی نیز خواهد انجامید.

حوزه‌هایی از زیست شناسی که ذهن بشر را به خود مشغول داشته است شامل موارد سنتی و نیز مدرن (هر چند نه محدود به آنها) است؛ مانند اپیدمیولوژی، بقا و انقراض، شبکه‌های عصبی، بیوشیمی، سرطان، آنتروپی و بعد توپولوژیکی، ساختارهای فرکتالی زیستی، نظریه ریاضی تکامل[۱۲]، زندگی زمینیان در خارج از زمین: تاثیر گرانش بر عملکرد دستگاه عصبی، تاثیر پرتوهای کیهانی[۱۳] بر زندگی، و نیز حوزه‌هایی به ظاهر تخیلی مانند قواعد ریاضی حاکم بر زندگی فرازمینیان احتمالی، و حوزه‌هایی به ظاهر غیر قابل نفوذ مانند ریاضی آغاز حیات.

[10] Singular Perturbation
[11] Coupling of Biological Oscillators
[12] Mathematical Theory of Evolution
[13] Cosmic Rays

در کنار این نوع از گسترش ریاضی برای پاسخ به پرسشهای نو از جانب زیست شناسی، دریافت‌های سنتی مانند تاثیر تاخیر[۱۴] بر کاتالوگ تنوع رفتارهای کیفی، چندپایداری[۱۵] در رخدادهای زیستی، تحلیل حساسیت نسبت به پارامترهای حیاتی با تغییر کند، همچنان کارا باقی خواهند ماند. به علاوه زیست شناسی در پیشروی پایان ناپذیر خود در حوزه ابزار ریاضی به نظریه‌های دسترس پذیری و زیست پذیری(سازوکارپذیری)[۱۶] خواهد پرداخت.

یکی دیگر از تاثیرات متقابل زیست شناسی و ریاضی، که آغاز آن هویدا شده شده است، صورت بندی نوین مکتبهای مدل سازی سنتی و زایش مکتب‌های جدید در مدل سازی است (۱-۶). اگر زیست شناسی ریاضیات را وادار به حرکت در جهتی ویژه می‌کند، ریاضی نیز از جانب خود روشهای بالینی و آزمایشگاهی را با ارائه الگوی جدیدی از تفکر آزمایشگاهی به پیش می‌راند. پیشرانه کلیه این فرایندها کنجکاوی پایان ناپذیر بشر است.

۲- چه حوزه هایی از ریاضی در زیست شناسی پرکاربرد ترند؟

هنگام تبادل نظر میان یک زیست شناس و یک ریاضیدان، این پرسشی است دو طرفه. چنین پرسشی از دو دیدگاه قابل تامل است که ظاهرا مشابه اند، ولی در عمل طبیعتی متفاوت دارند. به همین جهت هر دو با ذکر برخی جزییات در زیر شرح داده خواهند شد.

دیدگاه نخست طبیعتی تعاملی دارد. از یک طرف زیست شناس می‌خواهد بداند که چه ریاضیاتی به کار او خواهد آمد؛ آیا می‌تواند میان ریاضی مورد نیاز و در دسترس با جنبه‌های زیست شناسانه مورد نظر خود ارتباطی برقرار سازد؛ آیا همکار ریاضیدان او مجهز به ریاضی مورد نیاز است؛ و بسیاری پرسشهای دیگر. از طرف دیگر ریاضیدان می‌خواهد بداند که چه ریاضیاتی به کار زیست شناس خواهد آمد، آیا می‌تواند ارتباطی میان ریاضی در دسترس با جنبه‌های زیست شناسانه مورد نظر زیست شناس برقرار سازد، آیا ریاضیاتی که او می‌داند برای حل مسئله ای که زیست شناس مشغول آن است کارایی دارد، و بسیاری پرسشهای دیگر. اینطور به نظر می‌رسد که پرسشهای ذهنی و درونی یکسانی یک زیست شناس و یک ریاضیدان را، در برقراری یک ارتباط برای حل یک مسئله مشترک مورد علاقه، مشغول می‌سازند.

از دیدگاه دوم، که طبیعتی تنهاگرایانه دارد، هنگامی که یک زیست شناس به تنهایی به ریاضی و همفکری با یک ریاضیدان می‌اندیشد، پرسشهای کاملا متفاوتی به ذهنش خطور می‌کند که برآیند آنها اینگونه است: آیا او زبان ریاضیدان را خواهد فهمید، آیا پیچیدگی[۱۷] ریاضی ناشی از حضور یک ریاضیدان در پژوهش او تصنعی خواهد بود و یا دستاوردی واقعی خواهد داشت. از همین دید هنگامی که یک ریاضیدان به تنهایی به زیست شناسی و همفکری با یک زیست شناس می‌اندیشد، پرسشهایی به ذهنش خطور می‌کند که برآیند آنها چنین است: آیا او خواهد توانست مسئله زیستی طرح شده از طرف زیست شناس را به گونه ایی بنیادین بفهمد، آیا ریاضیاتی که او می‌داند همانی است که آن مسئله زیستی بر اساس آن حل خواهد شد.

گرچه ظهور این سوالات طبیعی است و نیز اجتناب ناپذیر، ولی پرداختن به پاسخ پرسشهای مطرح شده لزوما سازنده نیست. در مقابل، به جای تلاش برای یافتن پاسخ این پرسشها، باید به درکی سازنده رسید که پایه آن در یک مفهوم مشترک نهفته است و آن مهارت مدل سازی است. بدین ترتیب، در راستای ساختن مدل، همفکری زیست شناسی و ریاضی در راستای موضوع مورد بحث تکامل پیدا می‌کند به گونه ایی که دو طرف زبان یکدیگر را می‌فهمند و بر مسئله از دیدگاه یکدیگر تسلط پیدا می‌کنند. به علاوه، پیچیدگی ریاضی نه به عنوان فرضی اولیه بلکه به عنوان پدیده ایی پویا، تحول پیدا می‌کند. سپس، به جای بحث در این خصوص که چه ریاضیاتی مورد نیاز است، فرایندی در پیش گرفته می‌شود که ریاضیات مورد نیاز از درون این فرایند زاده شود. آنچه بیش از به کاربستن ریاضیات موجود ممکن است تحول آفرین باشد، این است که ابداعی نو در ریاضی صورت گیرد که انگیزه آن مسئله ایی در زیست شناسی باشد.

اگر به موضوع همفکری ریاضی و زیست شناسی این گونه نگاه کنیم، این ایده کلی پیش می‌آید که هر پرسش زیست شناسی دارای راهی منحصر بفرد برای خود است و گویا

[14] Effect of Delay
[15] Multistability
[16] Accessibility Theory, Viability Theory
[17] Complexity

برای گنجاندن مسائل زیستی در قالب‌های ریاضی چارچوبی کلی در دسترس نیست. این بدان معنی است که زیست شناسی به عنوان علمی سرشته شده با ریاضی دیده نشده است و سرشتی ریاضی مدار برای زیست شناسی متصور نیست. از یک منظر، هنگامی که زیست شناسی را با مکانیک مقایسه می‌کنیم، این گفته درست است. در می‌یابیم که صورتگرایی ریاضی برای تفکر در باره مکانیک ابداع شده است ولی چنین چیزی برای زیست شناسی هنوز ساخته نشده است. هر چند این ادعا درست است ولی شرایط در سده بیست و یکم برای زیست شناسی به گونه ای است که چندان هم بدون چارچوب نیست. در این باره مثال‌های بسیاری وجود دارد که برچسب زیستی بر مفاهیم ریاضی خورده است. شاید هنوز چارچوبی با عنوان سرشت ریاضی زیست شناسی وجود نداشته باشد ولی عنوان‌هایی مانند نوسانهای زیستی، سازوکارهای ریاضی انقراض، آمار زیستی و حسابگری زیستی نشان می‌دهند که زیست شناسی در حوزه ریاضی واجد نوعی تفکر ساختارگرا[18] نیز می‌باشد (۷).

بدین ترتیب، پرسش مطرح شده در این بخش را بدین صورت خواهیم فهمید که زیست شناسی در حال ساختن ریاضیات ویژه خود است و هر حوزه ایی از ریاضیات می‌تواند در این ساختار مشارکت کند.

۳- چه ریاضیدان هایی برای ساختن ساختار ویژه زیست شناسی مناسب ترند؟

در بخش ۲ به گونه ایی ابتدایی این پرسش مطرح شده بود. در اینجا به این مقوله با دیدی گسترده‌تر می‌نگریم. در انتهای آن بخش به این نتیجه رسیدیم که رابطه زیست شناسی و ریاضی از نوع ایجاد ساختارهای ویژه است. بدین ترتیب ریاضیات یک حوزه، و نیز ریاضیدان آن حوزه، در ایجاد ساختار موثر خواهند بود. به طور معمول آنچه که به ذهن اغلب افراد می‌رسد، تمایز میان ریاضیدانان محض و کاربردی است. طبیعی است که در ابتدای امر این ایده به ذهن برسد که مناسبترین نوع ریاضیدان، برای مشارکت در ایجاد ساختار ریاضی ویژه زیست شناسی، ریاضیدانی است از حوزه ریاضی کاربردی، زیرا چنین فردی به گسترش ریاضی به عنوان ابزاری برای پاسخ به پرسش‌های دنیای واقعی می‌پردازد. در ادامه امر، ممکن است این ایده به ذهن برسد که مناسبترین ریاضیدان، برای مشارکت در ایجاد ساختار ریاضی ویژه زیست شناسی، ریاضیدانی است از حوزه ریاضی محض زیرا چنین فردی به گسترش ریاضی به عنوان ابزاری برای ایجاد ساختار می‌پردازد. برای برداشتن این تعارض و گام برداشتن در راهی سازنده می‌توان به مفهومی مشترک به عنوان فرایند مدل سازی پرداخت.

بدین ترتیب، در سرآغاز، ریاضیدانی که علاقه مند به فرایند مدل سازی باشد، بهترین گزینه برای مشارکت در ایجاد ساختار ریاضی ویژه زیست شناسی است. در این مرحله باید به این مسئله بپردازیم که جایگاه یک ریاضیدان علاقه مند به مدل سازی در کل فرایند مدل سازی کجاست. طبیعی است که وقوف او بر این جایگاه الزامی است و این سطور در تلاش برای بیان چنین جایگاهی است. فرایند مدل سازی دارای مراحل گوناگونی است و در حالت کلی امکان ارائه طرحی جامع با کلیه جزییات که قابل استفاده در همه مسائل باشد وجود ندارد. ولی برای مشخص شدن جایگاهی که پیش از این مطرح شد به ارائه طرحی مفهومی و به دور از جزییات فنی می‌پردازیم.

بر اساس ساده ترین تقسیم بندی، نخستین گام در مدل سازی وجود مشاهدات میدانی و تجربی است. دومین گام در مدل سازی ساختن یک صورت ریاضی برای این مشاهدات است. سومین گام در مدل سازی مقایسه خروجی مدل با مشاهدات است که در صورت تعارض بر اساس آن مدل اصلاح شود. اگر بخواهیم نقش زیست شناس و ریاضیدان را در فرایند مدل سازی مشخص کنیم واضح است که در دید نخست به طور بدیهی زیست شناس دو کار مهم انجام می‌دهد و آن جمع آوری یا تولید مشاهدات میدانی و تجربی است و نیز مقایسه خروجی مدل با مشاهدات و اعلان مقبولیت مدل و یا نیاز به اصلاح آن است. در برابر آن، روشن است که ریاضیدان موظف است که مشاهدات میدانی و تجربی را از زیست شناس بگیرد و صورت ریاضی مدل را بسازد و خروجی‌های آن را تولید کرده و جهت اعتبار سنجی در اختیار زیست شناس، قرار دهد. بر این اساس، فعالیت ریاضیدان همبند[19] و فعالیت زیست شناس ناهمبند خواهد بود. هر چند این

[18] Structural Thought

[19] Connected

فرایند کاملا منطقی به نظر می‌رسد، دارای یک حلقه مفقوده است. اصولا چرا یک ریاضیدان و زیست شناس باید دست به چنین فعالیتی بزنند و اینکه مقوله اعتبار سنجی با چه معیاری صورت می‌گیرد. پر نمودن این حلقه مفقوده با این مفهوم صورت می‌گیرد که اصولا آغاز فرایند مدل سازی نیازمند، دست کم، یک پرسش بنیادی است. بدین ترتیب چیزی با عنوان کلی مدل ریاضی برای یک پدیده خاص زیستی وجود ندارد. آنچه که وجود دارد مدلی است برای یک پدیده که به پرسشی بنیادی پاسخ دهد. بدین ترتیب، کلیه فرایند مدل سازی با این هدف آغاز می‌شود که به آن سوال پاسخ دهد. هنگام مدل سازی و ارزیابی و اعتبار سنجی مدل، معمولا ساده ترین صورت، که بتواند به آن پرسش بنیادی پاسخ دهد و آن پاسخ برخی مشکلات مربوط به آن پدیده را حل کند، اختیار می‌گردد. بنابراین اگر مدلی ساخته شد و به پرسشی بنیادی پاسخ داد و مداخله‌های مربوطه را سازماندهی کرد، ممکن است در مواجه با پرسش بنیادی دیگری نیازمند گسترش مدل برای پاسخ دادن به سوال جدید باشد. در کلیه مراحل مدل سازی و تحلیل، هر دو متخصص ریاضی و زیست شناسی با تبادل نظر پی در پی دست به ساختن مدل می‌زنند. در نتیجه کلیه دخالت‌های هر دو نوع تخصص متوالی است (۸).

۴- مثال های ساختار ریاضی ویژه زیست شناسی کدامند؟

تواتر بالای همکاری زیست شناسی و ریاضی در پاسخ به پرسش‌های بنیادی از طریق مدل سازی منجر به ایجاد مفهومی با عنوان «زیست-ریاضی» شده است. دسته بسیاری از تفحصات در زیست-ریاضی و به کار بستن دستاوردهای آنها (یا نادیده گرفتن آنها) تاثیر سازنده (یا مخرب) بسزایی در تصمیم گیری‌های مهم اجتماعی، اقتصادی، زیست-بومی، و پزشکی داشته است. در اینجا به برخی از این موارد و اهمیت تداوم مطالعات مربوطه برای ایران اشاره می‌شود.

مدل های اپیدمی ساده ترین انواع مدل‌های شیوع بیماریها، که اختصارا مدل اس‌آی‌آر (سیر)[20] خوانده می‌شود، بیانگر وجود خم وارون توابع هایپربولیک در سازوکار بروز و فروکش است. در این مدل‌های ساده سوال بنیادی مربوط می‌شود به سازوکار گسترش یک اپیدمی و چگونگی تحلیل داده‌ها برای توصیف اندازه بخشی از جامعه که بیماری را تجربه نمی‌کنند. مدل‌های پیشرفته تر از توزیع سنی و مکانی[21] نیز بهره می‌برند و ترکیب تقابلی شیوع یک بیماری مشترک میان دو گونه همسایه را بررسی می‌کنند. در برخی از این مدل‌ها که امکان به صفر رساندن آلودگی ممکن نیست، تلاشی وافر صورت می‌گیرد برای کنترل اندازه بخشی از جامعه که آن بیماری را تجربه می‌کنند. به عنوان مثال، کلیه تلاشهای انجام شده در مدل سازی شیوع سندروم نقص ایمنی اکتسابی در این راستا است که گروه آلوده کنترل شود. در کنار این مدل‌ها، مدل‌های درمانی مربوط به آلودگی به ویروس اچ آی وی نیز، در راستای درمان فرد آلوده، بسیار مورد توجه واقع شده اند. بنا به دلایلی مطالعات مدل سازی از نوع دوم، که مربوط به درمان است، بیشتر مورد توجه قرار گرفته اند. هر چند از منظر قابل اجرا بودن، به علت نبود فناوری لازم، با ابهام بسیاری روبرو هستند. ولی در ایران، با توجه به شرایط ویژه ایجاد شده در گسترش این بیماری مطالعات از نوع اول مربوط به شیوع از اهمیت بیشتری برخوردار اند.

مدل های انسانی اجتماعی یکی از زمینه‌های مهم همکاری میان زیست شناسی و ریاضی به مسائل زیستی – اجتماعی مربوط می‌شود. در این خصوص در باره امکان تطابق دو نفر برای ازدواجی پایدار مطالعات عمیقی صورت گرفته است. اصولا به علت تعداد زیاد صفت‌های انسانی، که بر اساس آنها، امکان کشف تطابق برای چنین نوعی از پایداری بسیار دشوار است. در مقابل مطالعاتی صورت گرفته است که امکان پایداری مورد بحث را به اندازه گیری دو کمیت برآیند فرایندی کاهش می‌دهد. در این مطالعات که گروهی از متخصصین ریاضی، آناتومی، روانشناسی، و نیز متخصصینی از علوم دیگر حضور داشته اند، مطالعه با تعداد زیادی زوج‌های داوطلب به مدتی طولانی انجام شده است (۹). دو کمیت مورد بحث عبارتند از شیب شدت واکنش‌های مثبت و منفی در اثر کنش‌های مثبت و منفی. بر اساس این زوج کمیت‌ها، کلیه ازدواجها در جامعه مورد مطالعه به ۵ دسته تقسیم شدند. که دو دسته نخست دارای روابطی با پایداری مجانبی اند و دو دسته آخر دارای

[20] SIR (Susceptible-Infected-Removed)

[21] Age Distributed Model, Spatial Model

روابطی با ناپایداری با زمان گریز متناهی اند[۲۲]. دسته سوم که از هر دو طرف میانی محسوب می‌گردد، دارای پایداری ساختاری است ولی فرّار[۲۳] بوده و دارای نوساناتی پایان ناپذیر است. به علاوه این مطالعات، تحول زمانی این روابط را بر اساس نقاط تعادل و جداسازها، و دامنه‌های رهایش بیان کرده است. کلیه این نتایج بر اساس مدل‌های‌ریاضیاتی بدست آمده اند که با استفاده از مشاهدات طولانی با مشاوره متخصصین آناتومی، روانشناسی و دیگر علوم مربوطه ساخته شده اند.

از آنجایی که نتایج این گونه مطالعات به مدل ساخته شده بستگی دارد، به کاربستن این دستاوردها در ایران بدون تلاش برای ساخت مدلی منطبق بر شرایط زیست-کشور معتبر نخواهد بود. ساخت مدلی مناسب برای جامعه ایران در رابطه با تحولات زمانی ازدواج، کاری است نیازمند متخصصین بسیار و نیازمند زمانی طولانی، ولی دستاوردهای آن بسیار با ارزش خواهند بود.

مدل های بیوشیمی در بسیاری از پدیده‌های زیستی، واکنشهای شیمیایی نقشی اساسی دارند (۱۰). در چنین حوزه‌هایی ساخت مدل و تحلیل ریاضی نیازمند توجهی ویژه به واکنشهای شیمیایی دخیل در این پدیده‌هاست. تا اواسط سده بیستم تصور این بود که تحولات پایه در واکنشهای شیمیایی از نوع شبه-تعادل[۲۴] است، ولی اینک بخوبی روشن شده است که در فرایندهای شیمیایی امکان وقوع نوسان وجود دارد. بدین ترتیب نوسان‌های ناشی از واکنشهای شیمیایی نقشی مهم در مفهوم نوسان زیستی پیدا می‌کنند. یکی از جنبه‌های مهم از چنین مدل‌هایی عبارتست از تحلیل اختلال تکین. نظریه اختلال خود بر این اساس استوار است که توصیف عملکرد دستگاه تحت مطالعه بوسیله تقریبی از یک دستگاه دیگر که بررسی آن ساده تر است، صورت گیرد. اگر همگرایی دستگاه تحت مطالعه به دستگاه ساده تری که اختیار شده است یکنواخت نباشد، عنوان اختلال تکین بکار می‌رود. گاهی واکنش شیمیایی در پدیده زیستی مورد نظر تحت تاثیر یک آنزیم قرار دارد. وجود آنزیم منجر به وقوع مقیاسهای زمانی متعدد[۲۵] می‌گردد به طوری که در مرحله تحلیل مدل و اعتبار سنجی، به دست آوردن خروجی از مدل حاصل شده نیازمند محاسبات در چندین مقیاس زمانی خواهد بود. انجام جداگانه این محاسبات به این دلیل ضروری خواهد بود که در هر برشی از وضعیت دستگاه توصیف کننده مدل، برخی متغیرها تغییراتی بسیار آهسته خواهند داشت و برخی تغییراتی بسیار سریع. معمولا در چنین وضعیتی، محاسبه همه متغیرها برای همه زمان‌ها با دقت یکسان امکان پذیر نیست. به همین دلیل از ابزار اختلال تکین بهره گرفته می‌شود. اصولا ابزار مربوط به نظریه اختلال تکین برای حل چنین مسئله‌هایی ابداع شده است. از جمله رفتارهای بسیار معمول در مدل‌هایی با چندین مقیاس زمانی، پدیده ای است با عنوان آرامش-نوسان[۲۶] . مقوله اختلال تکین و وقوع آرامش-نوسان زمانی پیچیده تر می‌شود که نوسانگرهایی با ویژگی‌های زیستی نزدیک به هم به طور ضعیف با هم تزویج[۲۷] شوند و بدون از رفتن کامل استقلال، رفتار یکدیگر را تحت تاثیر قرار دهند. از جمله مثال‌های این پدیده می‌توان به کرم‌های شب تاب اشاره کرد. هر کرم شب تاب مانند یک نوسانگر الکترو شیمیایی نوعی آرامش-نوسان را از خود بروز می‌دهد. هنگامی که دو کرم شب تاب در تاریکی به هم می‌رسند، نوسانگرهای آنان در هم درگیر می‌شوند و عملکرد نوسانی هر یک دچار اعوجاج[۲۸] می‌گردد. این اعوجاج تلاشی خواهد بود برای همزمان سازی ارسال پالس‌های نوری. ولی آنچه که در عمل وقوع آن، علاوه بر همزمانی، محتمل است عبارتست از قفل-فاز و یا رانش-فاز[۲۹].

یکی از مسائلی که هم اینک در این حوزه مورد توجه قرار گرفته است، مقوله مدل کلی بدن[۳۰] است (۱۱). در این راستا همه اعضای بدن مدل سازی شده و سپس به هم متصل می‌شوند تا عملکرد یک بدن واقعی را به طور کامل در قالب یک مدل نشان دهند. با توجه به اینکه در بسیاری از فعالیت‌های بدن آنزیم‌ها نقشی اساسی دارند، طبیعی است که روش بیوشیمی شرح داده شده و جزییات آن، در مدل سازی بسیاری از اجزای این مدل کلی کارایی ویژه ایی داشته باشد. این مسئله از نظر علمی و نیز دستاوردهای فناوری از اهمیت ویژه ای برخوردار است و ظرفیت بومی ایجاد فناوری زیستی در آن نهفته است.

[22] Asymptotic Stability, Unstability , Finite Escape Time
[23] Structural Stability, Volatile
[24] Quasi Equilibrium
[25] Multiple Time Scale

[26] Relaxation Oscillation
[27] Weak Coupling
[28] Distortion
[29] Synchronization , Phase Locking, Phase Drift
[30] Whole Body Model

مدل های سازوکار انقراض و بقا از جمله مسائل بسیار پر تکرار در زیست شناسی، انقراض یا بقای یک گونه است. بندرت در طبیعت، انسان امروزی انقراض را سازنده یافته است مگر در مواردی مانند عوامل برخی بیماری زای خطرناک. در سایر موارد بنای فعالیت‌های زیست-بوم انسان، در دهه‌های اخیر، مبتنی بر بقاست. هر چند اندیشیدن به بقای یک گونه بدون در نظر گرفتن وضعیت سایر گونه‌ها اندیشه ای کامل به نظر نمی‌رسد، ولی در مواجهه با برخی حالت‌های خاص مدلهایی ساخته می‌شوند تا تحول یک گونه را در محیطی محدود و در زمانی معین برای درک امکان بقا یا انقراض به دست دهند. در حالتی ایدآل تر، مدل ساخته شده تا حد مناسبی فضای پیرامون آن گونه را، که ممکن است شامل چندین گونه دیگر نیز گردد، در نظر می‌گیرد. ممکن است مدل ساخته شده تعادلی را نشان دهد و بر اساس آن تعادل گمان بریم که آن گونه از انقراض فاصله گرفته است، ولی باید توجه داشت که حتی در حالت وجود چنین تعادل‌هایی امکان انقراض وجود دارد. از جمله سازوکارهای شناخته شده انقراض در عین وجود نقطه تعادل ناصفر می‌توان به اثر آلی[31] اشاره کرد (۹). سازوکارهای دیگری نیز برای مدل سازی انقراض و بقا وجود دارند که در این جا ذکر نشده اند.

از آنجایی که محیط زیست ایران به شدت آسیب دیده است، مطالعه ایی وسیع در خصوص بقای گونه‌های جانوری و گیاهی ایران ضروری است. در چنین مطالعه ای مدل ساخته شده باید تا حد ممکن همسایگان یک گونه را در حوزه زیست بوم در دسترس در برگیرد تا تلاش برای بقای یک گونه به انقراض سایر گونه‌ها نینجامد. دستاورد چنین مطالعه ای در خصوص مدلسازی بقای با دوام گونه‌های حیات در ایران می‌تواند به عنوان معیاری برای شاخص کیفیت زندگی شهروندان ایرانی به کار آید.

مدل های آمار زیستی مدل سازی مکتب‌های گوناگونی دارد و یکی از آن ها مکتب مدل سازی آماری است. هنگامی که این مکتب به مدل سازی پدیده‌های زیستی می‌پردازد عنوان «آمار زیستی» را اختیار می‌کند. گاهی از این مکتب در قالب کاربست آمار در علوم زیستی یاد می‌شود (۱۲-۱۳). در این مکتب از مدل سازی، اساس کار داشتن داده‌های میدانی به صورت اعداد است؛ سپس تلاش وافری صورت می‌گیرد که الگوهای مناسبی در میان داده‌ها به دست آید. در راه یافتن این الگوها، مهمترین ایده‌ها از راه‌هایی مانند نظریه اندازه و نظریه احتمال، فرایندهای تصادفی و سری‌های زمانی[32] با در نظر گرفتن وردش، نویز، اختلال و اغتشاش[33] به کار گرفته می‌شوند. حوزه‌های کاربرد این دیدگاه از مدل سازی شامل همه تجربیات و دستاوردهای میدانی و آزمایشگاهی می‌شود. در این میان نظریه پردازش سیگنال‌ها و یافتن اشیاء هندسی از جمله اشیاء ناوردا و انتگرال‌ها[34] از جایگاه ویژه ایی برخوردار اند. بر همین اساس نظریه توپولوژیکی پردازش سیگنال‌ها[35] رشد یافته است. به علاوه، گاهی، دلیل اینکه برخی از مطالعات مدل سازی در قالب این مکتب صورت می‌پذیرد این است که ساختار مشاهدات به گونه ای است که پیش از اقدام به ساخت مدل لازم است که با استفاده از روشهای آماری مذکور مشاهدات سازمان دهی شوند.

با توجه به اینکه در طی سال‌های اخیر داده‌های بسیاری در باره بسیاری از جنبه‌های زیستی ایران تهیه شده است، تلاش برای طرح جنبه‌های گونا گون زیست شناسانه این داده‌ها در قالب این مکتب بسیار ارزشمند خواهد بود. در این خصوص می‌توان به حوزه‌هایی مانند محیط زیست، گسترش بیماری‌های اکتسابی و غیر اکتسابی اشاره کرد. یکی از مسائلی که در ایران شایسته توجه است و ممکن است داده‌های دقیق و کاملی نیز در رابطه با آن در دسترس نباشد، مدل سازی گسترش نقص‌های ژنتیکی مولد بیماری است. دستاوردهای چنین مطالعاتی می‌تواند برای سیاست گزاری‌های کلان نیز مورد استفاده قرار گیرد.

۵- در آینده چه حوزه هایی از زیست شناسی بیش از دیگر حوزه ها از ریاضی بهره خواهند برد؟

برای پاسخ به این پرسش می‌توان از دو دیدگاه به آن پرداخت. نخست از دید اهمیت موضوع، که بر اساس آن موضوعاتی که از اهمیت بیشتری برخوردار هستند بیشتر مورد اقبال زیست شناسان قرار می‌گیرند و در پی آن ریاضیدانان از قِبَلِ اهمیتی که آن مسائل در حوزه زیست

[31] Alee Effect

[32] Measure Theory, Probability Theory, Stochastic Process , Time Series
[33] Variation, Noise, Perturbation, Disturbance
[34] Signal Processing, Invariant Objects, Integrals
[35] Topological Signal Processing

یافته اند در حل آنها تلاش می‌کنند. این گونه مسائل فهرست بسیار بلندی دارند و این نوشتار قادر نیست چنین فهرستی را ارائه کند و اصولا چنین نیتی نیز نداشته است. بعلاوه اینکه چارچوب پیش بینی این نوع اهمیت یافتن در آینده در این نوشتار طرح نشده است. زیرا، ورود هر موضوع به چنین فهرستی تابعی است از تعداد بسیار زیادی از نیازهای دراز مدت و آنی و نیز تجربیات انسانی. ولی برای روشن شدن موضوع مورد بحث، در اینجا، چند مثال از این گونه موارد نگاشته می‌شود. هر چند این موارد به گذشته بر می‌گردند، و لزوما پاسخی به آینده نگر بودن پرسش این بخش ندارند، ولی می‌توانند ایده ای از فرایند اهمیت یافتن موضوعات در رابطه میان زیست شناسی و ریاضی را ارائه کنند. از جمله این موارد می‌توان به مدل سازی‌های مربوط به *تحول گونه‌های تک جمعیتی*، *مسیر یابی موشهای شهری*، *شکار و شکارچی*، *شیوع بیماری‌های عفونی*، *دوره نهفتگی طولانی برخی بیماری‌های ویروسی*، اشاره کرد. همانطور که گفته شد این فهرست که مربوط به گذشته است بسیار بلند بوده و آینده آن نیز تقریبا بی‌کران است.

از دیدگاه دوم، از زاویه دید یک ریاضیدان به مسئله می‌نگریم. ممکن است که او به اهمیت یک موضوع واقف باشد و یا واقف نباشد، ولی آنچه که او را به سوی یک مسئله زیستی و فراخواندن یک زیست شناس برای کمک به حل آن می‌کشاند فقط مقوله اهمیت داشتن نیست. این ساختار سوال است که ذهن او را به سوی مسئله ایی خاص به حرکت در می‌آورد. پرسش‌هایی که ساختار آنها ذهن یک ریاضیدان را می‌ربایند معمولا بیان ساده ایی دارند و واژه‌هایی مانند اثر در آنها بکار رفته است. از جمله این موارد می‌توان به *اثر ولف چایکوف* و *اثر آلی*[36] اشاره کرد. در این کلید واژه‌ها پیش واژه اثر بدین معنی است که پدیده ایی با تواتر زیاد مشاهده شده است ولی توضیحی جامع برای آن بدست نیامده است. در اغلب موارد، هر کدام از این کلید واژه‌ها انگیزه ایی برای ارائه نوعی مدل ریاضی اند. نوع دومی از مسئله‌ها که ذهن یک ریاضیدان را به سوی خود می‌رباید صفت *درست فهمیده نشده*[37] است. در چنین مواردی با پدیده‌هایی روبرو هستیم که در آزمایشگاه‌ها تجربه شده است ولی توصیفی علمی و عالم پسند از آن‌ها بدست نیامده است. به عنوان یک نمونه از این موارد می‌توان به «*زایلیتون عملکرد ضد پوسیدگی زایی دارد ولی دلیل آن درست فهمیده نشده است ...*[38]» در (۱۴، ص. ۸۴) اشاره کرد که در (۱۵) نیز مورد بررسی قرار گرفته است. نوع دیگری از سوالات که رباینده ذهن ریاضیدان به سوی خود است، پرسشهای کوتاهی است که با چرا آغاز می‌گردد. از جمله آن‌ها می‌توان به «*چرا برخی افراد هنگام فعالیت فیزیکی با تاخیر دچار تواتر تنفس می‌شوند؟*» اشاره کرد (۹). مثال‌های متنوع دیگری نیز وجود دارند و این فهرست نیز پایانی ندارد. اگر ریاضیدان با ترکیبی از این ساختارها روبرو گردد، احتمال ربایش ذهن او به سوی آن مسئله بسیار افزایش خواهد یافت. به عنوان مثال عبارت «*در انسان کاهش شدید فعالیت تیروئید در اثر افزایش ناگهانی ید مصرفی که به اثر ولف چایکوف معروف است به درستی فهمیده نشده است. چرا سطح بالای ماده اصلی مورد نیاز برای تولید تیروکسین می‌تواند تیروئید را موقتا سرکوب کند؟*»، (۱۶-۱۷). این پرسش می‌تواند برای یک ریاضیدان بسیار فریبنده باشد. دیدگاه‌های ریاضی در مطالعات زیست شناسانه ژنتیک نیز توجهات بسیاری را به خود جلب می‌کند (۱۸).

۶- آیا نمونه هایی از تاثیر زیست شناسی بر آثار ریاضیدانان ایرانی وجود دارد؟

صفت زیست ریاضی به هر فعالیت ریاضی با رویکرد زیستی، یا هر فعالیت زیستی با رویکرد ریاضی تعلق می‌گیرد. از این منظر رویکرد زیستی برای فعالیت‌های ریاضی می‌تواند از نوع حل مسائلی از حوزه ریاضی باشد که از مدل‌های زیستی حاصل شده اند. نوع دیگر چنین رویکردی این است که مسائلی هستند که صرفا ریاضی و یا فنی اند و ارتباطی با مقوله زیست ندارند ولی راه حل‌هایی برای آنها با الهام از پدیده‌های زیستی وجود دارند. به علاوه، رویکرد ریاضی برای زیست شناسی به معنی حل مسئله‌های زیستی با ابزار ریاضی است. بر اساس این رویکردها، زنجیره ای از الهامات ریاضی برای تفحصات زیستی، که پیش از این رخ نداده اند، در راه است.

[36] Wolff–Chaikoff Effect , Alee Effect
[37] Not Well Understood
[38] "Xylitol has an anti-cariogenic action. The reasons for this are not well understood... "(14, p. 84).

بنا بر سنت پا گرفته در ایران، بر هر فعالیت ریاضی با رویکردهای زیستی صفت «ریاضیات‌زیستی» و بر هر فعالیت زیستی با رویکردهای ریاضی صفت «زیست‌ریاضی» وارد می‌شود. برای بررسی موضوع این بخش به مراکز تجمع پژوهش‌های مربوط به ریاضیات‌زیستی و زیست‌ریاضی در ایران می‌پردازیم. نخست به گسترش ریاضیات‌زیستی و سپس به گسترش زیست‌ریاضی می‌پردازیم.

یکی از مراکزی که رسما به ریاضیات‌زیستی پرداخته است قطب بیومت[39] دانشگاه تهران است که به مدت پنج سال به این مقوله پرداخته است. در این چارچوب مطالعاتی در زمینه شبکه‌های زیستی (۱۹)، الگوریتم‌های ژنتیک (۲۰)، توالی ژن‌ها و الگوهای آن، محاسبات آر اِن اِی، پردازش تصویر (۱۲-۲۳)، الگوریتم‌های رتبه گذاری و رتبه گشایی (۲۴)، آلگوریتم‌های موازی و کاربردهای آن، آلگوریتمهای دی اِن اِی (۲۵-۲۸)، الگوریتم‌های برنامه ریزی پویا (۲۹)، الگوریتمهای تولید آر اِن اِی (۳۰)، محاسبات دی اِن اِی (۳۱) آلگوریتم‌های مولکولی و کاربردهای آن (۳۲)، مطالعاتی صورت پذیرفت. در گروه بیوتکنولوژی دانشگاه تهران نیز مطالعاتی در زمینه زیست‌ریاضی در شاخه‌های زیست فناوری مولکولی، زیست فناوری پزشکی پیشرفته، مهندسی بافت و نانو تکنولوژی و زیست شناسی سامانه‌ها انجام می‌گیرد، مطالعاتی از حوزه بیوانفورماتیک تا حوزه زیست‌ریاضی (۳۳-۳۴).

یکی دیگر از مراکزی که رسما به ریاضیات‌زیستی پرداخته است، گروه بیومت[40] دانشکده ریاضی پژوهشگاه دانشهای بنیادی است که به مدت چهار سال به این حوزه پرداخت. در این چار چوب مطالعاتی در زمینه علوم اعصاب محاسباتی (۳۵-۴۲)، اپیدمی بیماریها (۴۳-۴۶)، علوم اعصاب ریاضی (۴۷)، و مدل سازی (۱۶-۱۷، ۴۸) انجام شد. در دانشکده علوم زیستی پژوهشگاه دانشهای بنیادی[41] مطالعات گسترده ایی در زمینه بیوانفورماتیک انجام شده است (۴۹-۵۱).

در خصوص پژوهشهای حوزه بیوانفورماتیک می‌توان به گروه بیوانفورماتیک موسسه مطالعاتی بیوفیزیک و بیو شیمی[42]، قدیمی ترین مرکز مطالعاتی این حوزه، اشاره کرد. در این گروه علاوه بر بیوانفورماتیک، مطالعات سیستم بیولوژی نیز در قالب یک آزمایشگاه [43]صورت می‌گیرد (۵۲-۵۳).

از دیگر مراکزی که به امر ریاضیات‌زیستی می‌پردازند، موسسه علوم شناختی[44] است. مطالعات این پژوهشکده در مقایسه با سایر پژوهش‌های ذکر شده کمتر محاسباتی است و تمرکز آن بیشتر بر جنبه‌های شناختی است (۵۴-۵۶). پژوهشکده علوم شناختی و مغز[45] دانشگاه شهید بهشتی، که مطالعات مشابهی انجام می‌دهد، از سه گروه مدلسازی شناختی، روانشناسی شناختی، و توانبخشی شناختی تشکیل شده است. در این رابطه می‌توان به ستاد توسعه علوم و فناوری‌های شناختی[46] و زیر مجموعه‌های آن اشاره کرد.

۷- گفتار پایانی

این مقاله دو هدف را دنبال نموده است. نخست به بیان ارتباط بین ریاضیات و زیست شناسی، در قالب یک جریان دو طرفه در دنیای مدرن و معرفی برخی ویژگی‌ها و نیز اجتماعاتی که به این امر پرداخته اند، توجه نموده است. بدین منظور به برخی روابط بنیادین و تاریخی این دو شاخه اشاره گردید و به پنج پرسش پرداخته شد. این پرسشها شایسته پاسخ‌های کامل تری هستند و این مقاله تنها دریچه‌ایی برای یافتن پاسخی شایسته به آنها گشوده است. به علاوه، از منظر این دریچه‌ها می‌توان پرسش‌های دیگری نیز طرح نمود که شایسته پاسخ باشند. در ایران امروز دریچه ورود به این پرسش‌ها و پاسخ‌های آن‌ها، در قالب فعالیت‌های علمی‌گروهی، گشوده شده و کشور در آستانه این دوران است. ایستادن در آستانه کاری سترگ به شمار می‌آید[47]، الزاماتی داشته و در عین دشوار بودن زاینده است. برای روشن شدن موقعیت کشور، در این فعالیت‌های علمی زیست‌ریاضی، در بخش۶، به اجتماعاتی پرداخته شد که در آنها جمعی از ریاضی دانان و زیست شناسان ایران در این زمینه تلاشی وافر نموده اند. در این

[39] Center of Excellence in Biomathematics, University of Tehran (2006-2011)
[40] Biomathematics group, School of Mathematics, IPM (2010-2013)
[41] School of Biological Science, IPM (2013-)

[42] Department of Bioinformatics, IBB, University of Tehran (1976-)
[43] Laboratory of Systems Biology and Bioinformatics, IBB, University of Tehran (2006-)
[44] Institute for Cognitive Science Studies (1998-)
[45] Institute for Cognitive & Brain Science (2013-)
[46] Cognitive Science and Technologies Council (2012-)
[47] طباطبایی، جواد، تاملی در باره ایران، جلد دوم، نظریه حکومت قانون در ایران، بخش نخست، مکتب تبریز و مبانی تجدد خواهی، ص. ۴۲، انتشارات مینوی خرد، تهران، ۱۳۹۲.

بخش اخیر، به همه گروه‌های پژوهشی و آموزشی فعال در زیست‌ریاضی کشور پرداخته نشد (اشاره به گروه های ذکر شده و آثار آن ها از روی دسترسی سریع به اطلاعات و در دسترس بودن سوابق بوده است. مطالعه جامع همه گروه های زیست ریاضی ایران و تاثیرات آن ها بر یکدیگر نیازمند مطالعه جامع تری است.)، مگر به برخی و در حد بضاعتی اندک، و گروه‌های مورد اشاره نیز نه به طور کامل و نه به طور یکسان مورد کنکاش و آدرس دهی قرار گرفته اند. تکمیل این امور نیازمند مطالعات جامع تری است.

مقوله زیست‌ریاضی منحصر به مسائل پژوهشی نیست و از جنبه آموزش نیروی انسانی کارآمد برای آینده نیز باید مورد مطالعه قرار گیرد. در باره تاثیر تمرین تفکر ریاضی و کسب مهارتهای ریاضی توسط دانشجویان زیست‌شناسی و علوم و تاثیر آن بر تفحصات آنها در آینده مطالعاتی صورت گرفته است (۵۷-۶۰). این موضوع نیز در کشور نیازمند کنکاش شایسته ای است. قطعا موارد متنوع تری نیز وجود دارند که در حوزه زیست‌ریاضی ایران نیازمند مطالعه هستند.

منابع

1. Cooper, S. B., and Maini, Ph. K., The mathematics of nature at the Alan Turing centenary, Interface Focus, 2, 393-396, 2012.
2. Edelstein-Keshet, L., Mathematical Models in Biology, SIAM, 2005.
3. Liao, L., and Tlsty, Th. D., Evolutionary game theory for physical and biological scientists. I. Training and validating population dynamics equations, Interface Focus, 4, 20140037, 2015.
4. Murray, J. D., Vignettes from the field of mathematical biology: the application of mathematics to biology and medicine, Interface Focus, 2, 397-406, 2012.
5. Noble, D., A theory of biological relativity: no privileged level of causation, Interface Focus, 2, 55-64, 2012.
6. Noble, D., Differential and integral views of genetics in computational system biology, Interface Focus, 1, 2010.
7. Haefner, J. W., Modeling Biological Systems: Principles and Applications, 2nd ed., Springer, 2005.
8. Schwartz, R., Biological Modeling and Simulation: A Survey of Practical Models, Algorithms, and Numerical Methods, The MIT Press, 2008.
9. Murray, J. D., Mathematical Biology: I. An Introduction, Springer, 2007.
10. Murray, J. D., Mathematical Biology: II. Spatial Model and Biomedical Applications, Springer, 2011.
11. Krauss, M., Schaller, S., Borchers, S., Findeisen, R., Lippert, J., and Kuepfer, L., Integrating Cellular Metabolism into a Multiscale Whole-Body Model, PLOS Computational Biology, 8, 10, e1002750, October, 2012.
12. Samuels, M. L., Witmer, J. A., and Schaffner, A., Statistics for the Life Sciences, Pearson, 2015.
13. Baldi, B., and Moor, D. S., The Practice of Statistics in the Life Sciences, W. H. Freeman, 2010.[48]
14. Bender, D. A., Introduction to Nutrition and Metabolism, Taylor and Francis, 2002.
15. Maguire, A., and Rugg-Gunn, A. J., Xylitol and caries prevention — is it a magic bullet?, British Dental Journal, 194, 429-436, 2003.
16. Rokni Lamooki, G. R., Shirazi, A. H., and Mani, A. R., Dynamical model for thyroid, Communications Nonlinear Science Numerical Simulation, 22, 297–313, 2015.
17. Rokni Lamooki, G. R., Townley, S. B., and Muller, M., Dynamical analysis of thyroid mathematical model, preprint, 2016.
18. Noble, D., Biophysics and systems biology, Mathematical, Physical & Engineering Science, Philosophical Transaction of Royal Society, A, 368, 1125-1139, 2010.
19. Razaghi Moghadam Kashani, Z., Ahrabian, H., Elahi, E., Nowzari-Dalini, A., Saberi Ansari E., Asadi, S., Mohammadi, S., Schreiber, F., and Masoudi-Nejad, A., Kavosh: a new algorithm for finding network motifs, BMC Bioinformatics, 1471-2105/10/318, 2009.
20. Mahdevara, G., Zahiria, J., Sadeghic, M., Nowzari-Dalinia, A., and Ahrabian, H., Tag SNP selection via a genetic algorithm, Journal of Biomedical Informatics, 43, 5, 800-804, 2010.
21. Zare-Mirakabad, F., Ahrabian, H., Sadeghi, S., Nowzari-Dalini, A., and Goliaei, B., New scoring schema for finding motifs in DNA Sequences, 1471-2105/10/93, March, 2009.
22. Zare-Mirakabad, F., Ahrabian, H., Sadeghi, M., Hashemifar, S., Nowzari-Dalini, A., and Goliaei, B., Genetic algorithm for dyad pattern finding in DNA sequences, Genes & Genetic Systems, 84, 1, 81-93, October, 2009.

[48] بریژیت بالدی، دیوید اس. مور ، کاربست آمار در علوم زیستی، ترجمه حمید پزشک، مرکز نشر دانشگاهی، ۱۳۹۴.

23. Zare-Mirakabad, F., Ahrabian, H., Sadeghi, M., Mohammadzadeh, J., Hashemifar, S., Nowzari-Dalini, A., and Goliaei, B., PSOMF: An algorithm for pattern discovery using PSO, Third IAPR International Conference on Pattern Recognition in Bioinformatics, Melbourne, Australia, 2008.

24. Ahmadi-Adl, A., Nowzari-Dalini, A., and Ahrabian, H., Ranking and unranking algorithms for loopless generation of t-ary trees, Logic Journal of the IGPL, 19, 1, 33-43, 2010.

25. Ahrabian, H., and Nowzari-Dalini, A., Parallel generation of t-ary trees with ballot-sequences, Journal of Discrete Mathematical Sciences and Cryptography, 9, 2, 2006.

26. Ahrabian, H., and Nowzari-Dalini, A., Parallel Generation of t-Ary Trees in A-order, The Computer Journal, 50, 5, 581-588, 2007.

27. Ahrabian, H., Mirzaei, A., and Nowzari-Dalini, A., A DNA Sticker Algorithm for Solving N-Queen Problem, International Journal of Computer Science and Applications, 5, 2, 12-22, 2008.

28. Ahrabian, H. Ganjtabesh, M., and Nowzari-Dalini, A., A Molecular Algorithm for Longest Path Problem, International Journal of Computer Information Systems and Industrial Management Applications, 3, 306-311, 2011.

29. Zahiri, J., Mahdevarb, G., Nowzari-dalini, A., Ahrabian, H., and Sadeghi, M., A novel efficient dynamic programming algorithm for haplotype block partitioning, Journal of Theoretical Biology, 267, 2, 164-170, 2010.

30. Seyedi-Tabari, E. , Ahrabian, H., and Nowzari-Dalini, A., A new algorithm for generation of different types of RNA, International Journal of Computer Mathematics, 87, 6, 2010.

31. Nowzari-Dalini, A., Elahi, E., Ahrabian, H., and Ronaghi, M., A New DNA Implementation of Finite State Machines, International Journal of Computer Science & Applications, 3, 1, 51-60, 2006.

32. Ganjtabesh, M., Ahrabian, H., and Nowzari-Dalini, A., Molecular solution for double and partial digest problems in polynomial time, Computing and Informatics, 28, 599-618, 2009.

33. Jafari, M., Sadeghi, M., Mirzaie, M., Marashi, S. M., and Rezaei-Tavirani, M., Evolutionarily conserved motifs and modules in mitochondrial protein–protein interaction networks, Mitochondrion, 13, 668-675, 2013.

34. Marashi, S. A., Rezaei-Tavirani, M., Zali, H., and Shokrgozar, M. A., Mitochondrial DNA might be influenced in calprotectin-induced cell death, EXCLI Journal, 7, 163-168, 2008.

35. Abbasian, A. H., Fotouhi, M., and Heidari, M., Neural fields with fast learning dynamic kernel, Biological Cybernetics, 106, 1, 15-26, 2012.

36. Abbasian, A. H., Fallah, H., and Razvan, M. R., Symmetric bursting behaviors in the generalized FitzHugh–Nagumo model, Biological Cybernetics, 107, 4, 465-476, 2013.

37. Bahraini, A., and Abbasian, A. H., Topological pattern selection in recurrent networks, Neural Networks, 31, 22-32, 2012.

38. Abdollah-nia, M. F., Saeedghalati, M. K., and Abbassian, A. H., Optimal region of latching activity in an adaptive Potts model for networks of neurons, 02, P02018, 2012.

39. Saeedghalati, M. K., and Abbassian, A. H., Modelling spatio-temporal dynamics of network damage and network recovery, Frontiers in Computational Neuroscience, 22, 2015.

40. Nasiriavanaki, Z., Arian Nik, M., Abbassian, A., Mahmoudi, E., Roufigari, N., Shahzadi, S., Nasiriavanaki, M., and Bahrami, B., Prediction of individual differences in risky behavior in young adults via variations in local brain structure, Frontiers in Neuroscience, 7, 2015.

41. Bayati, M., Valizadeh, A. R., Abbasian, A. H., and Cheng, S., Self-organization of synchronous activity propagation in neuronal networks driven by local excitation, Frontiers in Computational Neuroscience, 9, (2015).

42. Fotouhi, M., Heidari, M., and Sharifitabar, M., Continuous neural network with windowed Hebbian learning, Biological Cybernetics, 109, 3, 321-332, 2015.

43. Razvan, M. R., and Yasaman, S., Global analysis of a model of differential susceptibility induced by genetics, Nonlinear Analysis: Real World Applications, 12, 4, 2183-2197, 2011.

44. Razvan, M. R., and Yasaman, S., Global analysis of an SAIS model, Journal of Biological Dynamics, 6, 2, 457-474, 2012.

45. Razvan, M. R., and Yasaman, S., Global dynamics of a differential susceptibility model, International Journal of Biomathematics, 5, 5, 1250046-66, 2012.

46. Farajzadeh Tehrani, N., Razvan, M. R., and Yassaman, S., Global analysis of a delay SVEIR epidemological model, Iranian Journal of Science & Technology, 37A4: 483-489, 2013.

47. Hajihosseini, A., Maleki, F., and Rokni Lamooki, G. R., Bifurcation analysis on a generalized recurrent neural network with two interconnected three-neuron components, Chaos, Solitons and Fractals 44, 1004-1019, 2011.

48. Rokni Lamooki, G. R., Maleki, F. and Hajihosseini, A., A mathematical model for the admission process in intensive care units, Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation, 19, 1, 8-18, 2014.

49. Malekpour, S. A., Pezeshk, H., and Sadeghi, M., MGP-HMM: detecting genome-wide CNVs using an HMM for modeling mate pair insertion sizes and read counts, Mathematical Biosciences, 279, 53-62, 2016.

50. Malekpour, S. A., Pezeshk, H., and Sadeghi, M., PSE-HMM: genome-wide CNV detection from NGS data using an HMM with Position-Specific Emission probabilities, BMC Bioinformatics, 18:30, 1-11, 2017.

51. Noorian, S., Ganjali, M., and Bahrami Samani, E., A Bayesian test of homogeneity of association parameter using transition modelling of longitudinal mixed responses, Journal of Applied Statistics, 43, 1850-1863, 2016.

52. Bidkhori, G., Moeini, A., and Masoudi-Nejad, A., Modeling of tumor progression in non-small-cell lung cancer (NSCLC) and intrinsic resistance to TKI in loss of PTEN expression, PLOS ONE, 7, 10, e48004, 2012.

53. Bidkhori, G., Narimani, Z., Hosseini Ashtiani, S., Moeini, A., and Masoudi-Nejad, A., Reconstruction of integrated genome-scale coexpression network revealed key modules in lung adenocarcinoma, PLOS ONE, 8, 7, e67552, 2013.

54. Rezapour, T., Hatami, J., Farhoudian, A., Sofuoglu, M., Noroozi, A., Daneshmand, R., Samiei, A. R., and Ekhtiari, H., Neurocognitive Rehabilitation for Disease of Addiction Program (NECOREDA), from Development to Trial, Basic and Clinical, Neuroscience, 6, 4, 291-298, 2015.

55. Rezapour, T., DeVito, E. E., Sofuoglu, M., and Ekhtiari, H., Perspectives on neurocognitive rehabilitation as an adjunct treatment for addictive disorders: From cognitive improvement to relapse prevention, Progress in Brain Research, 224, 345-369, 2016.

56. Parkin, B. L., Ekhtiari, H., and Walsh, V. F., Non-invasive Human Brain Stimulation in Cognitive Neuroscience: A Primer, Neuron, 87, 5, 932–945, 2015.

57. Hester, S., Buxner, S., Elfring, L., and Nagy, L., Integrating Quantitative Thinking into an Introductory Biology Course Improves Students' Mathematical Reasoning in Biological Contexts, CBE-Life Sciences Education, 13, 54-64, 2014.

58. Morris, B. J., Croker, S., Zimmerman, C., Gill, D., and Romig, C., Gaming science: the "Gamification" of scientific thinking, Frontiers in Physiology, 4, 607, 1-16, 2013.

59. Feser, J., Vasaly, H., and Herrera, J., On the Edge of Mathematics and Biology Integration: Improving Quantitative Skills in Undergraduate Biology Education, CBE-Life Sciences Education, 12, 124-128, 2013.

60. Wing, J. M., Computational thinking and thinking about computing, Philosophical Transaction of Royal Society, A, 366, 3717-37-25, 2008.