

زیست‌شناسی سامانه‌های سبز: از ژنوم، پروتئوم و متابولوم تا پژوهش

در باب زیست‌بوم‌ها و زیست‌فن‌آوری

ولفرام وِرکُورت

اتریش، دانشگاه وین، دانشکده زیست‌شناسی سامانه‌ای مولکولی

مترجم: عطااله کالیراد

تهران، مرکز تحقیقات فیزیک نظری

پست الکترونیکی: akalirad@ipm.ir

چکیده

گیاهان از آغاز حیات گونه انسان را شکل داده‌اند. با فهم این واقعیت که جمعیت انسان نیازمند منابع تازه غذایی است و گرمایش جهانی و محدودیت منابع انرژی مبتنی بر سوخت‌های فسیلی از جمله چالش‌های پیش‌رو هستند، زیست‌گیاهی در رابطه با زیست‌فن‌آوری اهمیتی دوچندان یافته است. یکی از گره‌های اصلی افزایش بهره‌وری گیاهان و قابلیت آنها در تاب آوردن در برابر شرایط سخت محیطی است. مسأله دیگر یافتن گیاهانی تازه برای تولید فیبر و سوخت‌های زیستی است چراکه باید از نسل اول چنین گیاهانی، چون نیشکر و ذرت به نسل جدیدی از این گیاهان روی آورد. در عین حال باید تنوع زیستی طبیعی و غنای گونه‌ای، اساس حیات بر روی این کره خاکی، را حفظ کرد. در نتیجه انتظار می‌رود تا بوم‌شناسی و زیست‌شناسی گیاهی بیش از پیش در هم آمیزند. ما نیازمند فهم عمیق از فیزیولوژی گونه‌های گیاهی برای کاربردهای عملی و همزمان نیازمند بسط این دانش به زیست‌بوم‌های پیچیده طبیعی و مصنوعی هستیم. پیشرفت‌های اخیر در پژوهش‌های زیستی و تحلیلی منجر به تغییر رویکرد از سطح سامانه‌ای به سطح بوم‌شناختی خواهد شد: (۱) توالی‌یابی نسل جدید و تفنگ ژنی، بازسازی و تعیین عمل‌کرد ژن‌ها، (۲) تحلیل مولکولی در سطح ژنوم با استفاده از فن‌آوری‌های آمیکس و (۳) تحلیل رایانه‌ای، مدل‌سازی و تحلیل داده‌های زیستی. زیست‌شناسی سامانه‌ها، داده‌های مولکولی، تکامل ژنتیکی، شرایط محیطی و برهم‌کنش میان گونه‌ای را با فهم و مدل‌سازی و پیش‌بینی ما از شبکه‌های فعال بیوشیمیایی تا سطح جمعیت یک گونه در هم می‌آمیزد. این فرآیند نیازمند ابداع فن‌آوری‌های جدید برای تحلیل داده‌های مولکولی، به ویژه داده‌های ژنومی، متابولومیک و پروتئومیک است. هدف این روش‌ها بسط دانش ما، فرای تحلیل اجزای یک سامانه در انزوا، عکس روش فروکاست‌گرایانه سنتی مبتنی بر فرضیه، تحلیل مدل‌های سامانه‌ای چون گیاه، قارچ، جانور و گیاه در نهایت به تحلیل جمعیت‌های گیاهی و سایر جانداران و سازگاری آنان با کنام خود می‌انجامد. این روش نوین فیزیولوژی بوم‌شناختی به روش‌هایی در فن‌آوری زیستی گیاهی و آمیزش مبتنی بر نشانگر یا ژنوم منتهی می‌شود. در این بررسی، مبانی زیست‌شناسی سامانه‌ای سبز توصیف شده و کاربردهای آن در پژوهش‌های بوم‌شناختی ذکر می‌شود.

از آمیزش گیاهان ابتدایی و انقلاب سبز تا زیست‌شناسی

سامانه‌های سبز: آمیزش گیاهان تاریخچه‌ای طولانی دارد چراکه آنان همواره منبعی غذایی برای انسان بوده‌اند. استفاده نظام‌مند از گیاهان بیش از ۵۰,۰۰۰ سال قدمت دارد. کشاورزان نخستین در دوره‌های دیرینه‌سنگی و نوسنگی سودمندی انتخاب مصنوعی و آمیزش گیاهان را آموختند. اصول ابتدایی آمیزش گیاهان آسان است: وجود تنوع ژنتیکی در جمعیت و روشی برای تشخیص و انتخاب بهترین نوع و صفت از جمعیت. در قرن هجدهم کشاورزان به تولید تنوع ژنتیکی از طریق دورگه‌گیری روی آوردند. اصول استفاده از تنوع ژنتیکی و انتخاب برای آمیزش

گیاهان دستخوش دگرگونی نشده‌است. جدا از دورگه‌گیری، جهش‌زایی و فن‌آوری‌های نوین، تنوع طبیعی جزئی اساسی در پدیدآوردن تنوع ژنتیکی جدید و تولید سویه‌های جدید گیاهی است.

انقلاب سبز نورمان بارلاگ^۱ در ۱۹۴۵ از چشمگیرترین نمونه‌های به کار بستن انتخاب در آمیزش گیاهان است. مکزیکی از وارد کنندگان گندم، پس از بیست سال انتخاب سویه‌هایی از گوناگونی طبیعی موجود در گندم، به یکی از صادرکنندگان این محصول در دهه شصت میلادی بدل گشت.

¹ Norman Borlaug

در اواخر دهه هشتاد میلادی نخستین گیاهان تراژنی (Transgenic) پدیدآمدند و امروزه حدود بیست درصد محصولات زراعی دنیا را گیاهان دستخوش دست‌ورزی ژنتیکی^۱ تشکیل می‌دهند. توسعه فن‌آوری‌های کاملاً نوین در دهه اخیر - بنیان زیست‌شناسی سامانه‌های سبز- می‌تواند به بهبود بوم‌شناسی و تکامل گیاهی و همچنین آمیزش و رویکردهای کلاسیک در فن‌آوری زیستی شامل حوزه‌های زیر منجر شود:

(۱) بهره‌وری و سازگاری به استرس در گیاهان زراعی در حوزه غذا و انرژی، استفاده از تنوع زیستی طبیعی، پویایی جمعیتی و فهمی دقیق‌تر از رابطه ژنوتیپ-فنوتیپ.

(۲) استفاده از گیاهان مدل که مورد توالی‌یابی ژنوم قرار گرفته‌اند و بررسی اثر این اطلاعات ژنتیکی بر بهبود بهره‌وری و سازگاری به استرس.

(۳) کاوش گوناگونی طبیعی در سطح ژنوم در زیست‌بوم‌های مرتبط برای فهم سازوکارهای سازگاری و پدیدآوردن دانش اصولی در باب گوناگونی ژنتیکی، انتخاب صفت و رویکردهای آمیزشی مبتنی بر نشانگرهای ژنومی.

(۴) تولید زیست‌توده خنثی از جنبه تولید دی‌اکسید کربن و منابع تجدیدپذیر انرژی در پاسخ به دگرگونی‌های آب‌وهوایی جهان.

(۵) بررسی مسأله زیست‌سوخت‌ها، به ویژه در گذار از زیست‌سوخت‌های نسل اول (ذرت، نیشکر، کلزا و غیره) به نسل دوم (لیگنوسلولز، میسکانتوس، صنوبر و غیره) و نسل سوم (جلبک).

(۶) افزایش سرمایه‌گذاری دولتی در کشاورزی برای حل مسائل جهانی و ملی و انتقال دانش پروژه-محور به همراه همکاری میان بخش دولتی و خصوصی به منظور توسعه پایدار.

مبانی زیست‌شناسی سامانه‌های سبز: سه دگرگونی اساسی زیست‌شناسی را دستخوش تحول کردند: توالی‌یابی ژنوم، انقلاب اومیکس (-omics) و مدل‌سازی و زیست‌شناسی نظری به مدد رایانه، گسترش سریع اینترنت و نیز تبدیل آن به بستری برای گسترش دانش و داده‌های علمی. توالی‌یابی

ژنوم، که با *Arabidopsis thaliana* به عنوان نخستین مدل گیاهی آغاز شد، به تولید انبوهی از توالی ژنوم گیاهان انجامید که می‌باید مورد کاوش دقیق قرار گیرد. بسیاری از دستاوردها که از پس انتشار ژنوم *Arabidopsis* ممکن شدند تلاش برای فهم دقیق گیاهان غیرزراعی را توجیه می‌کنند. از آن زمان، بسیاری گیاهان، جلبک‌ها، سیانوباکترها و گونه‌های فوتوستتزی دیگر توالی‌یابی شده یا در شرف توالی‌یابی اند. توالی‌یابی ژنومی رشدی تصاعدی داشته که با توجه به نسل جدید توالی‌یابی^۲ آهنگی شتابناک‌تر نیز خواهد گرفت.

سرهم‌کردن ژنوم بر اساس داده خام توالی‌یابی سنتی و روش شاتگان به مدد رایانه میسر می‌شود. پس از سرهم‌کردن ژنوم، گام‌بعدی تعیین عملکرد بخش‌های مختلف آن است. با توجه به اتکای تعیین عملکرد بر مقایسه ژن‌های موجود با ژن‌های همساخت (Homologous) شناخته‌شده، این روش قادر به تولید تفسیر تمام و کمال از عملکردی ژنوم و پیش‌بینی فنوتیپ‌های مولکولی نخواهد بود. در نتیجه، فن‌آوری‌هایی چون ترانسکریپتومیک، پروتئومیک و متابولومیک پدید آمده‌اند تا داده‌های مولکولی سامانه‌های زنده را در مقیاس ژنوم مورد تجزیه و تحلیل قرار دهند. هدف نهایی یافتن مدل ریاضی از متابولیسم به واسطه داده‌های ژنومی و پیش‌بینی صحیح فنوتیپ و بوم‌فیزیولوژی گیاه است.

اگر بتوانیم بر مبنای این روش یکپارچه چندین مدل از متابولیسم گیاهان به وجود آوریم، آنگاه تفاسیر خوب عملکرد از توالی‌های ژنومی تازه و یافتن عملکرد ژن‌های ناآشنا دور از دسترس نخواهد بود.

توالی‌یابی نسل جدید و ژنوم گیاهان: در ده سال اخیر توالی‌یابی بهبود یافته که تحت عنوان نسل جدید توالی‌یابی خوانده می‌شود. نیاز به فن‌آوری‌های توالی‌یابی سریع و ارزان و سیاست‌های حمایت مالی مرتبط منجر به پدیدآمدن روش‌هایی جدید برای استفاده از کتابخانه‌های الگوی ژنومی، شمار خوانش‌ها، طول خوانش، پوشش ژنوم، دامنه کاریست و پارامترهای دیگر شده‌است. از این مهم‌تر، نسل جدید توالی‌یابی به کاهش قابل ملاحظه هزینه مواد مصرفی و افزایش چشم‌گیر خروجی منجر شده‌است.

² next generation sequencing

¹ GMOs=Genetically Modified Organisms

مسیرهای بیوشیمیایی روشن ساخت؛ می‌توان مسیرهای نیمه‌آشکار را، حتی اگر عملکرد ژن‌های آشکار نشده باشند با واکنش‌های شناخته‌شده کامل کرد. بر اساس این داده‌ها، ماتریس استوکیومتری N^1 را می‌توان نوشت که تمامی واکنش‌های شناخته شده شامل شود. می‌توان برای هر جاندار، شبکه‌ای از سوخت و ساز بر اساس این ماتریس ساخت. این روزهای تمامی این مراحل به صورت خودکار به انجام می‌رسند. خصوصیت پویای چنین شبکه‌هایی را می‌توان با تحلیل تعادل شار^۲ استنباط کرد.

پایگاه داده‌های بازسازی سوخت و ساز گونه‌های گیاهی (<http://www.plantcyc.org>) پیوسته در حال گسترش است و مبنای ژنومیک مقایسه‌ای گیاهی خواهد بود.

با توجه به اینکه توالی ژنوم تصویری ایستاست، شبکه سوخت و ساز بر ساخته بر اساس ژنوم نیز چنین خواهد بود و مدلی از تمامی فرآیندهای سوخت و ساز را به دست می‌دهد. سوخت و ساز در عمل بسیار پویاست و نمی‌توان آن را از ژنوم استخراج کرد. در نتیجه باید اطلاعات ایستای ژنومی را با داده‌های مولکولی ژنومی درآمیخت تا رابطه پویای ژنوم با رخ نمودن را هویدا کرد. رابطه پویای ژنوم با رخ نمودن منجر به تمامی عملکردهای بوم‌شناختی و تکاملی می‌شود. تصویر ۲ شکلی ساده از چنین رابطه‌ای را نشان می‌دهد. برهمکنش ژنوم با محیط منجر به تولید مجموعه‌ای از رخ نمودن‌ها می‌شود که به نرخ تکثیر متفاوت و متعاقباً دگرگونی در ژنوم می‌شود.

بوم‌شناسی و تکامل وابستگی بسیار نزدیکی با تنوع ژنتیکی و رابطه ژنوم-رخ نمودن دارند. تنوع طبیعی موتور محرکی اصلی این فرآیند است و آرام آرام این رابطه، به ویژه با سازگاری رخ نمودن با محیط، را درک می‌کنیم. در نتیجه پژوهش‌های این حوزه فرآیندهای مولکولی مهمی را آشکار کرده‌اند که به آگاهی در خصوص سازوکارهای بوم‌فیزیولوژی و بدست‌دادن ابزارهای فن‌آوری زیستی و آمیزشی برای بهبود مقاومت گیاهان در برابر استرس زنده و غیرزنده انجامیده‌است.

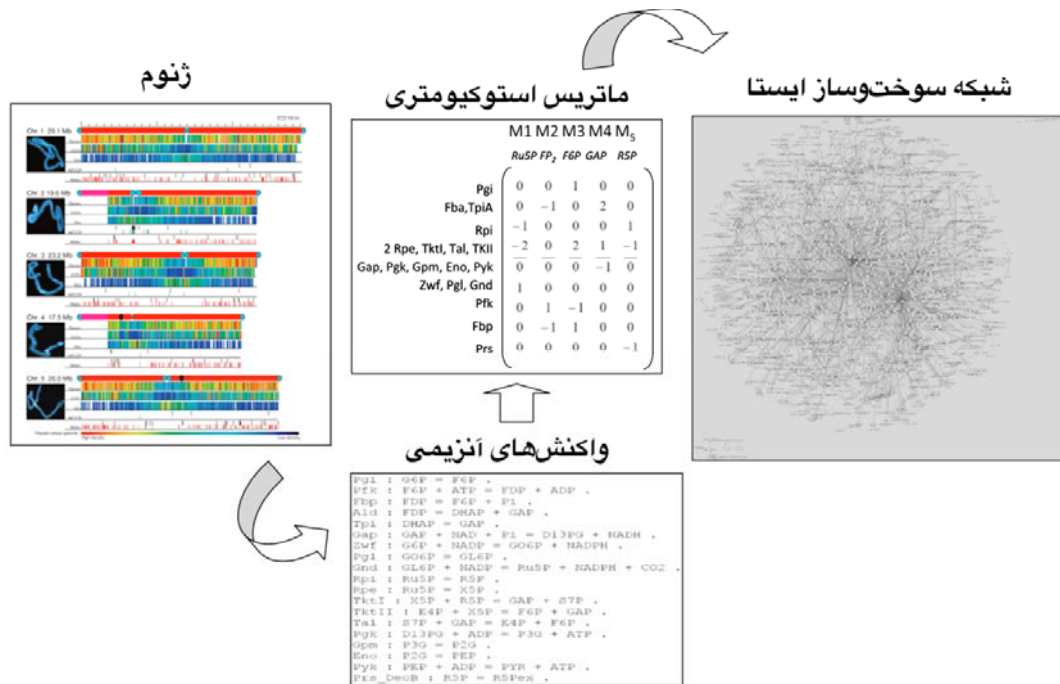
به سبب این پیشرفت‌ها، محدودیت توالی‌یابی را دیگر نه در سخت‌افزار، بلکه در نرم‌افزار باید جست. مهم‌ترین کمبود این فن‌آوری‌های جدید کوتاه بودن طول خوانش‌ها در مقایسه با توالی‌یابی به روش سَنگِر (۴۵۴-روش: حدود ۴۰۰ باز؛ ایلومینا-ABI-SOLiD: حدود ۶۰ باز؛ سَنگِر: حدود ۱۰۰۰ باز) و اقسام خاص خطاها در این روش‌هاست. در نتیجه، سرهم‌بندی توالی ژنوم از روی این خوانش‌های کوتاه دشوار بوده و نیازمند توانا بالای رایانه‌ای، الگوریتم‌های جدید و تأیید نتیجه با راهبردهایی چون نسل سوم توالی‌یابی، فن‌آوری خوانش طولانی و یا روش سَنگِر است.

این پیشرفت‌ها به رشد تصاعدی شمار ژنوم‌های توالی‌یابی‌شده، منجمله در خصوص سامانه‌های گیاهی، منجر شده‌است. می‌توان پیش‌بینی کرد که در آینده نه چندان دور، ژنوم هر سامانه گیاهی مورد نظر تمام و کمال توالی‌یابی خواهد شد. گام بعدی تفسیر ژنوم است. پژوهش‌های پراهمیت در سیستم‌های مدل گیاهی چون *Chlamydomonas reinhardtii* و *Arabidopsis thaliana* سودمندی پروتئومیک و متاپروتئومیک را به نمایش گذارده‌اند. در این پژوهش‌ها، داده‌های پروتئومیکی که تا ۶۰ درصد یا درصدهای بیشتر از پروتئوم پیش‌بینی‌شده را شامل می‌شدند با پایگاه داده ژنومی مقایسه شد تا پپتیدهایی تازه را کشف کند که با ژنوم سرهم‌شده و تفسیر شده قابل کشف نیستند چراکه رونوشت‌های بدیل این ژن‌ها اساساً در این پایگاه‌ها یافت نمی‌شوند.

محتمل به نظر می‌رسد که روش مرسوم پژوهش درباب مدلی گیاهی و استفاده از حاصل این پژوهش در خصوص گیاهانی که توالی‌یابی نشده‌اند با توالی‌یابی هر گیاه موردنظر و بررسی رابطه میان ژنوم (ژنوتیپ) و رخ نمودن (فنوتیپ) آن گیاه جایگزین شود.

رابطه پویای ژنوم با رخ نمودن (phenotype): توالی‌یابی و سرهم‌بندی ژنوم جستجو برای عملکرد ژن‌ها را ممکن می‌سازد. ژن‌های محتمل با توالی ژنهای دیگر جانداران مقایسه می‌شوند. تصویر ۱ راهبرد بازسازی سوخت‌وساز در سطح ژنوم را نشان می‌دهد. می‌توان بسیاری از ژن‌ها را بر اساس شناسایی ژن‌های ارتاساخت (Orthologous) در جانداران دیگر توصیف کرد. واکنش‌های بیوشیمیایی را نیز می‌توان بر اساس دانش موجود ما از

^۱ ماتریس استوکیومتری N : این ماتریس به مجموعه واکنش‌های شیمیایی منسوب به یک سامانه زیستی اشاره دارد. می‌توان صرفاً آن را ماتریس واکنش‌ها، ماتریس استوکیومتری یا ماتریس استوکیومتری N^*N خواند.
^۲ flux balance analysis



تصویر ۱ - بازسازی شبکه سوخت و ساز و متابولیک در سطح ژنوم برای جاندار که توالی‌یابی شده است. جزء اصلی در اینجا ماتریس استوکیوم N است. این اطلاعات خاص ژنوم است اما تنها به خروجی ایستا می‌انجامد.



تصویر ۲ - رابطه ژنوم-رخنمون. یک ژنوم، با توجه به محیط، می‌تواند شماری رخنمون تولید کند. این رخنمون‌ها خود تحت اثر انتخاب وابسته به محیط هستند که منجر به تفاوت در نرخ تکثیر و دگرگونی این رخنمون‌ها می‌شود.

آرمان این است تا عملکرد یک ژن را در بستر وضعیت سامانه در پاسخ به محیط تعریف کرد. این مسأله بسیار بقرن بوده چراکه یک ژن نمون بسته به محیط مجموعه از رخنمون‌های متفاوت را می‌سازد: پدیده‌ای که آن را انعطاف‌پذیری رخنمون^۱ می‌خوانند. پژوهش‌های اخیر به شیوه‌ای نظام‌مند به بررسی رابطه گوناگونی طبیعی، نقشه‌برداری QTL و سوخت و ساز پرداخته‌اند. پژوهش‌های همبستگی ژنومی با استفاده از SNPها نقشه‌برداری ژنتیکی سریع صفات را ممکن می‌سازند. به

تنوع طبیعی: درک تنوع طبیعی گیاهان کاملاً به پژوهش‌های بوم‌شناختی و تکاملی وابسته است و شاید یکی از کهن‌ترین حوزه‌های پژوهشی در تاریخ بشر باشد. گوناگونی طبیعی - مانند رنگ گیاهان زینتی یا صفات دیگر سودمند برای انتخاب مصنوعی- در قالب پژوهش‌های میندل و کشف دوباره قوانین او شناخته شده، مورد بررسی قرار گرفتند. رخنمون‌ها با متغیرهای ریخت‌شناختی و کالبدشناسی تعریف شده‌اند، البته هر رخنمونی حاصل تغییرات مولکولی از طریق تنوع ژنومونی است که به تنوع رخنمون-محیط می‌انجامد. در نتیجه

¹ phenotypic plasticity

دیگر مقایسه حالت الف با ب برای مدل سازی عملکردی کفایت نمی کند. برای بررسی حداکثری پروتئین های مختلف یک سامانه به فناوری هایی با ظرفیت بالا نیاز داریم.

متابولومیک: روش های زیست تحلیلی در علم متابولومیک بهترین روش برای اندازه گیری کمی سوخت و ساز یک جاندار است. برای تخمین کلی اندازه و بازه پویایی متابولوم یک گونه قدم های نخستین برداشته شده است. در فرمانرو گیاهان تنوع ساختاری بسیار است و هر روزه ترکیبات تازه معرفی می شوند. روش های بسیار متفاوتی برای تحلیل تمامی این ساختارهای شیمیایی مورد نیاز است. طیف سنجی جرمی یکی از این فن آوری ها است که رشدی شتابان داشته و این حوزه را متحول ساخته است. یکی از بهترین روش های از نظر حجم داده، جامعیت و دقت در شناسایی متابولیت ها، ترکیب کروماتوگرافی گازی با طیف سنجی جرمی است.

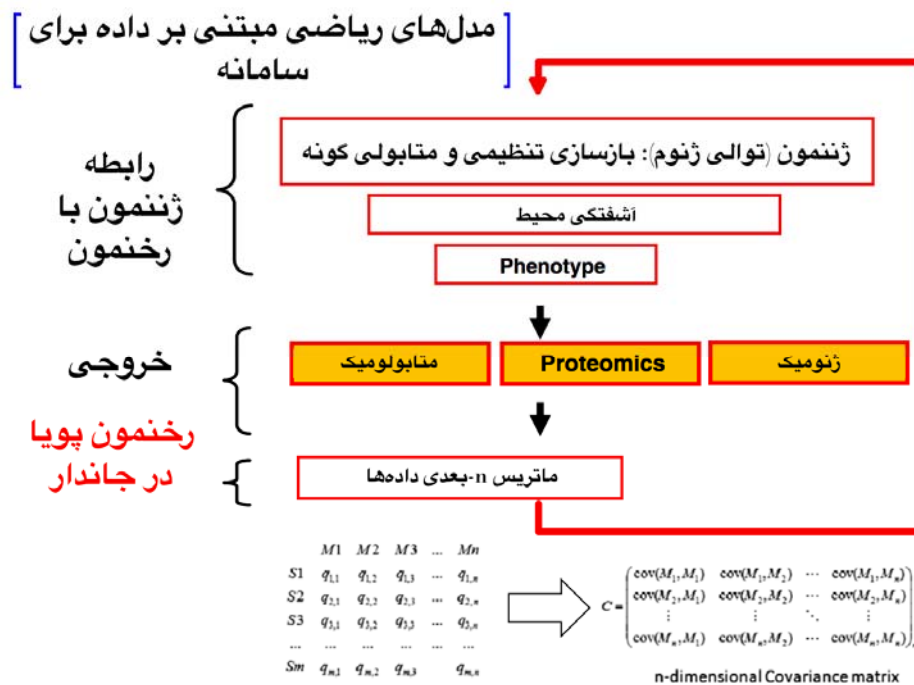
داده کاوی و فراپروتئومیک: هدف زیست شناسی سامانه ها پدیدآوری تصویری کل نگر از تمامی فرآیندهای تنظیمی و پاسخ های سامانه ای زیستی به تغییرات محیطی (انعطاف پذیری رخ نمونی) است. با انباشت داده های بیشتر، وضوح این تصویر افزایش می یابد. روش های آماری و بیوانفورماتیکی برای داده کاوی جامع و استخراج اطلاعات زیستی مرتبط (مانند داده های پروتئینی، متابولیتی و رونوشتی) ضروری است. مهم ترین روش برای داده کاوی و به تصویر درآوردن داده راهبرد شناسایی الگو بر مبنای آمار چندمتغیری، مانند تحلیل مؤلفه های اصلی (principal components analysis) و تحلیل مؤلفه های مستقل (independent components analysis)، است. با سود جستن از این روش ها می توان نتایجی در باب فرآیندها و پروتئین های تنظیمی فعال استنباط کرد.

اندازه گیری و مدل سازی رابطه ژن نمون با رخ نمون: تحلیل ترکیبی گوناگونی ژنتیکی و رخنمون مولکولی و فیزیولوژی آن سترگ ترین چالش دهه های آتی است. توالی خام هر گونه گیاهی مهیا خواهد بود اما پژوهش مولکولی اخیر، مبتنی بر متابولومیک، شارش متابولیک و تحلیل های هدفمند و غیرهدفمند، از ماهیت پیچیده یک رخ نمون پویا حکایت دارند. می توان چارچوبی برای کاوش نظام مند این برهمکش پویای میان یک ژن نمون و رخ نمونی تحت کنترل محیط تصور کرد (تصویر ۳).

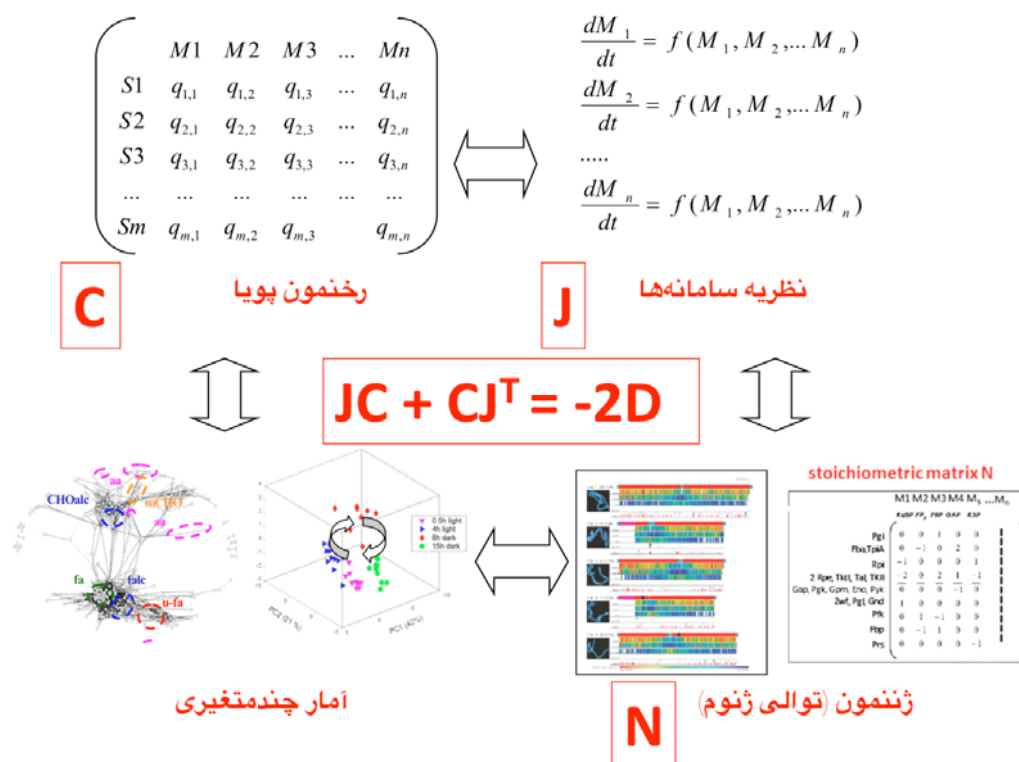
همراه رویکردهای ریخت شناختی و مولکولی رخ نمون یابی، آرایه های SNP بسیاری از آلل های مشترک را که با رخ نمون همبستگی دارند آشکار می سازند؛ با این وجود، سازوکارهای مولکولی تماماً فرضیه اند. قدم منطقی بعدی، درآمیختن این روش ها با نگاشت مولکولی با استفاده از نسل جدید توالی یابی رِنا (RNA)، اپی ژنومیک، پروتئومیک و متابولومیک است.

فن آوری های اومیکی - رخ نمون پویا: ترانسکریپتوم: تحلیل مرسوم ترانسکریپتوم با فن آوری ریزآرایه به انجام می رسد که یکی از روش های پیشگام ژنومی و بدون پیش فرض است. شماری پژوهش سترگ بیان افتراقی ژن ها را در شرایط مختلف ثبت و ضبط کرده اند و تقریباً تمامی ژن های *Arabidopsis thaliana* براساس داده بیان رِنا (RNA) در شرایط مختلف مورد بررسی قرار گرفته اند (org.arabidopsis.org). امروزه، نسل جدید توالی یابی به جای توالی یابی رِنا دری دیگر گشوده است. البته این فن آوری همچنان در حال رشد است و چنین کاری در خصوص یاخته های یوکاریوتی پرهزینه است چراکه پوشش چندباره ای از ژنوم نیاز است تا داده هایی معنی دار از منظر آماری تولید کرد.

جعبه ابزار پروتئومیکی برای زیست شناسی سامانه های سبز: توالی یابی ژنوم و زیست شناسی سامانه ها علوم زیستی را متحول کرد. پروتئومیک به عنوان روشی بنیادین در این حوزه پژوهشی جدید پدیدار شد. به منظور درک پویایی یک سامانه زیستی باید اجزای آن را به صورت کمی شناسایی کرد. وظیفه پیش روی پروتئومیک ناممکن به نظر می رسد: با فرض وجود حدود ۲۰,۰۰۰ تا ۳۰,۰۰۰ ژن دارای عملکرد در ژنوم، تعداد پروتئین های ممکن به ازای هر ژن، با در نظر گرفتن رونوشت های متفاوت و دگرگونی هایی چون افزودن فسفر یا گلیسرول به پروتئین پس از ترجمه، به صدها یا هزاران می رسد. البته تمامی اشکال یک پروتئین به طور همزمان فعال نیستند، با این وجود چالشی سترگ پیش روی فن آوری های موجود قرار دارد چراکه تعداد و غلظت متغیر تمامی پروتئین ها در وضعیتی پایدار پرشمارند. بررسی حالات پایداری متعدد در طی زمان و با در نظر گرفتن ژن نمون های متفاوت و انعطاف پذیری رخ نمونی آنان برای به دست آوردن تصویر کل نگر از سامانه حائز اهمیت است. در زیست شناسی نوین



تصویر ۳- چارچوبی برای کاوش نظاممند رابطه میان ژن نمون و رخ نمون بر مبنای بازسازی ژنومی و مدل سازی. دادهها در قالب ماتریسی درآورده می شوند که می تواند مورد بررسی با روش های آماری چند متغیری قرار گیرد. حاصل این بررسی، ماتریسی هموردایی، رابطه تنگاتنگی با مدل ریاضی سامانه دارد.



تصویر ۴- معادله ژن نمون-رخ نمون، ژن نمونی را که بر اساس ماتریس استوکیومتری N را به مجموعه ای از معادله های دیفرانسیل معمولی ربط می دهد. رخ نمون بر مبنای ماتریس داده و ماتریس هموردایی (covariance) تعریف می شود.

نتیجه گیری

جالب است که رویکردهای سنتی و نوین در فیزیولوژی گیاهی، زیست شناسی سامانه‌ها، زیست فن‌آوری گیاهی و پرورش گیاهان رابطه‌ای چنین نزدیک بایکدیگر دارند. می‌توان چنین استدلال کرد که حفظ تنوع زیستی اهمیتی یکتا در آینده رویکردهای ما به کشاورزی و مسائل اجتماعی-اقتصادی دارد. پژوهش در باب گوناگونی طبیعی، دانشمندانی چون مندل و داروین را به آشکار کردن اسرار وراثت، بوم‌شناسی و تکامل رهنمون ساخت. حتی با فن‌آوری‌های نوین امروزی، پرسش‌های کهن بی‌پاسخ مانده‌اند؛ پرسش‌هایی که کلید درک چگونگی کاربست این روش‌های نوین در زیست فن‌آوری گیاهی اند: چگونه ژنمون در پاسخ به محیط رخنمونی را پدید می‌آورد؟

پژوهش‌های کارکردی بر حجم رو به افزایش توالی‌های ژنوم گیاهان و سایر جانداران در نهایت پاسخی به این پرسش خواهد داد. زیست‌شناسی سامانه‌های سبز برای نخستین بار، با درآمیختن اندازه‌گیری‌های مولکولی در سطح ژنوم، تعیین رخنمون و مدل‌سازی رایانه‌ای، روش‌هایی برای بررسی این رابطه میان ژنمون و رخنمون به دست می‌دهد.

ترکیب اطلاعات ژنومی، پروتئومی و متابولومی در قالب یک ماتریس هم‌بستگی‌ها و هم‌وردایی‌ها (Covariance) را میان اجزای مولکولی آشکار می‌کند. این ماتریس هم‌وردایی بخش اساسی این رویکرد برای ترکیب و تفسیر داده‌هاست. در عین حال، بازسازی متابولیک و توصیف ریاضی سامانه با استفاده از معادله‌ها دیفرانسیل معمولی جفتیده (coupled) انجام می‌شود. این مجموعه از معادله‌های دیفرانسیل رابطه مستقیم با ماتریس داشته و منجر به تولید ماتریس هم‌وردایی می‌شود. این رابطه میان ژن نمون و رخ نمون پویا را می‌توان با معادله‌ای عمومی توصیف کرد (تصویر ۴).

کاربردهای مرتبط با بوم‌شناسی و بوم‌سامانه‌ها: کاربرد نسل جدید توالی‌یابی، توالی‌یابی رنا، ریزآرایه‌ها، متابولومیک و پروتئومیک هنوز در پژوهش‌های بوم‌شناختی، دوران طفولیت خود را طی می‌کند. شاید علت پیچیدگی درآمیختن داده‌های مولکولی با این پژوهش‌ها باشد اما گام منطقی بعدی ترکیب پرسش‌های سنتی بوم‌شناختی با فن‌آوری‌های زیست‌شناسی سامانه‌ایست.

پویایی زیست‌بوم‌ها حاصل تنوع گونه‌هاست؛ از این رو پژوهش مولکولی در باب رابطه ژنمون-رخنمون به درک رفتار پویای زیست‌بوم‌ها خواهد انجامید.