

مشکل مدیریت داده‌ها و بیوانفورماتیک در علوم آزمایشگاهی

پیام بهزادی، الهام بهزادی

گروه میکروبیولوژی دانشگاه آزاد اسلامی، واحد شهرقدس

متاژنومیکس دانشی است مهم، نوین و بسیار پُرهزینه که داده‌های زیادی را در اختیار دانشمندان و محققین می‌گذارد. در آغاز کار، داده‌هایی که از بیوانفورماتیک حاصل می‌شد کاربرد خاصی برای دانشمندان نداشت و آنها پیوسته در حال جمع‌آوری اطلاعات بودند. اما به تدریج، دانشمندان با گسترده شدن داده‌ها و کسب تجربه به فکر استفاده‌های گوناگون از این اطلاعات افتادند. یکی از کاربردهای جدید متاژنومیکس، استفاده از این دانش در تصمیم‌گیری‌های بالینی است. البته، راه زیادی مانده تا نظام بالینی بتواند به‌خوبی از داده‌های بیوانفورماتیک برای تشخیص‌های آزمایشگاهی و بیماری‌های بالینی بهره‌مند شود. یکی از مشکلات بزرگی که بر سر راه دانش متاژنومیکس و کاربرد آن در نظام بالینی و آزمایشگاهی وجود دارد چند جنبه بودن این رشته است؛ زیرا دانش متاژنومیکس تلفیقی است از سه دانش بسیار مهم ریاضی، کامپیوتر و زیست‌شناسی که در بسیاری از موارد مشاهده می‌شود پژوهشگرانی که در این رابطه کار می‌کنند گرایش زیادی به دو رشته‌ی ریاضی و کامپیوتر دارند و این خود یک اشکال بسیار عمده برای مدیریت داده‌ها در زمینه‌ی مطالعات آزمایشگاهی و بالینی بشمار می‌آید. نکته‌ی جالب دیگری که در رابطه با دانش متاژنومیکس وجود دارد این است که زیست‌شناسان خبره‌ای که در این زمینه مشغول پژوهش هستند تنها توانسته‌اند اطلاعات زیادی در زمینه‌ی توالی‌های نوکلئوتیدی DNA و آنالیز آنها جمع‌آوری نمایند که البته نتیجه‌ی آن، شناسایی ساختار ژن‌های گوناگون و تکمیل برخی از نقشه‌های ژنتیکی است. هنوز زیست‌شناسان ماهری که در زمینه‌ی دانش متاژنومیکس مشغول مطالعه و بررسی هستند نتوانسته‌اند درک درستی از سازماندهی اساس داده‌های متاژنومی داشته باشند. این مسئله نگرانی بسیار زیادی را در میان صاحب‌نظران دانش متاژنومیکس ایجاد کرده است؛ زیرا هزینه‌ی مورد نیاز برای پژوهش در این زمینه بسیار هنگفت و سرسام‌آور بوده و با توجه به مخارجی که در این راه صرف می‌شود، کاربرد چندانی از اطلاعات

بدست آمده حاصل نمی‌گردد، چرا که همان‌طور که پیشتر گفته شد، امکان درک درستی از مبنای اصول داده‌های متاژنومیکی برای دانشمندان وجود ندارد. در حال حاضر، انبوهی از داده‌های توالی‌ها که نتیجه‌ی مطالعات متاژنومی بسیار است، وجود داشته اما نیازمند توجه بیشتر دانشمندان به این داده‌هاست. اطلاعات بدست آمده از دانش متاژنومیکس در علوم آزمایشگاهی و روش‌های تشخیصی بالینی کاملاً قابل بهره‌برداری خواهند بود اگر داده‌های حاصله بدرستی مدیریت و تجزیه و تحلیل شوند. البته، موفقیت در دانش متاژنومیکس به‌طور گسترده‌ای در ارتباط با پیشرفت‌هایی است که در دانش کامپیوتر رخ می‌دهد. در ابتدای دهه‌ی 1980 میلادی (برابر با دهه‌های 1350 و 1360 خورشیدی)، انجمن‌های علمی مجامع اروپایی، ژاپن و ایالات متحده‌ی آمریکا اقدام به ایجاد آرشیوهای داده‌های مربوط به توالی‌های اسیدهای نوکلئیک نمودند که امروزه این پایگاه‌ها بسیار کامل‌تر و گسترده‌تر از آن سال‌هاست. گروه وسیعی از داده‌های این پایگاه‌ها به‌صورت رایگان در اختیار کاربران پژوهشگر قرار می‌گیرد. سه آرشیو مربوط به اسیدهای نوکلئیک عبارتند از: EMBL-Bank (اروپا)، DDBJ (ژاپن)، GenBank (ایالات متحده‌ی آمریکا).

هم‌اکنون تلاش زیادی بر روی بیوانفورماتیک و SNPs (Single-Nucleotide Polymorphism) می‌شود تا بتوان به کمک آنها اقدام به تشخیص بالینی و آزمایشگاهی برخی از بیماری‌ها نمود. هر چند که بهره‌گرفتن از SNPs، مدیریت داده‌ها و بیوانفورماتیک شناسایی بالینی برخی از بیماری‌ها را به مرز زمانی 3 تا 6 ماه کاهش می‌دهد، اما هنوز مدت زمان تشخیص، طولانی است. با این حال، متداول شدن چنین روش‌هایی می‌تواند در نهایت منجر به کاهش هر چه بیشتر زمان در روش‌های تشخیصی بالینی گردد.

سرچشمه‌ها:

1) Wiecek AS. Clinical decisions via Genomics, Journal of BioTechniques, 2011-08-31.

2) Webb S. A decade after the genome, bioinformatics comes of age, *Journal of BioTechniques*, Vol. 51, No. 3, September 2011, pp. 157-161.

3) Data management and Bioinformatics challenges of Metagenomics, NCBI Bookshelf, A service of the National Library of Medicine, National Institutes of Health. National Academies Press; 2007.