

زیست‌شناسی نوین و مسائل نوین اجتماعی

محمد کرام‌الدینی

همچو کتابی است جهان، جامع احکام نهان
جان تو سردفتر آن، فهم کن این مسئله را
مولوی

مقدمه

در این نوشته^۱ می‌خواهیم به بررسی موقعیت و ظرفیت زیست‌شناسی امروز بپردازیم، ببینیم زیست‌شناسی امروز در کجا ایستاده است، توان گره‌گشایی آن از معضلات جامعه امروز در چه حد است و دورنمای آینده آن چگونه خواهد بود. بنابراین، بهتر است نخست به وضعیت امروزی این شاخه از علوم تجربی بپردازیم و پیشرفت‌های آن را به ویژه در سال‌های اخیر از نظر بگذرانیم و سپس به تأثیری که این شاخه بر جامعه انسانی خواهد داشت، اشاره کنیم.

گفته می‌شود که موقعیت امروزی علم زیست‌شناسی بسیار شبیه به موقعیت علم فیزیک در اوایل قرن بیستم، پس از شناسایی الکترون (۱۸۹۷) است. می‌دانیم که کشف الکترون، نخست علم فیزیک و در پی آن جوامع انسانی را دگرگون کرد: به پیشرفت فناوری‌ها شتاب بخشید و از جمله، رایانه و فناوری‌های اطلاعاتی و ارتباطاتی را پدید آورد و گسترش داد و به این ترتیب ابزارها و روش‌هایی برای سازمان‌دهی داده‌های حاصل از پژوهش‌های علمی فراهم آورد، زمینه‌های نوینی برای کاوشگری علمی ایجاد کرد و جهشی در علم پدید آورد که امروزه مشاهده می‌کنیم.

اکنون، در سال‌های آغازی قرن بیست و یکم، به نظر می‌رسد که نوبت زیست‌شناسی باشد. مدتی است که زمزمه تغییر پارادایم در زیست‌شناسی به گوش می‌رسد. چون در این مدت پژوهشگران علم زیست‌شناسی نیز به ابزارها، روش‌ها و رویکردهای نوینی دست یافته و با آن‌ها قدم در راه نوینی گذاشته‌اند که بهتر است آن را مسیر «زیست‌شناسی نوین» بنامیم.

کلیدواژه‌ها: فروکاست‌گرایی، کل‌نگری، زیست‌شناسی سیستم‌ها، زیست‌شناسی ترکیبی، ژنومیک، پروتئومیک.

«زیست‌شناسی نوین» چیست؟

بیشتر زیست‌شناسان سنتی تمایل داشته‌اند سیستم‌های زنده را تا جایی که می‌توانند به اجزایی کوچک و کوچک‌تر تقسیم کنند و سپس به بررسی این اجزا بپردازند. این روش در پژوهش‌های علمی «فروکاست‌گرایی»^۲ یا «تقلیل‌گرایی» نامیده می‌شود. اگرچه زیست‌شناسان توانسته‌اند با روش فروکاست‌گرایی پرده از بسیاری از ساختارها و فرایندهای سیستم‌های زنده

کنار بزنند، اما نتوانسته‌اند تصویر جامع از سیستم‌های زنده را نشان بدهند؛ لذا از چندی پیش زمزمه‌های تغییر روش از «فروکاست‌گرایی» به «کل‌نگری» آغاز شده است. مثلاً حدود سی و شش سال پیش «کارل وُز»^۳ (۲۰۱۲-۱۹۲۸) میکروپشناس نامدار چنین نوشت: «... اکنون وظیفه ما باز ترکیب علم زیست‌شناسی است ... وقت آن فرا رسیده که زیست‌شناسی را به جهان غیر خطی وارد کنیم» (Woese &

Fox, 1977). منظور «وُز» در آن زمان این بود که باید زیست‌شناسان هرچه زودتر از دایره تنگ پژوهش‌های یک‌سویه خطی در زمینه موضوع‌های بسیار تخصصی، جزءنگر و فروکاست‌گرایانه پای فراتر بگذارند و از مرزهای بین سطوح سازمانی تشکیل‌دهنده سیستم‌های زنده عبور کنند تا بتوانند ارتباط‌های درهم‌آمیخته درون این سیستم‌ها را کشف و سیستم‌های زنده را در تصویری بزرگ و کامل تر مشاهده کنند.

کل چیزی بیش از مجموع اجزاست

... این ادعا که هر یک از ویژگی‌های دستگاه‌های پیچیده زنده را می‌توان فقط از طریق مطالعه اجزای سازنده آن‌ها مانند سلول‌ها، مولکول‌ها و ژن‌ها یا اجزای دیگر توضیح داد، به اعتقاد من بی‌معنی و پوچ است. جانداران سلسله‌مراتبی دارند از ساده به پیچیده و از مولکول‌ها، سلول‌ها و بافت‌ها تا کل جاندار، جمعیت و گونه تشکیل شده‌اند. در پدیده‌ای که «پیدایی»^۵ نامیده می‌شود، در هر سیستم پیچیده‌تر نسبت به سیستم ساده‌تر قبلی ویژگی‌هایی ظاهر می‌شود که نمی‌توان آن‌ها را از دانش موجود درباره اعضای آن پیش‌بینی کرد. من در ابتدا فکر می‌کردم که این پدیده پیدایی فقط به دنیای زنده محدود می‌شود... اما آب بودن را نیز نمی‌توان از ویژگی‌های دو جزء تشکیل‌دهنده آن یعنی هیدروژن و اکسیژن پیش‌بینی کرد... پیدایی در جهان غیرزنده نیز به فراوانی وجود دارد... (مایر، ارنست؛ ۱۳۸۳)

امروزه می‌توان ادعا کرد که این خواست «ژن» تا حدودی محقق شده است؛ چون مدتی است زیست‌شناسان نه فقط در حال درهم‌آمیختن اطلاعات حاصل از پژوهش در زمینه سطوح مختلف سازمانی سیستم‌های زنده هستند، بلکه برای شناخت هر چه بیشتر سیستم‌های زنده از اطلاعات رشته‌های دیگر علوم تجربی، فنی و ریاضی نیز کمک می‌گیرند. مثلاً، راه دور نرویم؛ پیشرفت‌های ژنومیک، حاصل درهم‌آمیخته شدن اطلاعات، فنون و مفاهیم مهندسی، رباتیک، علوم رایانه، ریاضیات، آمار، شیمی و بسیاری رشته‌های دیگر بوده است. آیا پیشرفت فنون توالی‌یابی ژنوم‌ها، هرگز بدون درهم‌آمیختن و ترکیب اطلاعات علمی و فناوری‌های مهندسی ابزار، رباتیک و شیمی و بیوشیمی تا این اندازه آسان، ارزان و همه‌گیر می‌شد. مگر بدون وجود الگوریتم‌ها و بدون رایانه‌هایی که می‌توانند مقادیر بسیار زیادی از داده‌ها را در مدت زمانی اندک تحلیل کنند، امکان آنالیز داده‌های مورد نیاز در ژنومیک، تبدیل آن‌ها به داده‌های دیجیتال و انتشار و تبادل سریع آن‌ها میسر می‌بود؟

پس می‌توان نتیجه گرفت که علم زیست‌شناسی تقریباً از آغاز هزاره سوم به پارادایم نوینی وارد شده است که نام «زیست‌شناسی نوین» براننده آن است و به علاوه، اساس کار «زیست‌شناسی نوین» نگاه کل‌نگر به سیستم‌های زنده، برقراری پیوند بین موضوع‌های از هم گسیخته زیست‌شناسی و نیز مرتبط کردن نتایج حاصل از این پیوند با علوم فیزیکی، رایانه‌ای، ریاضی و مهندسی به منظور گشودن گره از مسائل امروزی جوامع انسانی است (کرام‌الدینی، م. ۱۳۹۰). ممکن است این پرسش در ذهن‌ها پدید

آید که آیا «زیست‌شناسی نوین» می‌خواهد جانشین «زیست‌شناسی سنتی» شود؟ آیا قرار است بساط علم‌ورزی پژوهشگران زیست‌شناسی سنتی برچیده شود؟ آیا زیست‌شناسانی که به روش فروکاست‌گرایی پرده از بسیاری از رازهای آفرینش کنار زده‌اند، باید میدان را خالی کنند؟ پاسخ روشن است: نه. به عکس، دانسته‌های حاصل از «زیست‌شناسی سنتی» پایه و اساس «زیست‌شناسی نوین» به شمار می‌آیند. یعنی «زیست‌شناسی نوین» آمده است تا به تحقیقاتی که به روش‌های سنتی انجام شده یا در حال انجام‌اند، سامان بخشد. پازلی را در نظر بگیرید که از قطعات بسیار زیادی تشکیل شده باشد. ممکن است هر یک از قطعات آن به تنهایی بی‌معنی به نظر آید، اما اگر قطعه‌های آن را یکی یکی در کنار همدیگر، در جای درست قرار دهیم، مشاهده می‌کنیم که پازل کم‌کم نمای کلی و معنی‌دار در برابر ما ایجاد می‌کند. می‌دانیم که سیستم‌های زیستی بسیار پیچیده و متعدّدند و دانشمندان منفرد هر کدام سیستم خاصی را مطالعه و به برقراری ارتباط بیشتر بین اجزای پازل و ایجاد تصویری بزرگ و کلی از سیستم‌های زنده کمک می‌کند. «زیست‌شناسی نوین» خود آن پازل بزرگ است که از مجموعی از قطعه‌های کوچک تشکیل شده و نمایانگر تصویری بزرگ و معنی‌دارتر است.

زیست‌شناس نوین کیست؟

امروزه در زیست‌شناسی با طیفی از پژوهش‌ها روبه‌رویم؛ از پژوهش‌های تخصصی و متمرکز روی یکی از موضوع‌های اختصاصی زیست‌شناسی تا پژوهش‌های

مسئله‌محور، گروهی و بین‌رشته‌ای. در واقع، بسیاری از زیست‌شناسان امروزی را می‌توان «زیست‌شناس نوین» نامید. چون بسیاری از آنان حداقل برای تحلیل داده‌های حاصل از پژوهش‌های علمی خود و یا همکاری از ابزارهای رایانه‌ای استفاده می‌کنند. به علاوه، بسیاری از زیست‌شناسان امروزی با دانشمندان فیزیک، رایانه یا مهندسان و ریاضی‌دانان همکاری می‌کنند. بنابراین، نمی‌توانیم مرزهای مشخصی بین زیست‌شناسان نوین و زیست‌شناسان سنتی رسم کنیم. انتظار هم نداریم که «زیست‌شناس نوین» به همه موضوع‌ها تسلط داشته باشد یا حتی از هر کدام از آن‌ها اندکی بداند، بلکه «زیست‌شناس نوین» را دانشمندی می‌نامیم که در یکی از موضوع‌های زیست‌شناسی دانش عمیق دارد و افزون بر آن پایه و اساس چند موضوع دیگر را نیز می‌داند. «زیست‌شناس نوین» ممکن است حتی زیست‌شناس نباشد یا اصلاً نخواهد در آینده نیز زیست‌شناس شود؛ بلکه فیزیک‌دانی باشد که قوانین فیزیکی را در محیط سلول بررسی می‌کند، یا ریاضی‌دانی باشد که معادله‌های جدید برای توصیف تعامل‌های درون شبکه‌ای زیستی کشف کرده است. اینان همگی بدون توجه به اینکه فیزیک‌دان یا ریاضی‌دان‌اند، در واقع «زیست‌شناس نوین»‌اند. خلاصه، هر دانشمند، ریاضی‌دان یا مهندسی که می‌کوشد از تجربه‌های خود برای شناخت و کاربرد سیستمی زنده‌ای بهره بگیرد، «زیست‌شناس نوین» به‌شمار می‌رود. مثلاً، اریک وینفری که «می‌خواهد مولکول‌ها را با ساز خود برقصاند»، در اصل مهندس ارشد رایانه است که زیست‌شناس نوین برجسته‌ای

پردازش‌اند که شرایط محیطی را شناسایی می‌کنند و راکتورها را در وضعیت مطلوب نگه می‌دارند. بیشتر این راکتورهای زیستی محدود به انواعی از سلول‌ها هستند که در سوسپانسیون مایع ماده‌ای تولید می‌کنند، به سطوح متصل یا درون غشاها بی‌حرکت می‌شوند.

تاکنون در فرایندهای درون اکوسیستم‌ها به کار رفته و سبب ایجاد و توسعه مدل‌های پیچیده شبیه‌سازی شده‌ای گردیده است که می‌توانند تعامل‌هایی میان اجتماع‌های گیاهی، فرایندهای محیط زیستی و پویایی اتمسفر را نشان دهند (Hagen, 1992). اخیراً زیست‌شناسی سیستم‌ها به اجزای مولکولی درگیر در فرایندهای ذاتی سلول‌ها،

فیزیولوژی قلب از دینامیک مابعات و هندسه دیفرانسیل، برای بلورنگاری اشعه ایکس از تئوری گروه‌ها و برای پیچش مولکول DNA از نظریه گره‌ها استفاده شده است. از همان اوایل مشخص شده بود که برای مطالعه فرایندهای ژنتیک باید از حساب احتمالات و آمار استفاده کرد. تا چندی پیش، داده‌های زیست‌شناسان در این زمینه‌ها به نسبت

مسائل واقعی زندگی در درس زیست‌شناسی با رویکردی بین‌رشته‌ای

در سال‌های ۶-۲۰۰۴ دانشگاه هاروارد طی دو نیمسال تحصیلی درسی مقدماتی ارائه داد که در آن مقدمه زیست‌شناسی و شیمی با هم درآمیخته بودند. در نیمسال اول سرفصل‌های اصلی شیمی، زیست‌شناسی مولکولی و زیست‌شناسی سلولی با هم ترکیب شده بود و در نیمسال دوم مفاهیم ژنتیک، ژنومیک، احتمالات و زیست‌شناسی تکاملی در هم تنیده شده بود. واقعیت‌ها و مفاهیم علمی به صورت موضوع‌های بین‌رشته‌ای و جالب ارائه شده بود مانند شناخت احتمال حیات مصنوعی، زیست‌شناسی و درمان ایدز و سرطان، ژنتیک جمعیت انسانی و مالاریا. دانشجویان از طریق آموزش بین‌رشته‌ای با مفاهیم اساسی بیشتر با درس درگیر می‌شوند، چون با اصول همانندی در موقعیت‌های مختلف روبه‌رو می‌شوند.

هر درس را گروه کوچکی از بخش‌های مختلف دانشکده تدریس می‌کرد. مدرسان در تمام طول نیمسال در همه کلاس‌های درس شرکت می‌کردند. تهیه درس و آموزش در هر درس به صورت بین‌رشته‌ای بود. دستیاران مدرسان نیز از بخش‌های مختلف برگزیده شده بودند و در گروه‌های بین بخشی کار می‌کردند.

ارائه چنین درسی به پشتیبانی دانشگاه نیاز داشت. رئیس دانشگاه، رئیس دانشکده‌ها و رئیس گروه زیست‌شناسی برای پشتیبانی از این درس‌ها که قرار بود طی یک سال ارائه شوند، بسیج شده بودند و بازسازی و بازآرایی آزمایشگاه‌ها، ابزار و مواد لازم و تهیه مواد درسی را بر عهده داشتند.

● علوم نوین بنیادی

○ زیست‌شناسی سیستم‌ها: بهبود فناوری‌های اندازه‌گیری و ابزارهای ریاضی و رایانه‌ای زمینه پیدایش و پیشرفت رویکردی نوین در زیست‌شناسی به نام «زیست‌شناسی سیستم‌ها»^{۱۴} ایجاد کردند. پژوهشگران زیست‌شناسی سیستم‌ها می‌کوشند با نگاهی کل‌نگر به سیستم‌های زیستی، تعامل‌های پیچیده بین آن‌ها را مدل‌سازی کنند. این پژوهشگران در جست‌وجوی شناخت عمیق از فرایندهای پیچیده زیستی مانند عملکردهای مولکول‌ها، سلول‌ها، جانداران، جمعیت‌ها، اجتماعات و اکوسیستم‌ها و خلاصه همه سیستم‌هایی هستند که اجزای آن‌ها با هم تعامل دینامیک دارند. زیست‌شناسی سیستم‌ها شامل پژوهش‌های اساسی و بزرگی است، مانند ژنومیک، پروتئومیک، متابولومیک و غیره که همه پسوند امیک دارند. این رویکرد سیستمی

از جمله بیان ژن‌ها، متابولیسم، ساختار و انتقال سیگنال‌های تنظیمی توسعه یافته است.

تولید بافت‌های مهندسی شده‌ای که لازم است برای کاربرد در زمینه‌های مختلف شامل متابولیسم کبدی داروها و مسمومیت، انکوژنز و مورفوژنز غده‌های پستانی، نوژنز بافت‌های لنفوئیدی و تمایز سلول‌های بنیادی با سلول‌های انسانی ساخته شوند، همه به زیست‌شناسی سیستم‌ها نیاز دارند.

○ زیست‌شناسی رایانه‌ای: زیست‌شناسی و ریاضیات پیوندهای دیرینه با هم دارند. کنش و واکنش‌های پویای بین میزبان و انگل، نیروهای مولکولی درون پروتئین‌ها، الگوهای زیستی تکوین و انتقال سیگنال‌ها در طول اکسون‌ها با ابزارهای آنالیز ریاضی مانند دینامیک غیرخطی و معادلات دیفرانسیل با مشتقات پارهای انجام‌پذیر شده‌اند. برای

اندک بود. اما با پیشرفت‌های فنون توالی‌یابی ژنوم، ژنومیک عملکردی و زیست‌شناسی سیستم‌ها، این روند نیز اساساً تغییر کرد، زیست‌شناسی به موضوعی داده‌محور و اطلاعات‌محور تبدیل شد و پایگاه‌های داده‌ها در آن به صورت ابزاری ضروری درآمد. در نتیجه، اساس ریاضی این رشته برای پذیرفتن روش‌های احتمالات و ترکیبی گسترش یافت. وجود الگوریتم‌های ترکیبی برای حل معماهای هم‌گذاری ژنومی^{۱۵}، چینش توالی‌ها و ساختن درخت‌های تبارزایی بر اساس داده‌های مولکولی لازم‌اند. مدل‌های احتمالات مانند مدل‌های پنهان مارکوف^{۱۶} و شبکه‌های بی‌زی^{۱۷} اکنون برای شناخت ژن‌ها و ژنومیک مقایسه‌ای کاربرد دارند. همکاری‌های نزدیکی بین زیست‌شناسان و ریاضی‌دانان برای هر دو رشته در حال توسعه است و رویکردهای نوینی برای زیست‌شناسی و نوآوری‌هایی برای ریاضی به بار می‌آورد.

میانجی بین مغز و ماشین

میانجی‌های بین مغز و ماشین امکان ارتباط مغز و سیستم‌هایی را که خارج از بدن جانوران قرار دارند، برقرار می‌کنند. در سال ۲۰۰۳ دانشمندان نشان دادند که میمون‌هایی که الکترودهایی مرتبط با بازویی ربانی در مغز آن‌ها کار گذاشته شده است، می‌توانند با تفکر خود آن بازو را حرکت دهند. در سال ۲۰۰۸ دانشمندان برای نخستین بار گزارش دادند که سیگنال‌های مغزی منقطع‌های از مغز میمون که حرکات راه‌رفتن را کنترل می‌کند، می‌توانند ربانی را وادارند که روی دستگاه ترمیل حرکت کند. دانشمندان عقیده دارند که این فناوری برای کسانی که دچار فلج هستند یا نمی‌توانند حرکات بدن خود را کنترل کنند، بسیار مفید خواهد بود. این فناوری و آزمایش‌های مربوط موجب شناخت بیشتر طرز کارکرد مغز می‌شوند. میانجی‌های مغز و ماشین مثال‌هایی از همگرایی زمینه‌های مختلف علوم و فناوری هستند و در شکل‌گیری «زیست‌شناسی نوین» به‌عنوان علمی درهم‌آمیخته مؤثرند. پس از آن با مقایسه تصاویرهای دقیق ویدئویی از حرکات پاها و اندازه‌گیری فعالیت سلول‌های مغز شبیه‌سازی شده، و سپس با استفاده از روش‌های پیشرفته رایانه‌ای آنالیز شدند. یک ربات که از قبل برای تقلید دقیق حرکات انسان طراحی شده بود، برای پاسخ دادن به سیگنال‌های مغزی میمون مورد استفاده قرار گرفت.

○ زیست‌شناسی ترکیبی: علم بنیادی دیگری که منعکس‌کننده رشد مهندسی در زیست‌شناسی است، زیست‌شناسی ترکیبی نام دارد. اگر بخواهیم از زیست‌شناسی برای حل مسائل زیست‌محیطی، انرژی‌یابی و مهندسی ژنتیک را آسان‌تر، قابل پیش‌بینی‌تر کرد به نحوی که بتوان آن‌ها را در سلول‌ها، جانداران یا سیستم‌های زنده الهام گرفته شده از جانداران با برون‌دادهای بهینه صنعتی یا دارویی به کار گرفت.

ساخت و تغییر یک سیستم زنده برای کاوش مستقیم و تحقیق در زمینه آن سیستم ابزارهایی فراهم می‌کند. می‌توان برای شناخت اهمیت اجزا و موقعیت عملکرد آن هر یک از متغیرها را به روشی کنترل شده و

مسابقه بین‌المللی ماشین‌های مهندسی شده ژنتیک (iGEM)^{۱۸}

ماه نوامبر هر سال صدها جوان که در زیست‌شناسی ترکیبی پژوهش می‌کنند، از سراسر جهان برای شرکت در مسابقه سالانه iGEM گرد می‌آیند. iGEM با تقلید از مسابقه‌های رباتیک معروف، گروه‌های دانشجویی را برای استفاده از قطعات زیستی استاندارد برای طراحی و ساخت ماشین جدیدی که دارای کُد ژنتیک باشد و کار مفید یا جالبی انجام دهد، گرد هم می‌آورد. در سال ۲۰۰۸، هشتاد و چهار تیم از ۲۰ کشور که بیشتر آنان دانشجویان سال‌های اول دانشگاه‌ها بودند، برای شرکت در این رقابت حاضر شدند، اما اخیر شرکت دانش‌آموزان دبیرستانی نیز در این رقابت آزاد شده است.

رقابت iGEM سبب پیشرفت آموزش می‌شود و نوآوری را تشویق می‌کند. مسابقه به هیجان رشته جدید زیست‌شناسی ترکیبی که نگاهی انقلابی به سیستم‌های زنده و توان حل بسیاری از مسائل جامعه امروز را دارد، می‌افزاید. دانشجویان شرکت‌کننده از رشته‌های زیست‌شناسی، علوم رایانه، مهندسی و بسیاری دیگر از رشته‌ها می‌آیند، اما برای انجام پروژه‌های خود با هم همکاری می‌کنند. همه قطعات زیستی استاندارد که این دانشجویان طراحی می‌کنند، به بخش ثبت iGEM تحویل می‌دهند و توصیف آن‌ها روی وبگاه منتشر می‌شود. پروژه‌های iGEM در رقابت تفکر نوآورانه با آزمایشگاه‌های حرفه‌ای و شرکت‌های فناوری زیستی قرار دارند.

iGEM مدلی از رقابت برای آموزش زیست‌شناسی ایجاد کرده است و در آن‌ها دانشجویان برای اجرای اندیشه‌های خود در کارهای گروهی شرکت می‌کنند. چالش‌های خلاق، چارچوب رقابتی و اعتمادبه‌نفس مورد نیاز باعث ارتقای انگیزه و نوآوری می‌شود. آینده پروژه‌های تیمی iGEM می‌تواند کاربرد و عملکرد زیست‌شناسی را در آینده تحت تأثیر قرار دهد.

سلامت انسان استفاده کنیم، نه فقط باید سیستم‌های زنده را بشناسیم، بلکه باید توانایی تغییر و نوسازی آن‌ها را نیز داشته باشیم. هدف زیست‌شناسی ترکیبی استفاده از نمونه‌های زیستی برای ایجاد سیستم‌های جدید مهندسی شده است. در زیست‌شناسی ترکیبی اجزای زنده و راه‌های ارتباط آن‌ها با یکدیگر و روش‌های اتصال آن‌ها به یکدیگر به نحوی که منجر به سیستمی کارآمد شوند، استاندارد می‌شوند. با این روش می‌توان

می‌توان از زیست‌شناسی ترکیبی درباره منطق بنیادی سیستم‌های زنده بسیار آموخت. تاکنون رسم بود که سیستم‌های زنده طبیعی را به طور سنتی مشاهده و درباره آن‌ها بحث کنیم (مهندسی معکوس). این رویکرد به تنهایی برای شناسایی اصول اصلی طراحی سیستم‌های زنده کافی نبوده است، به‌ویژه شناسایی درجه اهمیت متغیرها و اجزای سیستم‌های طبیعی هنگام کار با طبیعت خاص مسیرهای تکاملی. توانایی

ترکیبی تغییر داد.

«زیست‌شناسی نوین» در خدمت جامعه نوین

کارشناسان و پژوهشگران مسائل علمی - اجتماعی با توجه به توانایی‌های «زیست‌شناسی نوین» برای حل حداقل چهار رشته از مسائل اساسی انسان امروز از «زیست‌شناسی نوین» کمک می‌طلبند:

■ تأمین غذای سالم و کافی برای

جمعیت‌های رو به افزایش انسانی
■ حفاظت از اکوسیستم‌ها، ترمیم و بازسازی اکوسیستم‌های آسیب دیده
■ کمک به تأمین انرژی‌های پاک
■ حفظ سلامت انسان.

«زیست‌شناسی نوین» و تأمین غذای سالم و کافی برای جمعیت‌های رو به افزایش انسانی

به گزارش سازمان خواروبار جهانی (FAO)، هم‌اکنون حدود یک میلیارد نفر در جهان از گرسنگی و سوء تغذیه در رنج‌اند (FAO, 2008). برای غلبه بر این مشکل، باید به فکر تأمین مواد غذایی بیشتر، سالم‌تر و با کیفیت بهتر باشیم. به علاوه، ساکنان کره زمین باید خود را برای تأمین غذای حدود ۴/۸ میلیارد نفر در سال ۲۰۳۰ (Census Bureau, 2008) آماده کنند. «زیست‌شناسی نوین» می‌تواند با شناخت بیشتر سازوکارها و فرایندهای رشد گیاهان، انتخاب مصنوعی بر مبنای ژن‌ها به جای تمرکز بر فنوتیپ، تولید گیاهان تراژن با کمک فنون مهندسی ژنتیک، شناخت بیشتر تنوع زیستی، سیستماتیک و ژنومیک تکاملی و شناخت بیشتر اکوسیستم گیاهان زراعی به حل این مسئله کمک کند.

○ **شناخت رشد گیاه: آینده کشاورزی در** گروه شناخت عمیق ساز و کارها و فرایندهای رشد گیاهان است؛ در حالی که علی‌رغم آشکار شدن ژنوم برخی گیاهان، دانش و اطلاعات پایه‌ای امروزی ما درباره رشد و نمو گیاهان هنوز بسیار اندک است. داده‌های ژنومی هم به ما نمی‌گویند که هر ژن چگونه در تشکیل، تمایز و رفتار هر سلول مشارکت دارد، چگونه سلول‌ها با هم ارتباط برقرار می‌کنند و بافت تشکیل می‌دهند، یا چگونه بافت‌ها برای تشکیل اندام‌ها و سپس گیاه کامل با همدیگر همکاری می‌کنند. توالی‌یابی ژنومی نخستین گام در این راه است. بنابراین، باید گام‌های بعدی را در راه شناخت رشد گیاهان یکی پس از دیگری برداریم.

«زیست‌شناسی نوین» می‌تواند پژوهش‌های زیستی را با علوم فیزیکی،

مهندسی، علوم رایانه و ریاضیات تلفیق کند و مدلهایی برای نشان دادن رشد گیاهان در سطوح مولکولی و سلولی به وجود بیاورد. وجود این نوع مدل‌ها در کنار فهرست جامعی از گیاهان و نقشه روابط خویشاوندی بین آن‌ها، روش‌های نوینی برای پرورش گیاهان ایجاد خواهد کرد و به ایجاد محصولات جدید و سازگار با محیط منجر خواهد شد.

○ **انتخاب مصنوعی بر مبنای ژن‌ها:** انتخاب مصنوعی به روش سنتی برای به دست آوردن گیاهانی که صفات دلخواه ما را بروز می‌دهند، به وقت و سرمایه هنگفتی نیاز دارد. برای این کار نخست گیاهان مطلوب را آمیزش می‌دهند و پس از کاشتن دانه‌ها یا بخش‌های گیاهان حاصل، به مشاهده و انتخاب صفات دلخواه در آن‌ها می‌پردازند. با تکرار این نوع آمیزش‌ها، پس از چند نسل غربالگری گیاهان مطلوب را به دست می‌آورند. اما رویاندن هزاران گیاه برای مطالعه نسل بعد به زمان طولانی، فضای وسیع و سرمایه زیاد احتیاج دارد و بنابراین باعث محدودیت در تعداد آمیزش‌ها و آنالیز نتایج می‌شود. امروزه پژوهشگران در پرتو پیشرفت‌های حاصل از توالی‌یابی ژنومی، آنالیز ژنوم گیاهان و پیشرفت‌های بیوانفورماتیک در حال در انداختن طرحی نو به نام «انتخاب مصنوعی بر مبنای ژن‌ها» هستند.

امروزه، روش‌های کمی جدیدی در حال تکوین و تکمیل‌اند. از این روش‌ها برای شناسایی صفات مطلوب والدین در ژنوم فرزندان استفاده می‌کنند. با این روش‌ها می‌توان توالی ژنتیک یا ژنوتیپ میلیون‌ها زاده را در دانه‌ها یا دانه‌رست‌های نسل بعد تعیین و گیاهانی را که دارای ترکیب بهتری از صفات مطلوب هستند، غربالگری و جدا کرد. این کار علاوه بر صرفه‌جویی در وقت و فضای محیط کشت، باعث انتخاب دقیق‌تر ژن‌های دلخواه از میان تعداد بسیار بیشتری از زاده‌ها می‌شود و سرعت کلی ظرفیت فرایند پرورش گیاهان را افزایش می‌دهد.

○ **تولید و پرورش گیاهان زراعی مهندسی شده و تراژن:** یکی از ویژگی‌های

علف‌های هرز و خودرو این است که به بسیاری از شرایط محیطی مختلف سازگارند، گستره وسیعی از تغییرات محیط زیست را تحمل می‌کنند، سریع رشد می‌کنند و در مدتی نسبتاً کوتاه به تولیدکنندگی بالایی می‌رسند. امروزه می‌توان با شناسایی و انتقال ژن‌های دلخواه از گونه‌های غیرزراعی به DNA گیاهان زراعی بسیاری از سازوکارهای مولکولی مربوط به بهبود کیفیت و کمیت محصول را به شکل و نحو دلخواه تغییر داد. مثلاً، می‌دانیم که شدت فتوسنتز گیاهان C_4 بیشتر از گیاهان C_3 است. اگر بتوانیم توانایی شدت فتوسنتز گیاهان C_4 را به گیاهان C_3 منتقل کنیم، خواهیم توانست شدت فتوسنتز را در بسیاری از گیاهان غذایی جهان که به روش C_3 فتوسنتز انجام می‌دهند، افزایش دهیم. می‌توان با دستکاری غلظت هورمون‌ها نیز نه فقط رشد را بهینه کرد، بلکه باعث بهبود انتقال محصولات فتوسنتز به دانه‌ها و دیگر بخش‌های خوراکی گیاهان شد. روش‌های ژنتیک و مولکولی پیشرفته دیگری هم وجود دارند که می‌توانند سبب بهبود ارزش غذایی گیاهان زراعی شوند. مثلاً می‌توان غلظت چربی‌های ترانس را در روغن سویا کاهش داد (Fehr, 2007).

○ **شناخت هرچه بیشتر تنوع زیستی، سیستماتیک و ژنومیک تکاملی:** یکی از ابزارهای مورد نیاز برای ایجاد گیاهان زراعی جدید و بهبود گونه‌های موجود، پژوهش در زمینه‌های تنوع زیستی و زیست‌شناسی مقایسه‌ای و تکاملی است. فناوری‌های اطلاعات، تصویربرداری و توالی‌یابی ژن‌ها فقط چند مورد از پیشرفت‌هایی هستند که باعث پیشرفت سریع در شناخت و مدیریت تنوع زیستی شده‌اند؛ اما هنوز این روش‌ها کاربرد چندانی پیدا نکرده‌اند، چون بیشتر گونه‌های کره زمین هنوز کشف و نام‌گذاری نشده‌اند و ارزش خویشاوندی تکاملی آن‌ها نامعلوم است. آنالیزهای ژنومیک و رایانه‌ای برای مقایسه موجودات زنده موجب احیای سیستماتیک نیز می‌شود. گسترش سیستماتیک سودمندی‌های بسیار دارد؛ منابع مربوط به تنوع زیستی باعث کمک به

سازگاری و بهبود محصولات غذایی کشاورزی و اثری‌های زیستی، شناخت عملکرد اکوسیستم‌ها و یافتن مواد شیمیایی فعال برای کاربردهای پزشکی و صنعتی می‌شود (Chivian & Bernstein, 2008).

○ شناخت اکوسیستم‌های گیاهان

زراعی: گیاهان زراعی مانند همه گیاهان دیگر در محیطی پیچیده شامل عوامل نازیستی (فیزیکی)، مانند دما، رطوبت و نور و عوامل زیستی شامل ویروس‌ها، باکتری‌ها، قارچ‌ها، حشرات و مانند آن‌ها رشد می‌کنند و محصول می‌دهند. بنابراین، شناخت بیشتر تعامل‌های سودمند و زیان‌مند بین این عوامل و گیاه به افزایش محصول کمک می‌کند. به‌علاوه، اجتماع‌های پیچیده میکروبی موجود در خاک که قبلاً مطالعه آن‌ها دشوار بود، نقش‌های مهمی در تهیه مواد مغذی و حفاظت گیاهان در برابر آفت‌ها و بیماری‌ها دارند. شناخت این اجتماع‌های میکروبی به افزایش تولیدکنندگی گیاهان منجر خواهد شد.

برای بهبود مقاومت گیاهان به بیماری‌های گیاهی و ویروسی، باکتریایی و قارچی و نیز برای مقابله با حشرات آفت از مهندسی ژنتیک استفاده می‌شود. هنوز تا شناخت جزئیات فرایندهای رشد گیاهان، تهیه فهرست جامعی از گونه‌های گیاهی، شناخت خویشاوندی‌های تکاملی و شناخت سیستم‌های ارتباطی بین گیاهان، میکروب‌ها و حشرات راه زیادی مانده است که باید پیموده شود. برای این کار به زیست‌شناسان سلولی و مولکولی، بوم‌شناسان، زیست‌شناسان تکاملی و دانشمندان فیزیکی و رایانه نیاز داریم. پژوهشگران پزشکی با تجربه کاری در زمینه سلول‌های بنیادی، دانشمندان علوم اعصاب با تجربه کاری در چگونگی نشان دادن فرایندهای درونی شبکه‌های نورونی و چگونگی پاسخ به سیگنال‌های خارجی، مهندسان محیط زیست با تجربه کاری در زمینه دیده‌بانی و ترمیم و بازسازی اکوسیستم‌های آلوده، آب‌شناسان، دانشمندان خاک و هواشناسانی که به بررسی سیستم‌های فیزیکی مؤثر بر رشد گیاهان

پرداخته‌اند، مورد نیازند.

نتیجه کوشش‌های درهم‌آمیخته و متمرکز این گروه، پیشرفت دانش، ابداع ابزارهای جدید برای تولید گیاهانی خواهد بود که بتوانند در وضعیت‌های مختلف و متغیر محیطی با سرعت بیشتر رشد کنند و غذای کافی و سالم برای همه مردم جهان که در محیط‌های مختلف زندگی می‌کنند، تولید کنند.

○ «زیست‌شناسی نوین» و حفاظت از اکوسیستم‌ها، ترمیم و بازسازی اکوسیستم‌های آسیب دیده

انسان جزئی از شبکه حیات است و لذا نمی‌تواند بی‌نیاز و جدا از موجودات زنده دیگر و در تنهایی به زندگی ادامه دهد. مثلاً، نیازهای اساسی انسان، از اکسیژن، آب پاک و غذا گرفته تا مواد خام مانند سوخت از گیاهان به‌دست می‌آیند.

به‌طور کلی منابع و سودهایی را که مجموع موجودات زنده هر اکوسیستم در بر دارند، «خدمات اکوسیستم»

درهم آمیختگی زیست‌شناسی رشد و نمو تکاملی و بوم‌شناسی

زیست‌شناسی تکاملی رشد و نمو (evo-devo) که حدود ۲۰ سال است پدیدار شده و پیشرفت کرده، ابزاری توانمند برای درهم‌آمیختن زیست‌شناسی نظری و زیست‌شناسی عملی در بین سطوح سازمانی جانداران از مولکول تا اکوسیستم است. بررسی‌های پژوهشگران زیست‌شناسی تکاملی رشد و نمو نشان داده‌اند که طرح‌های بدن جانوران ممکن است حاصل یکی از ژن‌های حفظ شده (مانند ژن‌های هومئوباکس) و شبکه‌های ژنی باشد. پیشرفت در جنبه‌های پژوهشی این موضوع در گرو رشد پیوسته ابزارهای رایانه‌ای و ریاضی برای بررسی پیوندهای بین رشد و نمو و تکامل و تعیین عوامل محیطی است که در طول حیات فرد و نیز در مسیر تکامل بر فرایندهای رشد و نمو اثر می‌گذارد. مثلاً آنالیز داده‌های حاصل از توالی ژنومی که برای بررسی تبارزایی سلسله جانوران لازم است، به ۱۲۰ پردازنده تمام‌وقت به مدت چند ماه نیاز دارد (Hejnal et al, ۲۰۰۹). در حال حاضر محدودیت‌های فنی کاربرد گسترده چنین رویکردهایی را محدود می‌کند و این نشان می‌دهد که به آنالیز رایانه‌ای کارآمدتری برای چنین مجموعه‌های داده‌های عظیمی نیاز است.

موضوع زیست‌شناسی تکاملی رشد و نمو اکنون برای درهم‌آمیختن همه سطوح سازمان‌بندی جانداران از مولکول تا جاندار آماده است. مثلاً در سطح اکوسیستم، زیست‌شناسان مدت‌هاست می‌دانند که متغیرهای محیطی مانند دما و طول روز می‌توانند بر فرایندهای رشد و نمو اثر بگذارند. اما تا چندی پیش زیست‌شناسان رشد و نمو تقریباً به‌طور کامل در پی شناخت فرایند رشد از ژن تا جاندار بود، یعنی تاکنون بررسی می‌کردند که سلول‌ها و بافت‌های جانداران چگونه از لقاح تا مرگ تغییر می‌کنند و به پیش می‌روند. هنوز تا شناخت این فرایندها راه زیادی باقی مانده است؛ اما در عین حال می‌تواند در زمینه‌ای به نام بوم‌شناسی رشد و نمو یا eco-devo جای گیرد.

فرایندهای رشد و نمو غالباً نشانگر اختلالات محیط زیستی‌اند. مثلاً پراکنش جغرافیای زیستی جانوران دریایی را حساسیت نوزاد آن‌ها به دما تعیین می‌کند. به‌نظر می‌رسد تغییرات دمای آب اقیانوس‌ها و الگوهای جریان‌های دریایی بر پراکنش شمار زیادی از تاکسون‌های دریایی مؤثرند. این تغییرات بر جنبه‌های بسیاری از روابط بین اقیانوس و انسان مانند ماهی‌گیری مؤثر است. پیش‌بینی و به حداقل رساندن اثرهای تغییرات محیطی بر رشد و نمو، گسترده‌تر کردن پراکنش گونه‌ها و افزایش خدمات اکوسیستم‌ها به همکاری بین زیست‌شناسان رشد و نمو، بوم‌شناسان، دانشمندان علوم رایانه، اقیانوس‌شناسان و دانشمندان اقلیم‌شناس و دیگران نیاز دارد.

می‌نامند (Millennium Ecosystem Assessment, 2005). میزان خدمات هر اکوسیستم به تولیدکنندگی گیاهان بستگی دارد. پایدار کردن اکوسیستم‌ها به طوری که حتی در صورت تغییر اقلیم تغییری در تولیدکنندگی آن‌ها روی ندهد، موجب ارتقای کیفیت زندگی انسان می‌شود. برای حفاظت واقعی از اکوسیستم‌های طبیعی چه باید کرد؟ برای این کار به چند چیز نیاز داریم: یکی پیشرفت بنیادی در دانش و دیگر توسعه نسل جدیدی از ابزارها و فناوری‌ها برای شناخت کارکرد اکوسیستم‌ها، اندازه‌گیری خدمات اکوسیستم‌ها و تغییرات آن‌ها، احیای اکوسیستم‌های تخریب شده و کاهش اثرهای نامطلوب فعالیت‌های انسانی و تغییرات اقلیمی. «زیست‌شناسی نوین» می‌تواند با ترکیب و تلفیق دانش بوم‌شناسی با زیست‌شناسی موجودات زنده، زیست‌شناسی تکاملی و مقایسه‌ای، اقلیم‌شناسی، آب‌شناسی، خاک‌شناسی و علوم محیط زیست، مهندسی عمران و سیستم‌ها و زبان ریاضی، مدل‌سازی و علوم رایانه‌ای به این پیشرفت کمک کند. به‌هم‌پیوستگی این رشته‌ها، باعث پیشرفت‌های بزرگ در زمینه دیده‌بانی عملکرد اکوسیستم‌ها، شناسایی خطرهایی که اکوسیستم‌ها را تهدید می‌کنند و دخالت مؤثر ما برای حفاظت از عملکرد اکوسیستم می‌شود.

○ دیده‌بانی خدمات اکوسیستم:

خدمات اکوسیستم متنوع‌اند. اندازه‌گیری بعضی از این خدمات آسان‌تر از بعضی دیگر است. مثلاً محاسبه مقدار چوب یک جنگل آسان‌تر از محاسبه میزان عملکرد حفاظتی جنگل مانگرو در برابر سیلاب‌های ساحلی است. محاسبه‌های کیفی مانند اثرهای اکوسیستم‌ها بر کیفیت هوا و آب یا محاسبه کربنی که در اکوسیستم‌های طبیعی و بکر انباشته می‌شود، حتی شناسایی تغییراتی که در تنوع زیستی روی می‌دهند دشوارتر از آن است. اما اگر بخواهیم ارزش اکوسیستم‌ها را اندازه بگیریم، حتی اگر اثرهای فعالیت‌های انسانی را شناخته باشیم و تصمیم‌های مدیریتی را براساس پایه‌های علمی گرفته

باشیم، باید روش‌ها و ابزارهای لازم را برای دیده‌بانی وضعیت اکوسیستم داشته باشیم.

○ علوم و فنون پیشرفته بازسازی

اکوسیستم: پزشکان پس از تشخیص بیماری به گزینه‌های متعدد درمانی می‌اندیشند. اما پزشک اکوسیستم بیشتر از چند تیر در تیردان ندارد. ما هنوز ابزاری برای مدیریت بیوسفر در اختیار نداریم. در دو سوی طیف مدیریت اکوسیستم‌ها این دو گزینه قرار دارند: نگهداری برخی اکوسیستم‌ها در وضعیت طبیعی و دست‌نخورده یا انجام دادن فعالیت‌های انسانی بدون محاسبه یا پیش‌بینی اثرهای اکولوژیک این فعالیت‌ها. «زیست‌شناسی نوین» می‌تواند به‌ارتقای توان ظرفیت ارزیابی اثرهای فعالیت‌های انسانی بر خدمات اکوسیستم و تهیه گزینه‌هایی برای به حداقل رساندن یا بهبود آن اثرها کمک کند. بوم‌شناسی بازسازی یکی از زیرشاخه‌های در حال رشد بوم‌شناسی است و کلیدهایی ترمیم و بهبود خدمات اکوسیستم‌ها را در مناطق آسیب دیده در اختیار دارد. نقش بوم‌شناسی بازسازی بهبود تولیدکنندگی گیاهان زراعی، کاهش نیاز به انرژی و کاستن از سرعت کاهش تنوع زیستی است.

هم‌اکنون برای ارائه طرح‌های بهینه حفاظت از گونه‌ها دو نوع تحلیل رایانه‌ای انجام می‌شود: تحلیل شکاف کاربرد رایانه است برای یافتن شکاف در مناطق حفاظت شده یعنی جاهایی که تنوع زیستی در آن کاهش یافته است. برای این کار نخست برای نشان دادن وضعیت توپوگرافی، روبشی، آب‌شناسی و مالکیت زمین منطقه نقشه‌های رایانه‌ای تهیه می‌کنند و سپس برای نشان دادن پراکنش گونه‌های گیاهی و جانوری نقشه‌هایی رسم می‌کنند. وقتی که این نقشه‌ها با هم منطبق می‌کنند، معلوم می‌شود که در چه مناطقی لازم است حفاظت صورت گیرد (کرام‌الدینی، م. ۱۳۹۱).

■ «زیست‌شناسی نوین» و کمک به تأمین انرژی‌های پاک

نیاز سالانه جهان به انرژی تقریباً به

حدود تولید ناخالص داخلی (GDP) رسیده است و انتظار می‌رود تا سال ۲۰۳۰ حدود ۶۰ درصد افزایش یابد. بیشتر این افزایش به علت نظام‌های اقتصادی سریع‌تر در حال توسعه، مانند هندوستان و چین است (IEA, 2008). بیش از سه‌چهارم نیازهای کنونی جهان از منابع فسیلی تأمین می‌شود (EIA, 2007). می‌دانیم که سوخت‌های فسیلی موجب افزایش کربن‌دی‌اکسید جو و در نهایت باعث گرمایش زمین می‌شوند (Houghton & Intergovernmental Panel on Climate Change. Working Group I., 2001). جمعیت‌های در حال رشد به استانداردهای بالاتر و در نتیجه به انرژی بیشتر نیاز دارند. محیط زیست از استخراج سوخت‌های فسیلی و نیز از آلودگی‌های حاصل از سوخت آن‌ها آسیب می‌بیند. بدین لحاظ، منابع پایدار، مؤثر و پاک انرژی برای کاهش وابستگی به سوخت‌های فسیلی اهمیت بسیار دارند. «زیست‌شناسی نوین» می‌تواند به پیشرفت تولید سوخت‌های زیستی کمک کند.

نخستین روش کسب انرژی سوزاندن زی‌توده مانند چوب برای به دست آوردن گرما بود. سپس تبدیل سلولز خام به سوخت مایع، به استفاده از زی‌توده بهبود بخشید. امروزه به‌ویژه برای جانشین کردن سوخت‌های زیستی با سوخت‌های فسیلی مخصوصاً برای حمل‌ونقل کوشش‌هایی در جریان است.

«کاربرد مؤثرتر زی‌توده گیاهی، یعنی تولید سوخت‌های زیستی بر عهده «زیست‌شناسی نوین» است. می‌دانیم که گیاهان منبع سلولزند و در اینجا تبدیل سلولز به سوخت‌های دیگر مبنای کار است.» در این مورد چند اقدام می‌توان به عمل آورد: انتخاب درست گیاهان به‌عنوان منابع زی‌توده، مهندسی کردن این گیاهان برای رشد بیشتر با انرژی کمتر، آب و کود کمتر و فراهم کردن آنزیم‌های مهندسی شده برای تجزیه بهتر سلولز. بهینه کردن هر کدام از اجزای این سیستم بر اجزای دیگر مؤثر است.

برای هر کدام از این مراحل گزینه‌های متعدد وجود دارد. کدام گیاهان می‌توانند با کمترین مقدار آب و کود و کمترین اثر بر

محیط زیست خود بیشتری مقدار زی توده را تولید کنند؟ چگونه می توان این گیاهان را طوری تغییر داد که زی توده بیشتری تولید کنند و سلولزی بسازند که تجزیه آن آسان تر باشد. چگونه می توان این زی توده را به سوخت تبدیل کرد؟ چه آنزیم ها و مسیرهای متابولیکی ای در میکروارگانیسم ها وجود دارند که می توان از آن ها برای تبدیل زی توده استفاده کرد؟ چگونه می توان فرایند تخمیر را برای تولید سوخت بیشتر و ارزان تر بهینه کرد؟ کار روی یکایک این پرسش ها در حال انجام است و «زیست شناسی نوین» می تواند تجربه ها را از منابع مختلف جامعه علمی یکجا جمع کند و دانشی بنیادی و راه های نوینی به وجود آورد.

○ بهینه سازی منابع زی توده برای سوخت های زیستی: ... امروزه تقریباً همه سوخت های زیستی از تخمیر نشاسته و تبدیل آن به اتانول انجام می شود. بنابراین باید تکیه را از روی غلات برداریم و به فکر منابع دیگر هم باشیم و محصولات پراثری ای را که منابع مستقیم فرایند تخمیر هستند، مانند نیشکر یا سورگوم شیرین یا منابع مواد سلولزی را توسعه دهیم. محصولات جانبی کشاورزی و کارخانه ها در این مورد از الویت برخوردارند. دانش، ابزار و فناوری های بنیادی در رویکردهای «زیست شناسی نوین» برای چالش غذا باید به طور مستقیم در این موارد

به کار رود: شناخت رشد گیاهان، پیشرفت روش های پرورش گیاهان بر مبنای ژن ها، مهندسی تراژنی و ژنتیک؛ پیشرفت در تنوع زیستی، سیستماتیک و ژنومیک تکاملی و شناخت اکوسیستم گیاهان زراعی. بنابراین، کشاورزی همراه با تحقیقات انرژئی در این راه می توانند کمک کنند.

امروزه ریزجلبک ها را منابعی غنی و مناسب برای تأمین سوخت های زیستی می دانند. محتوای نسبتاً بالای لیپید، نشاسته و پروتئین و فقدان چوب که نمی توان آن را به آسانی تخمیر کرد، باعث شده اند که ریزجلبک ها نماینده های آرمانی برای تولید متان زیستی باشند (بخشی پور، ه. ۱۳۹۱).

○ شناسایی و بهینه سازی کاتالیست های زیستی میکروبی:

اتانول نخستین سوخت زیستی است که از تخمیر قند توسط نوع وحشی مخمر به دست می آید. اما اتانول نقص هایی دارد، مانند چگالی انرژیبایی کم، فشار زیاد بخار و حلالیت در آب. اکنون با روش های کارآمد توالی یابی، اندازه گیری خودکار بیان ژن ها و مهندسی متابولیک می توان نسل دوم سوخت های زیستی را به دست آورد. الکل های درشت تر، اسیدهای چرب بلند زنجیره و حتی مشتقات آن ها یعنی همه محصولات که توسط میکروارگانیسم ها ساخته می شوند و می توان روی آن ها پردازش شیمیایی انجام

داد، سوخت های زیستی آینده هستند. باید برای هر نوع مولکول سوخت زیستی میزان میکروبی خاصی انتخاب کرد، باید مسیرهای متابولیک را شناخت و با استفاده از روش های نو ترکیبی، جاندار را مهندسی کرد تا به میزان و سرعت دلخواه سوخت زیستی تولید کنند. یکی از دشواری های تولید سوخت های زیستی تولید سوخت ارزان تر از تخمیر نشاسته است. در اینجا نیز تنها کمک «زیست شناسی نوین» می تواند هماهنگ کننده فعالیت هایی باشد که برای شناسایی و مهندسی میکروارگانیسم ها صورت می گیرد، مثلاً با تنظیم دائمی نسبت مواد مغذی و محصولات نهایی به حداکثر می رساند. این سیستم های بهینه سوخت های زیستی نسل بعدی را ارزان تر و قابل رقابت با بنزین می کنند.

○ تولید سوخت های زیستی رویکردی سیستمی:

در مسیر تهیه استانداردهایی برای سوخت های جانیشنی چند گام وجود دارد. این گام ها به هم پیوسته اند و برای هر کدام به رویکردی درهم آمیخته که شامل دانشمندان و متخصصان مهندسی باشد نیاز است. برای بهینه کردن سیستم تبدیل زی توده به سوخت های زیستی به کوشش های درهم آمیخته دانشمندان علوم گیاهی، میکروبیولوژیست ها، بوم شناسان، مهندسان پردازش شیمیایی و صنعتی، زیست شناسان

تبدیل زی توده به مواد شیمیایی و دارو

فناوری های تخمیر می توانند زی توده را به سوخت های مایع و دیگر مواد شیمیایی ارزشمند تبدیل کنند. می توان با دستکاری میکروارگانیسم ها مواد شیمیایی، آنزیم های صنعتی و مواد دارویی را در مقیاس صنعتی تولید کرد. نخستین ماده ای که با استفاده از جانداران مهندسی شده تولید شد، انسولین بود که در سال های دهه ۱۹۸۰ به تولید صنعتی رسید. پس از آن شمار بسیاری پروتئین دارویی و فعال، آنتی بیوتیک، ویتامین و آمینواسید برای تغذیه جانوران و انسان تولید شدند. امروزه از میکروارگانیسم ها به طور گسترده برای تولید آنزیم های صنعتی گوناگون استفاده می شود. اکنون سالانه بیش از ۱۰ هزار تن مواد شیمیایی مختلف از این راه تولید می شود. مثلاً لاکتیک اسیدی را که باکتری ها تولید می کنند، می توان پلی مری و به شکل های الیافی و نیز غیررشته ای در آورد. تولید مقادیر زیاد پروپان دیول (PDO) با استفاده از باکتری E. coli در سال ۲۰۰۷ انجام شد. PDO کاربردهای گوناگونی دارد و از آن برای مواد مختلفی استفاده می شود. PDO زیستی جزء بسیار مهم پلی مر تری متیلن ترفتالات (trimethylene terephthalate) است. اکنون می توان انتظار تولید طیف گسترده ای از واحدهای ساختاری را داشته باشیم، مانند سوکسینیک اسید، دودکاندیوئیک اسید (dodecanedioic acid) و پی-هیدروکسی بنزوئیک اسید (p-hydroxybenzoic acid) که از تخمیر زی توده به دست خواهند آمد (Pacific Northwest National Laboratory, ۲۰۰۹).

مولکولی، ژنتیک‌دانان و بسیاری دیگر نیاز است. درهم آمیختن کوشش‌های این گروه‌ها لزوماً به معنی یک‌کاسه کردن آن‌ها نیست. در واقع، فراساختارهای اطلاع‌رسانی و ارتباطی همکاری‌ها را تسریع خواهند کرد. «زیست‌شناسی نوین» منابع لازم برای جذب مغزهای برتر از میان مجامع علمی برای حل مسئله و تولید ابزارها و فناوری‌های لازم برای موفقیت را فراهم خواهد کرد. کوشش‌های هماهنگ برای بهینه کردن تبدیل زی‌توده به سوخت زیستی دانش و فناوری لازم برای بخش‌های دیگر مانند مواد دارویی و صنعتی را نیز فراهم می‌کند.

«زیست‌شناسی نوین» و سلامت انسان

دیدیم که رویکرد «زیست‌شناسی نوین» برای مقابله با چالش‌های زیست‌محیطی، عمدتاً دیده‌بانی عملکرد اکوسیستم‌ها و تلاش برای اصلاح آن‌ها، در صورت خروج از تعادل است. رویکرد «زیست‌شناسی نوین» برای حفظ یا بازگردانی سلامت انسان نیز همین‌طور است؛ یعنی دیده‌بانی سلامت یکایک افراد جامعه، به بیان دیگر نظارت بهداشتی و سلامتی روی فرد فرد انسان‌های جامعه به‌منظور حفظ سلامت آنان و رفع بیماری‌ها.

در حال حاضر تصمیم‌گیری‌های پزشکی بیشتر براساس حدس، گمان و کاربرد حساب احتمالات روی صورت می‌گیرد. مثلاً، می‌دانیم که برخی داروها بعضی بیماری‌ها را در برخی افراد به آسانی درمان می‌کنند، در حالی که در بعضی دیگر از انسان‌ها همان داروها بر همان بیماری نه‌تنها مؤثر نیستند، بلکه اثرهای جانبی خطرناک هم بر جای می‌گذارند؛ یا گفته می‌شود که در بسیاری افراد افزایش میزان کلسترول خون باعث افزایش احتمال بروز بیماری‌های قلبی می‌شود، در حالی که برخی افراد دیگر که میزان کلسترول خون آنان بالاست، به بیماری قلبی دچار نمی‌شوند؛ مثال دیگر در رابطه با سرعت دست‌اندازی

(متاستازی) تومورهای سرطانی است. معمولاً تومورهای سرطانی با شدتی قابل پیش‌بینی دست‌اندازی خود را به پیش می‌برند، در حالی سرعت و شدت دست‌اندازی تومور در بدن برخی دیگر از افراد جامعه بسیار سریع‌تر از حد معمول است.

می‌دانیم که هر فرد انسان در محیطی خاص رشد می‌کند و ترکیب ژنی خاص و منحصر به فردی دارد. تعامل این دو، یعنی ترکیب منحصر به فرد محیط و ژن‌های انسان در سلامت او تأثیر بسیار دارد. اما ما هنوز از روابط بین ترکیب ژنی هر فرد با تاریخ محیط زیست او که در دجاری او به بیماری‌ها تأثیر دارند، از میزان حساسیت او به عوامل بیماری‌زا و از میزان پاسخ او به درمان‌ها چیزهای زیادی نمی‌دانیم. شناخت عملکرد و تعامل بین سیستم‌ها و شبکه‌های پیچیده

«زیست‌شناسی نوین» ممکن است حتی زیست‌شناس نباشد یا اصلاً نخواهد در آینده نیز زیست‌شناس شود؛ بلکه فیزیک‌دانی باشد که قوانین فیزیکی را در محیط سلول بررسی می‌کند، یا ریاضی‌دانی باشد که معادله‌ای جدید برای توصیف تعامل‌های درون‌شبکه‌ای زیستی کشف کرده است. اینان همگی بدون توجه به اینکه فیزیک‌دان یا ریاضی‌دان‌اند، در واقع «زیست‌شناس نوین»‌اند

برای دانستن این ناندانسته‌ها ضروری است.

● **چالش ژنوتیپ- فنوتیپ:** امروزه ابزارها و روش‌های توالی‌یابی ژنوم‌ها به اندازه‌ای پیشرفت کرده و ارزان شده است که می‌توان به آسانی به ژنوم کامل همه افراد بشر دست یافت. می‌دانیم که فنوتیپ هر فرد به‌طور مستقیم با ژنوم او در ارتباط است. از آنجا که اطلاعات و نقشه همه فرایندهای زیستی روی ژنوم موجود است، تنوع ژنی افراد باعث ایجاد تنوع در عملکرد شبکه‌هایی می‌شود که سلامت انسان به آن‌ها بستگی دارد. شناخت ارتباط بین توالی ژنوم فرد و سلامت او چندان دشوار به‌نظر نمی‌رسند، اما دو عامل دیگر بر پیچیدگی موضوع می‌افزایند: یکی تأثیر

محیط زیست بر چگونگی اجرای نقشه ژنی و دیگر نحوه ارتباط بین ژنوتیپ و فنوتیپ. مثلاً، می‌دانیم در صورتی که مدتی را در هوای کم‌اکسیژن بلندی‌ها بگذرانیم، تعداد گویچه‌های سرخ خون‌مان افزایش می‌یابد. این صفت در همه انسان‌ها وجود دارد. به بیان دیگر همه افراد پتانسیل ژنی سازگاری‌های محدودی با محیط‌های خاص را دارند. عوامل محیطی، مانند تغذیه، ورزش، تابش خورشید، مواد شیمیایی، ویروس‌ها و باکتری‌ها همگی می‌توانند بر ارتباط میان ژنوتیپ و فنوتیپ اثر بگذارند. به علاوه، انواع جدیدی از فرایندهای تنظیم ژنی نیز شناخته شده‌اند؛ مانند سازوکارهای اپی‌ژنتیک و RNAهای کوچک مداخله‌گر که در آن قطعه‌های کوچک RNA بیان یا ترجمه ژن‌ها را تنظیم می‌کنند.

دومین عامل پیچیدگی موضوع که به‌تازگی به چالش شناخت ارتباط بین ژنوتیپ و فنوتیپ افزوده است، شناخت ارتباط‌های تنگاتنگ ژنوم‌های اجتماع‌های پیچیده میکروبی دور و بر ما با ماست؛ یعنی میکروبیوم‌های درون و روی بدن ما نیز بر سلامت ما اثر دارند. انبوهی از یافته‌ها درباره تأثیر این میکروبیوم‌ها بر سلامت انسان، شناخت ما را از سلامت و چگونگی حفظ آن دگرگون کرده است. آشکار شده

است که برای شناخت واقعی سلامت انسان شناخت ژنوم انسان کافی نیست، بلکه به شناخت ژنوم‌های همه اجتماع‌های میکروبی موجود در محیط زیست نیز احتیاج داریم. شگفت‌آور است که شمار میکروب‌های بدن یک انسان سالم و عادی بیش از ده برابر شمار سلول‌های بدن اوست. این میکروب‌ها عملکردهای اساسی بسیاری دارند. مثلاً میکروب‌های موجود در روده انسان امینواسیدهای ضروری و ویتامین می‌سازند و نیز کربوهیدرات‌های پیچیده را گوارش می‌دهند (Backhed et al., 2005).

امروزه ژنومیک و دیگر فناوری‌های نوین، شناسایی میکروبیوم انسانی و عوامل انتشار، عملکرد و تکامل آن‌ها را امکان‌پذیر کرده

است. شناخت ارتباط بین ژنوتیپ و فنوتیپ نه فقط باید انسان را در بر گیرد، بلکه باید شامل ژنوم‌های میکروارگانیسم‌های درون و روی بدن ما هم باشد. تحقیق درباره تأثیر ویروس‌ها بر سلامت انسان باید با شناخت بیشتر نقش آن‌ها در ایجاد سرطان‌ها (مانند HIV، سارکوما کاپوزی^۱، ویروس پاپیلوما انسانی و سرطان گردن رحم)، بیماری‌های خودایمنی و دیگر بیماری‌های مزمن از یک سو و نقش پاسخ ایمنی بدن انسان به ویروس‌ها همراه باشد.

شواهد فزاینده‌ای نشان می‌دهند که بسیاری از بیماری‌ها، مانند دیابت‌های نوع ۱ و ۲، بیماری‌های کرونری قلب و گلیوبلاستوما معمولاً نتیجه نارسایی‌های بزرگ در چند ژن نیستند، بلکه در نتیجه نارسایی‌های کوچک در شمار زیادی از ژن‌ها به وجود می‌آیند (Altshuler et al., 2008). به‌نظر می‌رسد عواملی محیطی بسیاری (مانند عفونت‌های ویروسی) که باعث تغییرات ژنی می‌شوند، می‌توانند بیماری‌های همانندی ایجاد کنند. برای شناخت چگونگی تعامل ژن‌ها در شبکه‌های تنظیمی و چگونگی تأثیر پذیری این شبکه‌ها از عوامل خارجی، باید شبکه پیچیده تعامل‌های بین فنوتیپ بیماری‌ها را آشکار کرد.

مطالعات دامنه‌داری که ارتباط بین فنوتیپ و ژنوتیپ را بررسی کرده‌اند، تنوع ژنتیک (هم در انسان و هم در میکروارگانیسم‌ها) و عوامل محیطی بسیار زیادی را که با بیماری‌های خاصی همکاری می‌کنند شناسایی کرده‌اند.

در حال حاضر شکاف بسیار عمیقی بین نحوه این همکاری‌ها و سازوکار ایجادکننده بیماری وجود دارد. اما اگر مراقبت‌های سلامتی از درمان محوری بر اساس آمار و احتمالات به وضعیت خاص هر فرد تغییر کند، یعنی طب کاملاً شخصی به وجود آید، این شکاف بین ژنوتیپ و فنوتیپ پر خواهد شد. تاکنون هیچ مؤسسه‌ای روی این کار سرمایه‌گذاری نکرده است. در واقع این چالشی است که از یک سو به جامعه‌ای از پژوهشگران مبتنی بر «زیست‌شناسی نوین» نیاز دارد و از سوی دیگر به منابع علمی و تکنیکی، دانشمندان دولتی و بخش خصوصی نیازمند است.

○ **شناخت شبکه‌ها:** بین نقطه آغازی ژنتیک، یعنی توالی DNA هر فرد تا نقطه

در حال حاضر تصمیم‌گیری‌های پزشکی بیشتر بر اساس حدس، گمان و کاربرد حساب احتمالات روی صورت می‌گیرد. مثلاً، می‌دانیم که برخی داروها بعضی بیماری‌ها را در برخی افراد به آسانی درمان می‌کنند، در حالی که در بعضی دیگر از انسان‌ها همان داروها بر همان بیماری نه تنها مؤثر نیستند، بلکه اثرهای جانبی خطرناک هم بر جای می‌گذارند

پایانی فنوتیپ او که در اینجا سلامت فرد است، مجموعه‌ای از شبکه‌های پیچیده، متفاوت و مرتبط به هم وجود دارند. پژوهشگران بیوشیمی و پزشکی به‌تازگی توانسته‌اند تعامل‌های بین این شبکه‌های پیچیده ساختاری و متابولیک را که بر هم

خوردن نظم آن‌ها سبب از دست رفتن سلامت می‌شود، بررسی کنند. در مسیری که از ژنوتیپ تا فنوتیپ ادامه دارد هر شبکه با چند میانجی مانند چرخه‌های خودتنظیمی به دیگر شبکه‌ها مرتبط است. این شبکه‌های پیچیده از مدارها، ژن‌های متعامل، محصولات ژن‌ها، متابولیت‌ها و سیگنال‌هایی تشکیل شده‌اند که اگر چه مانند مدارهای مجتمع الکترونیک با هم همکاری می‌کنند؛ اما بر خلاف مدارهای الکترونیک، تقریباً همه اجزای آن‌ها دائماً در حال تغییرند و بر هم اثر می‌گذارند. امروزه می‌توان این سیستم‌های پیچیده را در محیط‌های زنده با روش‌ها و ابزارهای رایانه‌ای تحلیل کرد و دریافت که تغییر هر جزء چه اثری بر کل سیستم دارد. تاکنون بسیاری از این اجزا، مدارها و تعامل‌ها شناسایی شده‌اند، اما هنوز شناختی کلی و واقعی از آن‌ها به دست نیامده است. زیست‌شناسان نوین دانش بنیادی را با آنالیزهای رایانه‌ای و فیزیکی درهم می‌آمیزند و سعی می‌کنند رویدادهای پیچیده‌ای مانند چگونگی رشد و نمو جنین یا چگونگی تمایز سلول‌های دستگاه ایمنی را در نمایی کلی بررسی کنند. یکی از پیچیده‌ترین، جالب‌ترین و کم‌شناخته‌شده‌ترین شبکه‌ها، شبکه‌های نورونی‌اند که برای یادگیری، حافظه، حرکت و شناخت با هم همکاری می‌کنند.

○ **مطالعه سیستم‌های پیچیده به‌طور مستقیم در انسان:** همان‌طور که قبلاً

نانوفناوری: شبکه‌ی مصنوعی

ماهیت درهم‌آمیخته علوم فیزیکی و زیستی در پیشرفت‌های تولید شبکه‌ی مصنوعی به خوبی نشان داده می‌شود. شبکه‌ی مصنوعی دستگاهی است محصول چند آزمایشگاه مختلف. این دستگاه در بیمارانی که دچار تحلیل لکه‌ای شبکه‌ی هستند، به خوبی کار می‌کند. تحلیل لکه‌ای شبکه‌ی مسبب نابینایی در کهنسالان است. می‌دانیم که نورون‌های مسئول درک نور بر سطح شبکه‌ی جای دارند به طوری که می‌توان آن‌ها را به الکترودها متصل کرد. ریز تراشه‌هایی شامل مجموعه میله‌های منظم از سلول‌های میکروسکوپی خورشیدی که می‌توانند نور را به ضربه‌های الکتریکی تبدیل کنند، در چشم این نوع بیماران جای داده شدند. بیمارانی که نابینا بودند، توانستند با ۶۰ ردیف الکترودها اشیا را ببینند و خطوط درشت روزنامه‌ها را بخوانند. (<http://www.artificialretina.energy.gov>)

گفتیم، کار کردن روی جانداران مدل بسیار پرثمر است؛ چون بسیاری از مسیرهای اساسی رشد و متابولیسم در مسیر تکامل حفظ شده‌اند و علم ژنومیک تفاوت‌ها و شباهت‌های بین جانداران را به گونه‌های مشروح آشکار می‌کند. بنابراین پیشرفت‌هایی که در فنون و روش‌های تصویربرداری و زیست‌شناسی رایانه‌ای به‌دست آمده‌اند، به ما کمک می‌کنند تا اطلاعاتی از جانداران مدل به‌دست آوریم و آن‌ها را به انسان تعمیم دهیم.

رویکرد دیگر بررسی محصولات نهایی فعالیت ژن‌هاست که شامل مجموعه پروتئین‌ها و متابولیت‌ها هستند. فناوری‌های شناسایی پروتئوم (مجموع پروتئین‌ها) و متابولوم (مجموع متابولیت‌های موجود در یک نمونه) که هنوز ناتوان‌تر و در عین حال گران‌تر از فناوری‌های توالی‌یابی‌اند، به‌گونه‌ای فزاینده برای تولید نمایه‌هایی از مایعات بدن مانند خون، عرق و ادرار به‌کار گرفته می‌شوند که شامل محصولات اصلی و جانبی فرایندهای متابولیک هستند و فعالیت ژنوم فرد را همراه با فعالیت میکروبیوم اختصاصی او مشخص می‌کنند. این نمایه‌ها را می‌توان مثلاً برای طراحی داروهای اختصاصی شخصی، یعنی داروهایی که در آن‌ها تفاوت‌های افراد در تجزیه و ترکیب مواد دارویی نیز در نظر گرفته شده است، به‌کار گرفت.

پی‌نوشت‌ها

1. موضوع اصلی این نوشته از این منبع اقتباس شده است: Committee on a New Biology for the 21st Century (2009); A New Biology for the 21st Century; ISBN: 0-309-14489-2, 112 pages, 6 x 9; The National Academies Press, Washington DC.
2. reductionism
3. معروفیت کارل وُز (Carl Woese) بیشتر به علت شناسایی آرکی‌ها و جدا کردن آن‌ها در دُمین جداگانه است
4. اندامک، سلول، بافت، اندام، جاندار، جمعیت، اجتماع، اکوسیستم و بیوسفر
5. emerge
6. پروژه موسوم به هزارژنوم پژوهشی بین‌المللی برای تهیه فهرست تنوع ژنی انسان است که در ژانویه ۲۰۰۸ آغاز شد. دانشمندان در نظر داشتند به مدت سه سال ژنوم حداقل یک‌هزار نفر انسان را از قومیت‌های مختلف به طور ناشناس بررسی کنند. در سال ۲۰۱۰ مرحله آزمایشی این پروژه به پایان رسید و نتایج آن در مجله نیچر منتشر شد. در اکتبر ۲۰۱۲ نیز نتایج تنوع توالی ۱۰۹۲ ژنوم در همین مجله به چاپ رسید.
7. Functional Magnetic Resonance Imaging (fMRI)
8. confocal microscopy
9. Cryogenic Electron Tomography (Cryo-ET)
10. Fluorescent Semiconductor Nanocrystals (quantum dots/ qdots)
11. multispectral imaging
12. High-Throughput
13. mass spectrometry
14. Systems Biology
15. genome assembly
16. Hidden Markov models
17. Bayesian networks
18. The International Genetically Engineered Machine
19. Kaposi's sarcoma

منابع

1. بخشی پور، ه. (مترجم)؛ کاربرد ریزجلبک‌ها در تولید سوخت‌های زیستی، رشد آموزش زیست‌شناسی، شماره ۸۹، زمستان ۱۳۹۱، صص ۴۳-۴۷.
2. روزبه، م.؛ در خط مقدم جبهه زیست‌شناسی؛ رشد آموزش زیست‌شناسی، شماره ۵۸، بهار ۱۳۸۴.

3. کاس (ترجمه محمدرضا خوش‌بین خوش‌نظر)؛ می‌خواهم مولکول‌ها به سازم برقصند؛ رشد آموزش زیست‌شناسی شماره ۹۱، تابستان ۱۳۹۲، صص: ۱۵-۱۱.
4. کرام‌الدینی، م.؛ آرمانشهری که زیست‌شناسان خواهند ساخت؛ رشد آموزش زیست‌شناسی، شماره ۸۵، زمستان ۱۳۹۰، صص ۳-۲.
5. کرام‌الدینی، م. (مترجم)؛ پاسداری از حیات وحش؛ رشد آموزش زیست‌شناسی؛ شماره ۸۷، تابستان ۹۱، صص ۱۰-۱۳.
6. مایر، ارنست (ترجمه محمد کرام‌الدینی)؛ در جست‌وجوی جایگاه زیست‌شناسی؛ رشد آموزش زیست‌شناسی؛ شماره ۵۷، زمستان ۸۳، ص ۶.
7. Altshuler, D., Daly, M. J., & Lander, E. S. (2008). Genetic mapping in human disease. *Science*, 322 (5903), 881-888.
8. Backhed, F., Ley, R. E., Sonnenburg, J. L., Peterson, D. A., & Gordon, J. I. (2005). Host-bacterial mutualism in the human intestine. *Science*, 3 07(5717), 1915-1920.
9. Census Bureau, U.S. Department of Commerce (2008). International Data Base 2008 Update. Retrieved 8/21/2009, from <http://www.census.gov/ipc/www/idb/worldpopgraph.php>
10. change 2 001 : the scientific basis : contribution of Working Group I to the third assessment report
11. Chivian, E., & Bernstein, A. (2008). Sustaining life: how human health depends on biodiversity.
12. DOE Joint Genome Institute (2009). Who We Are. Retrieved 7/15/2009, from <http://www.jgi.doe>.
13. Fehr, W. R. (2007). Breeding for Modified Fatty Acid Composition in Soybean. *Crop Science*, 47 (Supplement 3), S-72-87.
14. Gao, X. H., Cui, Y. Y., Levenson, R. M., Chung, L. W. K., & Nie, S. M. (2004). In vivo cancer targeting and imaging with semiconductor quantum dots. *Nature Biotechnology*, 22 (8), 969-976.
15. gov/whoware/whoware.html.
16. Hagen, J. B. (1992). An entangled bank: The origins of ecosystem ecology. New Brunswick, NJ: Rutgers University Press.
17. Hejnal, A., Obst, M., Stamatakis, A., Ott, M., Rouse, G. W., Edgecombe, G. D., Martinez, P., Bagueña, J., Bailly, X., Jondelius, U., Wiens, M., Müller, W. E. G., Seaver, E., Wheeler, W. C., Martindale, M. Q., Giribet, G. & Dunn, C. W. (2009) Assessing the Root of Bilaterian Animals with Scalable Phylogenomic Methods. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2009 Sep 16 [Epub ahead of print].
18. Houghton, J. T., & Intergovernmental Panel on Climate Change. Working Group I. (2001). Climate
19. IEA (International Energy Agency) (2008). World Energy Outlook 2 008. Paris, France: Author. Institute of Medicine (U.S.). (2008). From molecules to minds: challenges for the 21 st century: workshop summary. Washington, DC: The National Academies Press.
20. Leis, A., Rockel, B., Andrees, L., & Baumeister, W. (2009). Visualizing cells at the nanoscale. *Trends in Biochemical Sciences*, 34 (2), 60-70.
21. Millennium Ecosystem Assessment (Program) (2005). Ecosystems and human well-being: Synthesis. Washington, DC: Island Press.
22. of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge, UK; New York: Cambridge
23. Oxford, UK; New York: Oxford University Press.
24. Pacific Northwest National Laboratory (2009). Bio-based Product Research. Retrieved 6/18/2009, from <http://www.pnl.gov/biobased/>.
25. University Press.
26. Woese, C. R., & Fox, G. E. (1977). Phylogenetic structure of prokaryotic domain – primary kingdoms. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 74 (11), 5088-5090.