

GENITH فصل نامه

پاییز ۱۴۰۴ / شماره اول



پشت پرده‌ی
تکنیک‌های آزمایشگاهی
توالی‌یابی نسل جدید (NGS)

کاوش در مرزهای
نوین زیست‌پژوهی
پیشرفت‌ها در پژوهش
ارگانوئیدهای مغزی انسان

گفت‌وگو با اساتید برجسته
تجربه، پژوهش و امید
دکتر مرتضی آبکار

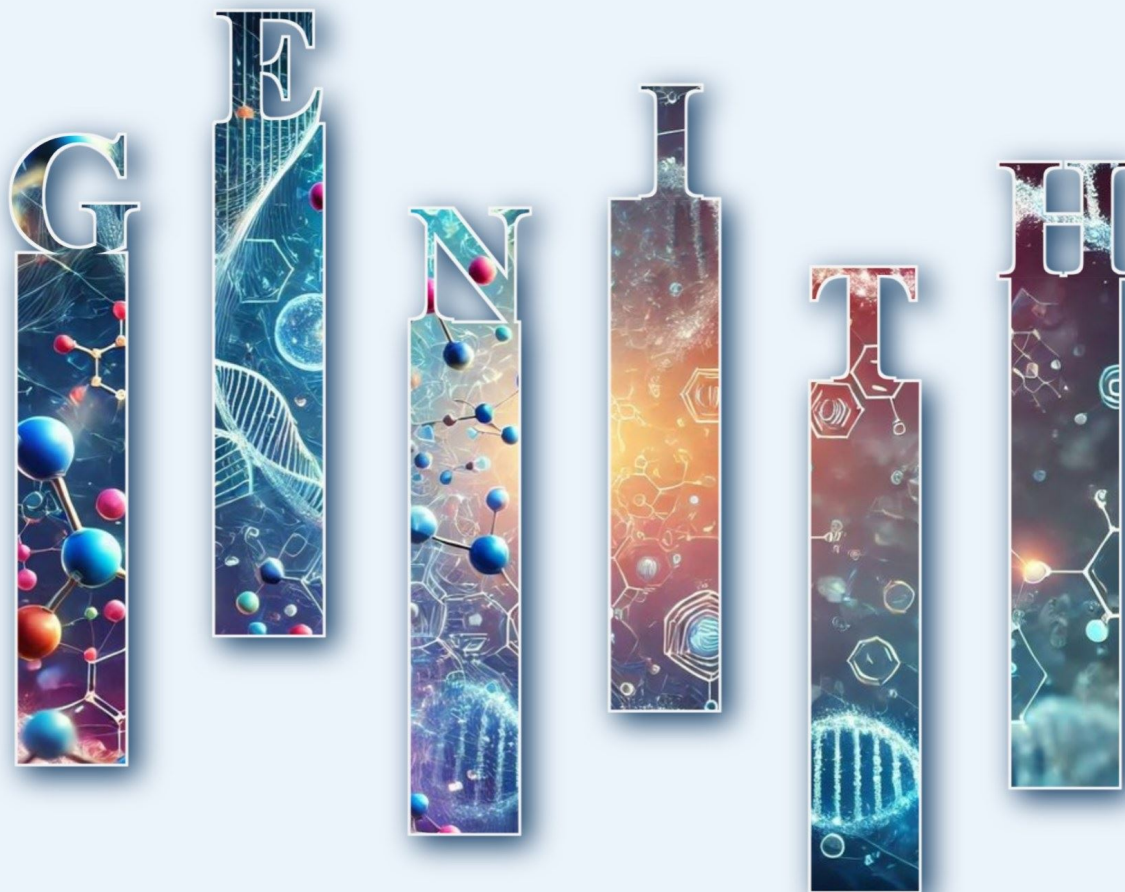


انجمن علمی و دانشجویی
زیست‌شناسی سلولی و مولکولی



GENITH

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



درخت تو کربار دانش بکیرد به زیر آوری چرخ نیلوفری را

سخن آغازین؛ گامی نو در عرصه نشریات علمی-دانشجویی

با سلام و احترام به اساتید گرانقدر و دانشجویان عزیز؛

خداوند را شاکرم که توفیق داد تا با تلاش جمعی از دانشجویان کوشای مقطع کارشناسی زیست‌شناسی سلولی و مولکولی دانشگاه خلیج فارس، نخستین شماره از نشریه علمی-تخصصی Genith پیش روی شما قرار گیرد.

در دنیای امروز که سرعت رشد علم زیست‌شناسی و فناوری‌های وابسته به آن شتابی روزافزون گرفته است، نیاز به بستری برای تبادل دانش، بررسی تازه‌های نشر و تمرین نگارش علمی در سطح دانشجویی، بیش از پیش احساس می‌شود. هدف از راه‌اندازی Genith، ایجاد پلی میان آموخته‌های دانشگاهی و دنیای واقعی پژوهش است. ما بر این باوریم که مقطع کارشناسی، نباید تنها به آموزش‌های نظری محدود شود، بلکه باید عرصه‌ای برای تمرین پژوهشگری و روزنامه‌نگاری علمی باشد.

نام Genith نمادی از آرمان ماست؛ ترکیبی که ریشه در بنیادهای ژنتیکی دارد و نگاهی کمال‌گرایانه را دنبال می‌کند. آنچه در این صفحات می‌خوانید، حاصل ماه‌ها تلاش، گردآوری، ترجمه و تألیف مقالاتی است که با وسواس علمی و شور دانشجویی تدوین شده‌اند.

انتشار شماره اول، بی‌تردید خالی از اشکال نیست، اما گواهی است بر توانمندی دانشجویان کارشناسی است که با خودباوری، فعل توانستن را صرف کرده‌اند. از تک‌تک اعضای تیم تحریریه که با تعهد خود این اثر را خلق کردند، صمیمانه سپاسگزارم.

امیدوارم Genith بتواند جایگاه خود را به عنوان مرجعی پویا در میان نشریات دانشجویی کشور پیدا کند.

با تقدیم احترام

دکتر امیرحسین احمدی استاد راهنما



فصل نامه علمی GENITH

استاد راهنما / مشاور علمی:

دکتر امیرحسین احمدی
دکتری ژنتیک مولکولی



مدیریت تحریریه:

صاحب امتیاز:
انجمن علمی و دانشجویی زیست شناسی
سلولی و مولکولی دانشگاه خلیج فارس



مدیر مسئول:
معصومه رضائی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



سر دبیران:
ریحانه بهروزی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



فیروزه حسنی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



فائزه غلامیان
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



شورای سیاست گذار:

ریحانه بهروزی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



فیروزه حسنی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



معصومه رضائی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



فائزه غلامیان
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



فنی و هنری:

مدیر هنری و صفحه آرایی:
فیروزه حسنی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



فائزه غلامیان
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



طراح جلد:
فیروزه حسنی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



طراح لوگو:
ریحانه بهروزی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



تولید محتوا:

استراتژیست محتوا:
ریحانه بهروزی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



طراح و ادیتور:
فیروزه حسنی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



ادمین و روابط عمومی:
فائزه غلامیان
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



فیلم برداری و تصویربرداری:
زهرا ممبئی
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



فروغ حسین پور فرد
دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی



فصل نامه علمی GENITH

نویسندگان: (به ترتیب حروف الفبا)

حنانه ادیسی



دانشجوی کارشناسی ارشد کار آفرینی

زینب اسماعیلی نیا



کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

مرضیه انصاری



دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

ریحانه بهروزی



دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

فیروزه حسنی



دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

امیرحسین خباز



دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

کوثر خیاط



دانشجوی کارشناسی ارشد ریز زیست فناوری

سحرناز سپهری فرد



دانشجوی داروسازی دانشگاه Pecs

فاطمه سینا



دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

فاطمه عباسیان



دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

فائزه غلامیان



دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

اسما کشاورزی



دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

زهرا موحد



دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

زهرا ناجی



دانشجوی کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی

مهمانان ویژه:

دکتر مرتضی آبکار



دکتری ژنتیک مولکولی

خدیجه صادق



کارشناسی ارشد زیست شناسی سلولی و مولکولی

ویراستاران علمی و ادبی: (به ترتیب حروف الفبا)

فاطمه ایرانمنش



دانشجوی کارشناسی ارشد زیست شناسی سلولی و مولکولی

زهرا رنجبر



دانشجوی کارشناسی ارشد زیست شناسی سلولی و مولکولی

غزال سالاری



کارشناسی ارشد زیست فناوری دریا

حدیثه فارسی



دانشجوی کارشناسی ارشد زیست شناسی دریا

مشتا قانه منتظر شنیدن [genith.2025](https://www.instagram.com/genith.2025)

پیشنهادات و انتقادات [GENITH_2025](https://www.facebook.com/GENITH_2025)

شما همراهان گرامی 09211871138

هستیم! genith.2025@gmail.com



فصل نامه علمی GENITH

فهرست:

فصل اول ۸

- ۹ سندروم پروگریا
- ۱۳ توالی‌یابی نسل جدید (NGS)
- ۱۷ کریسپر
- ۲۱ تغییرات اپی‌ژنتیک قابل بازگشت و نقش آن در درمان بیماری‌ها
- ۲۵ پیشرفت‌ها در پژوهش ارگانوئیدهای مغزی انسان
- ۲۸ باربارا مک‌کلینتاک

۱ فرازیست



فصل دوم ۳۱

- ۳۲ تجربه، پژوهش و امید
- ۳۷ مصاحبه با دانشجوی موفق
- ۳۹ شرکت زیست‌بانان توران سیراف

۲ مصاحبه‌ها و روایت‌های الهام‌بخش



فصل سوم ۴۳

- ۴۴ لحظات آزمایشگاهی!
- ۴۶ آزمایشگاه از نزدیک

۳ تجربه‌های دانشجویی





فصل نامه علمی GENITH

فصل چهارم ۴۸

معرفی و آموزش نرم افزار BLAST ۴۹

آکادمی قاصدک ۵۵

معرفی نرم افزارهای
بیوانفورماتیک

۴



فصل پنجم ۵۶

میکرو جلبک ها ۵۷

کسب و کارهای
زیستی و کارآفرینی

۵



فصل ششم ۶۱

ژنتیک بهداشت یا علوم؟! ۶۲

معرفی و بررسی
گرایش های ارشد

۶





فصل هفتم ۶۵

گزارش ویژه از دومین کنگره بین‌المللی کنسرژنومیکس ۶۶

تازه‌ترین اخبار و
رویدادهای زیستی

۷



فصل هشتم ۶۷

خنده مرگبار ۶۸

زیست جدول ۶۹

LAB GAME ۷۰

COMICS ۷۲

بخش‌های جذاب

۸



فرا زیست



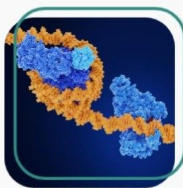
۱. راز یک بیماری شگفت آور

سندروم پروگريا
پیری زودرس در بدن کودک



۴. علم دقیقه نودی!

تغییرات اپی ژنتیک قابل بازگشت
و نقش آن در درمان بیماری‌ها
امید تازه درمان بیماری‌ها!



۲. پشت پرده‌ی تکنیک‌های آزمایشگاهی

توالی‌یابی نسل جدید (NGS)
چگونه ژنوم را در چند ساعت می‌خوانیم؟



۵. کاوش در مرزهای نوین زیست‌پژوهی

پیشرفت‌ها در پژوهش ارگانوئیدهای مغزی انسان
مغز در مقیاس چند میلی‌متری...



۳. ابزار جادویی زیست فناوری

کریسپر
قیچی‌ای که سرنوشت ژن‌ها را تغییر می‌دهد!



۶. چهره‌های پیش‌گام علم

باربارا مک‌کلینتاک
زنی که ژن‌های پرنش‌کننده را کشف کرد...



سندروم پروگریا

Progeria Syndrome

سندروم پروگریا یا به طور رسمی سندروم هاتچینسون-گیلفورد (HGPS) یک بیماری نادر ژنتیکی است که باعث پیری زودرس و شدید در کودکان می‌شود. این اختلال در حدود یک کودک از هر ۲۰۰۰۰۰ تولد را تحت تأثیر قرار می‌دهد و معمولاً در خانواده‌هایی بدون سابقه ژنتیکی ظاهر می‌شود.

کودکان مبتلا به این بیماری علائم پیری مانند آرتروز، بیماری‌های قلبی، نازکی پوست و رشد کند در سنین بسیار پایین را تجربه می‌کنند.

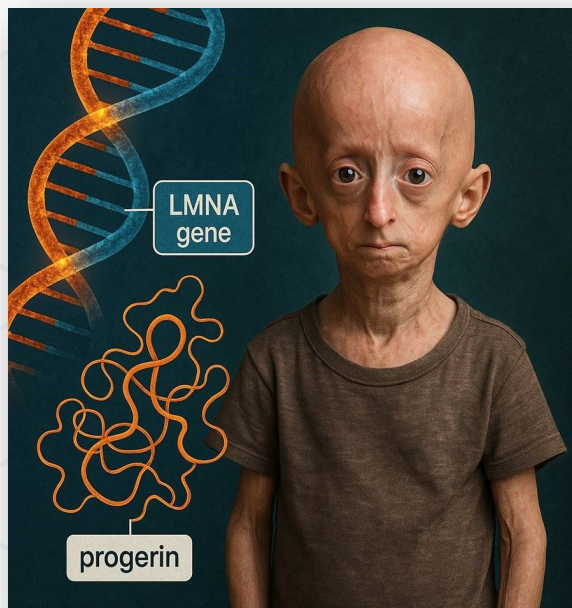
مطالعه این سندروم نه تنها از منظر پزشکی اهمیت دارد بلکه فرصتی منحصر به فرد برای درک بهتر مسیرهای مولکولی و ژنتیکی مرتبط با پیری در اختیار پژوهشگران قرار می‌دهد.

نویسنده



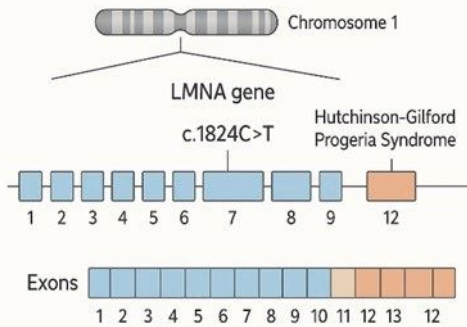
زهرا ناجی
کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی
zahranaji2004@gmail.com

منابع



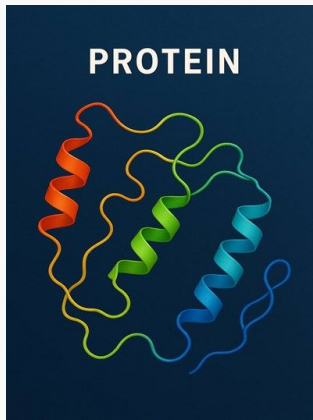
علل ژنتیکی سندروم پروگریا:

۱. جهش در ژن LMNA



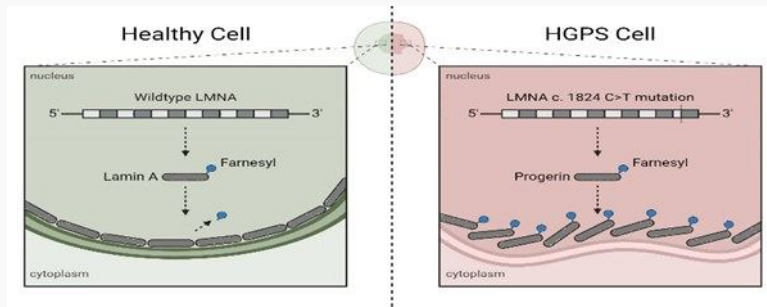
این بیماری معمولاً ناشی از یک جهش نقطه‌ای *de novo* در ژن LMNA است که منجر به تولید نسخه‌ای ناقص از پروتئین لامین^۱ A می‌شود که نقش کلیدی در پایداری و ساختار هسته سلول دارد و اختلال در عملکرد آن منجر به آسیب‌های ساختاری و عملکردی سلول می‌شود.

۲. الگوی وراثت



در اغلب موارد این بیماری غیر وراثتی است و از جهش‌های جدید در زمان تشکیل جنین ناشی می‌شود. اگرچه این اختلال اتوزومی غالب محسوب می‌شود اما معمولاً فرد مبتلا اولین مورد در خانواده است.

۳. تأثیرات سلولی



سلول‌های بیماران پروگریایی دچار نقص در تقسیم سلولی، افزایش آسیب‌های DNA و ناپایداری هسته‌ای هستند. این فرآیندها به پیری زودرس سلول‌ها، التهاب مزمن و مرگ سلولی منجر می‌شوند.

۴. عوامل محیطی (در حال بررسی)

برخی پژوهش‌ها نشان داده‌اند که عوامل محیطی ممکن است شدت علائم را تحت تأثیر قرار دهند، اما تاکنون شواهد قطعی برای این فرضیه وجود ندارد.

عوارض بالینی رایج

02 اسکلتی و حرکتی : ناهنجاری در ستون فقرات و مفاصل، ضعف عضلانی ، محدودیت حرکتی

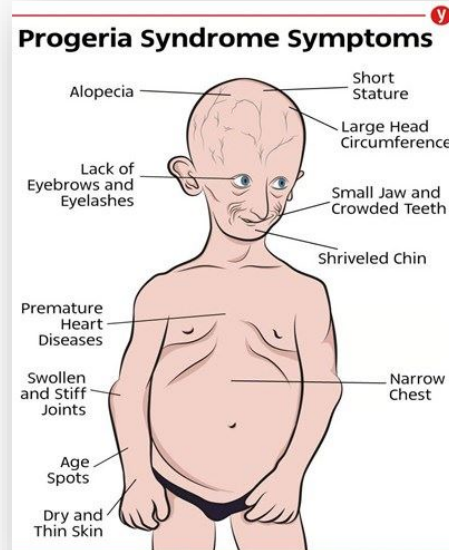
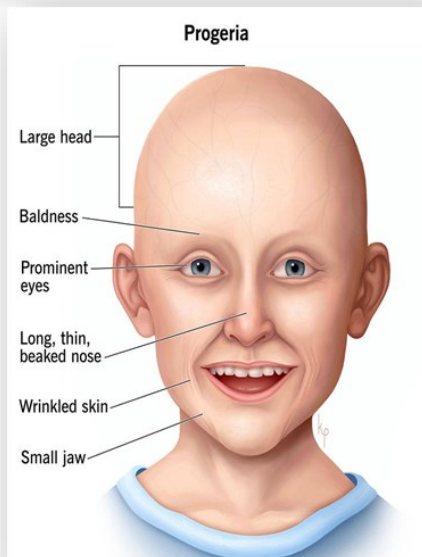
01 قلبی و عروقی : تصلب شرایین زودرس (آترواسکلروز²) ، فشار خون بالا ، نارسایی زودرس قلبی

04 رشد جسمی : کوتاهی قد و وزن نسبت به همسالان

03 پوستی و مویی : پوست نازک و چروکیده ، ریزش مو و طاسی زودرس

06 کاهش طول عمر : متوسط طول عمر این کودکان حدود ۱۳ سال است و اغلب در اثر عوارض قلبی در اوایل نوجوانی جان خود را از دست میدهند.

05 سیستم ایمنی : افزایش خطر ابتلا به عفونت ها



تأثیرات روانی و اجتماعی

02 جنبه های اجتماعی : طرد اجتماعی ، تبعیض و تمسخر ، انزوا و تنهایی ، نیاز به حمایت های مستمر روانی ، اجتماعی و آموزشی ، افق های درمانی

01 جنبه های روانی : افسردگی و اضطراب ، کاهش اعتماد به نفس ، احساس تفاوت شدید با دیگران

²Atherosclerosis

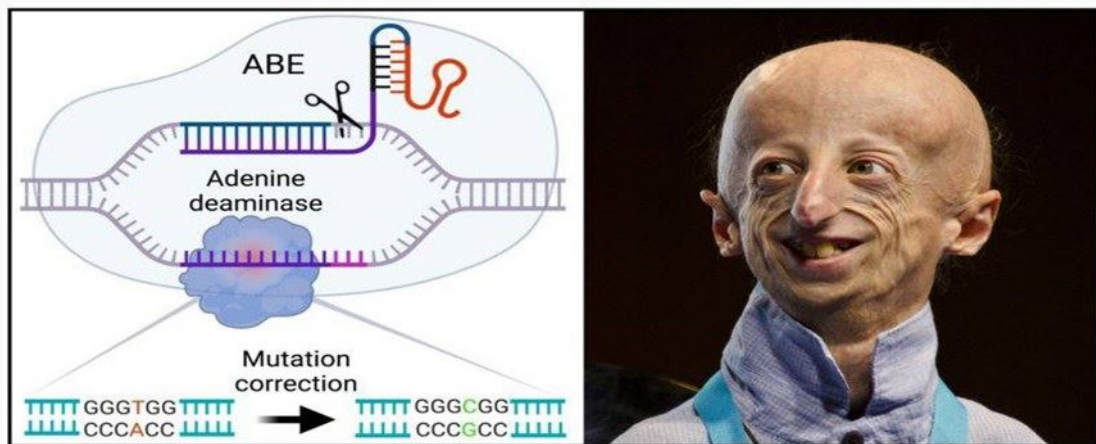
درمان قطعی برای HGPS هنوز در دسترس نیست، اما پیشرفت‌های قابل توجهی در مسیر درمان صورت گرفته است. مهمترین داروی تأیید شده تا امروز، لونافارنوب (Lonafarnib) است که با مهار آنزیم Farnesyltransferase، تولید پروتئین ناقص پروگرین را کاهش می‌دهد و پیشرفت بیماری را کند می‌کند.

سایر مسیرهای درمانی در حال بررسی شامل: ویرایش ژن (CRISPR-Cas9)، درمان‌های مبتنی بر RNA، ترکیب لونافارنوب با سایر داروها (مانند پرواستاتین و زولدرونات)، بررسی نشانگرهای ایمنولوژیک در پلاسما برای رصد پاسخ به درمان

الهام، تلاش و آینده درمان: داستان سم برنز

یکی از شناخته شده‌ترین چهره‌های مبتلا به پروگرینا، سم برنز^۳ (۱۹۹۶-۲۰۱۴)، نوجوانی آمریکایی بود که با وجود محدودیت‌های جسمی، زندگی فعالی داشت. او تحصیل کرد، موسیقی نواخت، در کنفرانس TEDx سخنرانی کرد و پیام امید و انگیزه را به جهانیان رساند. سندروم پروگرینا نه تنها یک اختلال ژنتیکی نادر با تأثیرات شدید بالینی است، بلکه پنجره‌ای منحصر به فرد به درک روندهای پیری سلولی محسوب می‌شود.

با پیشرفت‌های علمی، فعالیت‌های بنیادهایی چون PRF و افزایش آگاهی عمومی، امید به بهبود کیفیت زندگی بیماران و حتی یافتن درمان قطعی در آینده‌ای نه چندان دور، افزایش یافته است.



معرفی فیلم :

مستند (زندگی از نگاه سم) (Life According to Sam)

این مستند محصول سال ۲۰۱۳، داستان واقعی زندگی سم، تلاش‌های خانواده اش و فعالیت‌های پژوهشی مادرش، دکتر لزلی گوردون را روایت می‌کند. این فیلم تحسین‌های زیادی دریافت کرده و چندین جایزه بین‌المللی برده است.

توالی‌یابی نسل جدید (NGS)

تحولی عمیق در ژنومیک و پزشکی نوین

گذار از سنگر تا نسل جدید

فناوری توالی‌یابی نسل جدید^۱ (NGS) یکی از مهم‌ترین پیشرفت‌های زیست‌فناوری در دهه‌های اخیر است و تأثیر آن در تحقیقات ژنتیک، پزشکی فردمحور و تشخیص بیماری‌ها انکارناپذیر است. پیش از شکل‌گیری این فناوری، توالی‌یابی DNA عمدتاً بر پایه روش سنگر (Sanger sequencing) انجام می‌شد؛ روشی دقیق، اما کند، پرهزینه و ناکارآمد برای پروژه‌های بزرگ. محدودیت‌های سرعت، هزینه و مقیاس‌پذیری سنگر، دانشمندان را به سمت توسعه فناوری‌هایی سوق داد که بتوانند حجم عظیمی از DNA را در زمان کمتر و با هزینه مناسب‌تر بررسی کنند. این نیاز، به تولد NGS انجامید؛ فناوری‌ای که انقلابی واقعی در ژنومیک به وجود آورد و امکان توالی‌یابی هم‌زمان میلیون‌ها قطعه DNA را فراهم کرد.

مزایا و ظرفیت‌های بی‌سابقه‌ی NGS

NGS با امکان توالی‌یابی هم‌زمان میلیون‌ها قطعه DNA سرعت را چندین برابر و هزینه را به‌طور چشم‌گیری کاهش داده است؛ به‌طوری‌که فاصله هزینه چند صد میلیون دلاری توالی‌یابی ژنوم در دهه‌ی ۱۹۹۰ با هزینه چند صد دلاری امروز، نشان‌دهنده‌ی انقلابی عمیق در این حوزه است.

این فناوری با دقت بالا امکان شناسایی تغییرات ژنتیکی نادر، جهش‌های سوماتیک^۲، تنوع‌های ژنومی جمعیت‌ها و حتی هتروژن‌یته تومورها را فراهم می‌سازد. قابلیت‌های NGS باعث شد که ژنومیک وارد دوران تازه‌ای شود که در آن مطالعه بیماری‌ها به‌صورت کاملاً دقیق و مبتنی بر داده‌های جامع صورت می‌گیرد. انعطاف‌پذیری این تکنولوژی نیز باعث شد که در حوزه‌های مختلف از ژنوم کامل تا توالی‌یابی هدفمند، از RNA seq تا متاژنومیکس^۳ کاربردهای گسترده‌ای داشته باشد و بسیاری از چالش‌های علمی گذشته را برطرف سازد.

نویسنده



ریحانه بهروزی
کارشناسی زیست‌شناسی سلولی و مولکولی
reyhanehBehrozi6@gmail.com

منابع



^۱Next generation sequencing technology
^۲Somatic mutations

نمونه‌هایی واقعی از کاربرد NGS در پزشکی و زیست فناوری

برای درک بهتر قابلیت‌های NGS، چند مثال شناخته شده عبارت‌اند از:

تشخیص سرطان سینه: (BRCA1/BRCA2) امروزه با NGS می‌توان جهش‌های موروثی مرتبط با سرطان سینه و تخمدان را با سرعت بالا شناسایی کرد و درمان و پیشگیری فردمحور ارائه داد.

COVID-19 و RNA-Seq: در دوران همه‌گیری، NGS و RNA-seq برای تعیین واریانت‌های SARS-CoV-2 و تحلیل پاسخ‌های ایمنی بیماران استفاده شد.

تشخیص عفونت‌های بیمارستانی با متاژنومیکس: در بیمارانی که عامل عفونت با روش‌های معمول قابل شناسایی نیست، توالی‌یابی متاژنومیک می‌تواند عامل پنهان و حتی غیرقابل کشت را مشخص کند.

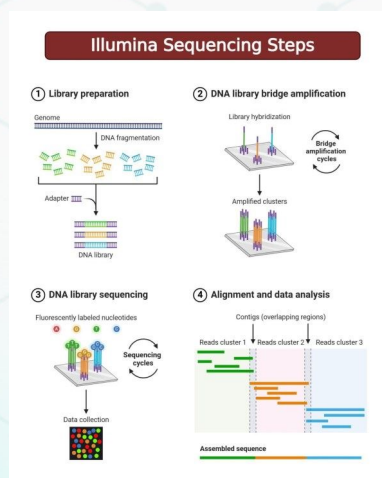
اگزوسکانسینگ^۴ در بیماری‌های ارثی نادر: WES^۵ بارها توانسته تشخیص قطعی برای بیمارانی فراهم کند که سال‌ها با بیماری نامشخص زندگی می‌کردند.

این مثال‌ها نشان می‌دهد NGS فقط یک ابزار آزمایشگاهی نیست، بلکه اساس پزشکی نوین است.

مروری بسیار کوتاه بر فناوری‌های اصلی NGS

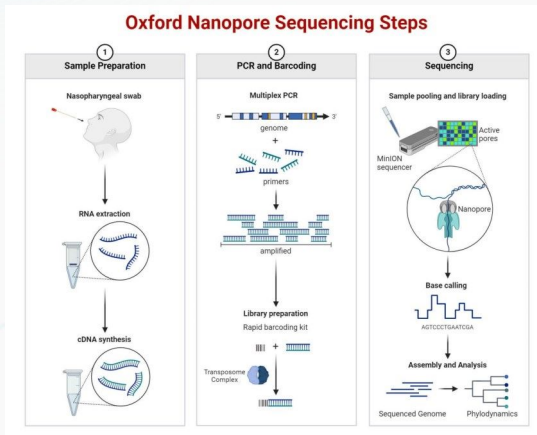
برای شناخت بهتر این فناوری، آشنایی مختصر با پلتفرم‌های رایج ضروری است:

ILLUMINA SEQUENCING: رایج‌ترین فناوری NGS با دقت بسیار بالا و هزینه مناسب؛ مناسب برای RNA-seq، WES و WGS.



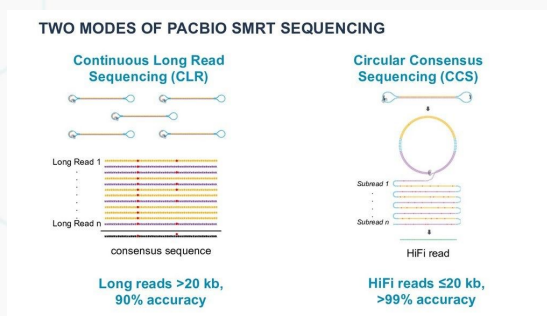
(این شکل، چهار مرحله اصلی در فرایند توالی‌یابی نسل جدید (NGS) با فناوری Illumina را نشان می‌دهد. در مرحله اول، DNA ژنومی قطعه‌قطعه شده و با آداپتورها ترکیب می‌شود تا کتابخانه توالی‌یابی تشکیل شود. سپس کتابخانه روی سطح Flow Cell قرار گرفته و با مکانیسم Bridge Amplification میلیون‌ها خوشه از قطعات DNA مشابه ایجاد می‌شود. در مرحله سوم، با استفاده از نوکلئوتیدهای فلورسنت، فرایند Sequencing by Synthesis انجام شده و سیگنال‌های نوری جمع‌آوری می‌شوند. در نهایت داده‌های خام به کمک ابزارهای بیوانفورماتیکی پردازش شده، قرائت‌ها با توالی مرجع هم‌تراز می‌شوند و توالی نهایی بازسازی می‌گردد. این روش به دلیل دقت بالا و هزینه مناسب، از پرکاربردترین فناوری‌های NGS در تحقیقات و پزشکی است.)

Oxford Nanopore: قابلیت توالی‌خوانی در لحظه (real-time) و خوانش‌های بسیار بلند (long reads)؛ مناسب برای مطالعات ساختار ژنوم.



(مراحل اصلی توالی‌یابی Oxford Nanopore پس از استخراج RNA و سنتز cDNA، مراحل PCR چندگانه و بارگذاری برای آماده‌سازی کتابخانه انجام می‌شود. سپس مولکول‌ها روی دستگاه MinION بارگذاری شده و هنگام عبور از نانوپور، تغییرات جریان الکتریکی ثبت شده و برای تعیین توالی (Base calling) استفاده می‌شود. در نهایت داده‌ها مونتاژ و تحلیل شده و توالی ژنوم بازسازی می‌گردد.)

PacBio (SMRT): توالی‌خوانی بلند و دقیق، کاربردی در تحلیل مناطق پیچیده ژنومی.



(شمایی از دو حالت اصلی توالی‌یابی PacBio SMRT. در روش Continuous Long Read (CLR) مولکول DNA به صورت پیوسته خوانده می‌شود و خوانش‌های بسیار بلند (>20 kb) اما با دقت کمتر ایجاد می‌کند. در مقابل، در روش Circular Consensus Sequencing (CCS) مولکول به صورت دایره‌ای چندین بار خوانده شده و با ادغام این خوانش‌ها، خوانش‌های HiFi با دقت بسیار بالا (>99%) تولید می‌شود.)

این سه فناوری ستون اصلی بیشتر پروژه‌های توالی‌یابی امروز هستند.

الزامات اخلاقی، حقوقی و امنیت داده‌ها

یکی از جدی‌ترین مباحث مرتبط با NGS، مسائل اخلاقی و حریم خصوصی داده‌های ژنتیکی است. داده ژنتیکی برخلاف بسیاری از داده‌های پزشکی، دائمی، منحصر به فرد و حساس است. به همین دلیل، در مطالعات مبتنی بر NGS، فرآیند «رضایت آگاهانه» باید بسیار شفاف و جامع باشد. بیمار یا داوطلب باید بداند داده‌ها کجا ذخیره می‌شوند، چه کسانی به آن دسترسی دارند و آیا ممکن است برای پژوهش‌های بعدی استفاده شوند یا خیر.

مسئله مالکیت داده‌های ژنتیکی هم موضوع مهمی است: آیا داده متعلق به بیمار است؟ به بیمارستان؟ یا به شرکت‌های ارائه‌دهنده خدمات؟ این مسئله هنوز در بسیاری از کشورها چالش برانگیز است.

همچنین خطر نشت داده‌ها یا سوءاستفاده از اطلاعات ژنتیکی می‌تواند پیامدهایی جدی داشته باشد؛ از جمله بر بیمه، اشتغال یا حتی ارتباطات خانوادگی. استانداردهای پروتکل‌های امنیتی، استفاده از دیتابیس‌های رمزگذاری شده و محدودیت دسترسی، از جمله راهکارهای مقابله با این چالش‌ها هستند.

در کنار این‌ها، موضوع «یافته‌های تصادفی» نیز وجود دارد: اگر در حین توالی‌یابی یک بیماری ژنتیکی خطرناک کشف شود، آیا باید به فرد اطلاع داده شود؟ چگونه؟ این‌ها پرسش‌هایی هستند که هنوز به بحث و قانون‌گذاری نیاز دارند.

جمع‌بندی: آینده‌ای که NGS می‌سازد

NGS نه تنها محدودیت‌های قدیمی توالی‌یابی را از میان برداشت، بلکه افق‌های تازه‌ای در پزشکی فردمحور، درمان‌های هدفمند، تشخیص سریع بیماری‌ها و پژوهش‌های ژنومی گشود. این فناوری اکنون به یکی از ارکان اصلی زیست‌فناوری مدرن تبدیل شده و با سرعت در حال پیشرفت است.

با این حال، برای بهره‌مندی کامل از آن، لازم است چالش‌های اخلاقی، حقوقی و فنی نیز جدی گرفته شوند. آینده‌ای که NGS می‌سازد، آینده‌ای است که در آن پزشکی دقیق‌تر، علمی‌تر و شخصی‌تر خواهد بود؛ اما همزمان نیازمند مراقبت و مسئولیت‌پذیری بیشتر نسبت به داده‌های ژنتیکی انسان‌هاست.

کاربردهای گسترده در پزشکی و علوم زیستی

تأثیر NGS فقط در پژوهش‌های ژنتیکی نیست؛ بلکه به‌طور مستقیم وارد تشخیص پزشکی و درمان شده است. انکولوژی: توالی‌یابی تومورها و شناسایی جهش‌های درایور، به انتخاب درمان هدفمند کمک می‌کند و اساس پزشکی دقیق (Precision Medicine) را شکل می‌دهد.

در بیماری‌های ارثی: NGS شانس تشخیص جهش‌های پنهان را افزایش داده و بسیاری از بیماری‌هایی که پیش‌تر ناشناخته می‌ماندند اکنون قابل تشخیص هستند.

میکروبیولوژی و عفونت‌ها: توالی‌یابی متازنومیک قادر است حضور میکروب‌های نادر یا غیرقابل کشت را مشخص کند. این ویژگی به‌ویژه در بیماری‌های پیچیده، عفونت‌های بیمارستانی یا اپیدمی‌ها اهمیت دارد.

علوم پایه: مطالعه بیان ژن‌ها با RNA-Seq، بررسی تنظیم ژنی، اپی‌ژنتیک، تعاملات پروتئینی و حتی بررسی اکوسیستم‌های میکروبی، همگی به لطف NGS با دقت بیشتر و هزینه کمتر ممکن شده‌اند.

این فناوری اکنون ابزار استاندارد پژوهش‌های زیست‌مولکولی است.

چالش‌های فنی در مسیر استفاده از NGS

با وجود تمام قدرت و کارایی، NGS بدون چالش نیست. خطاهای مربوط به کیفیت نمونه، آلودگی، خطاهای PCR و پیچیدگی تحلیل داده همچنان موانعی هستند که نیازمند استانداردهای و مهارت بالا هستند.

نرم‌افزارها و پایپ‌لاین‌های بیوانفورماتیکی باید با دقت انتخاب شوند و وابستگی شدید به سخت‌افزارهای محاسباتی نیز یکی از چالش‌های مهم به شمار می‌رود. همچنین تفسیر داده‌ها به دانش عمیق زیست‌شناسی، ژنتیک و آمار نیاز دارد. با این حال، پیشرفت فناوری‌های محاسباتی و یادگیری ماشین به تدریج این مسیر را هموارتر می‌کند و آینده روشن‌تری را نوید می‌دهد.

کریسپر

از دفاع باکتری تا کلیدی برای ویرایش ژن‌ها و آینده بشر

گاهی یک کشف کوچک در زندگی باکتری‌ها، انقلابی در پزشکی انسان به راه می‌اندازد. سیستم کریسپر (CRISPR) در طبیعت در واقع نوعی سیستم ایمنی در باکتری‌ها است که دانشمندان با ایجاد تغییراتی در آن، توانسته‌اند از آن در مهندسی ژنتیک استفاده کنند.

اما اصلاً چرا یک باکتری باید سیستم ایمنی داشته باشد؟

چه موجوداتی می‌توانند به باکتری‌ها آسیب بزنند؟

پاسخ ساده است: ویروس‌ها، به‌ویژه فاژها: (Bacteriophages)

فاژها به سطح باکتری متصل می‌شوند و ژنوم خود را وارد سلول باکتری می‌کنند. این ژنوم می‌تواند با ژنوم باکتری ادغام شود و با شروع بیان ژن‌های ویروسی، سلول باکتری را وادار به تولید تعداد زیادی فاژ جدید کند؛ تا جایی که در نهایت باکتری از بین می‌رود. به همین دلیل، باکتری‌ها در طی میلیون‌ها سال تکامل، سیستم ایمنی مخصوص به خود را توسعه داده‌اند تا بتوانند در برابر حمله‌ی ویروس‌ها مقاومت کنند.

و این همان جایی است که داستان کریسپر آغاز می‌شود...

داستان از یک باکتری شروع شد...

واژه‌ی CRISPR مخفف عبارت Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats

است که به معنای «تکرارهای کوتاه پالیندرومی منظم و خوشه‌ای» است. در سال ۱۹۸۷، برای نخستین بار در ژاپن، پژوهشگران لوکوس کریسپر را در ژنوم یک باکتری شناسایی کردند. این لوکوس در واقع شامل مجموعه‌ای از توالی‌های تکراری خاص در DNA باکتری بود. در ابتدا، کاربرد این ناحیه ناشناخته بود، اما با بررسی‌های بیشتر مشخص شد که این توالی‌ها شامل یکسری تکرارهای کوتاه پالیندرومی (Short Palindromic Repeats) هستند. قرار گرفتن این پالیندروم‌های کوچک به صورت منظم و پشت سر هم ساختاری خوشه‌ای (Clustered) ایجاد می‌کند. بین هر دو تکرار، فضاهایی وجود دارد که به آن‌ها Spacer گفته می‌شود.

مطالعات بعدی نشان داد که این Spacerها در واقع توالی‌هایی از ویروس‌هایی هستند که در طول زمان و در جریان تکامل، وارد ژنوم باکتری شده‌اند؛ به نوعی، بخشی از «تاریخچه‌ی ویروسی» باکتری را تشکیل می‌دهند.

در گذشته، پژوهشگران از این ناحیه فقط برای بررسی این موضوع استفاده می‌کردند که باکتری در برابر چه ویروس‌هایی مقاومت نشان داده است؛ اما بعدها، به دلیل پلی‌مورفیسم بالا (تفاوت زیاد توالی‌ها در بین گونه‌ها و سویه‌های مختلف)، از لوکوس کریسپر به عنوان نشانگر ژنتیکی برای تشخیص و افتراق سویه‌های مختلف باکتری‌ها بهره گرفته شد. به بیان ساده‌تر، با مقایسه‌ی تفاوت در الگوی کریسپر، می‌توان تشخیص داد که دو باکتری از یک سویه هستند یا خیر.

نویسنده



ریحانه بهروزی
کارشناسی زیست‌شناسی سلولی و مولکولی
reyhanehBehrozi6@gmail.com

منابع



عملکرد سیستم کریسپر و نقش پروتئین‌های Cas:

پروتئین‌های Cas (CRISPR-associated proteins) مجموعه‌ای از آنزیم‌ها هستند که در کنار لوکوس کریسپر، بخش اصلی سیستم ایمنی باکتری را تشکیل می‌دهند. این پروتئین‌ها انواع و کلاس‌های متفاوتی دارند و هر کدام نقش خاصی در تشخیص و تخریب ژنوم ویروس‌ها ایفا می‌کنند.

زمانی که یک فاژ به باکتری متصل می‌شود و ژنوم خود را وارد سلول باکتری می‌کند، پروتئین‌های Cas فعال می‌شوند. این پروتئین‌ها به باکتری کمک می‌کنند تا متوجه حضور DNA بیگانه شود و در پاسخ، لوکوس کریسپر فعال می‌گردد تا در برابر ژنوم ویروسی مقابله کند.

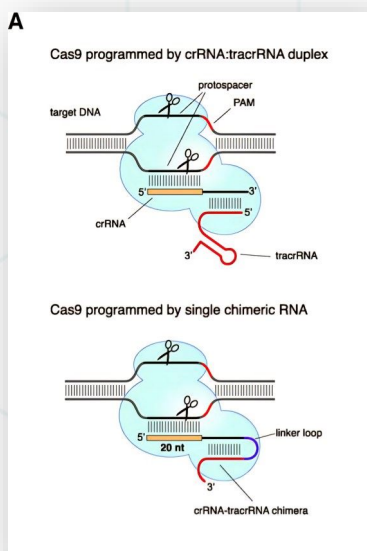
یکی از مهم‌ترین انواع این پروتئین‌ها، Cas9 است. Cas9 یک آنزیم دوکاره محسوب می‌شود:

هم خاصیت هلیکاز دارد (باز کردن دو رشته DNA)

و هم خاصیت اندونوکلاز (برش دادن رشته DNA در نقطه مشخص)

اما Cas9 به تنهایی نمی‌داند باید به کجای DNA متصل شود؛ به همین دلیل نیاز به RNA راهنما (gRNA یا guide RNA) دارد. gRNA نوعی RNA مصنوعی یا طبیعی است که توالی آن مکمل بخشی از DNA هدف است و مانند GPS به Cas9 کمک می‌کند تا محل دقیق برش را پیدا کند. به این ترتیب، کمپلکس Cas9-gRNA به DNA ویروسی متصل می‌شود. توالی gRNA با بخشی از ژنوم ویروس مکمل می‌گردد و در همان نقطه DNA ویروس را برش می‌دهد. در نتیجه، ژنوم ویروس تخریب می‌شود و باکتری از نابودی نجات می‌یابد؛ اما این فرآیند فقط زمانی اتفاق می‌افتد که بخشی از ژنوم ویروس در حافظه ژنتیکی باکتری (در ناحیه‌ی Spacer لوکوس کریسپر) وجود داشته باشد. حال اگر ویروسی جدید وارد باکتری شود و هیچ بخش مشابهی در کریسپر وجود نداشته باشد، باکتری از پروتئین‌های Cas کلاس I استفاده می‌کند.

این پروتئین‌ها ژنوم ویروس جدید را شناسایی کرده و بخشی از آن را به ژنوم خود باکتری اضافه می‌کنند تا در آینده بتواند آن ویروس را شناسایی و نابود کند. در مقابل، کلاس II مانند Cas9 برای شناسایی و تخریب سریع ویروس‌های آشنا استفاده می‌شود.



(شکل نشان‌دهنده دو حالت برنامه‌ریزی Cas9 است: بالا، Cas9 با crRNA و tracrRNA جداگانه، و پایین، Cas9 با یک RNA ترکیبی (crRNA-tracrRNA chimera). بخش crRNA توالی هدف را شناسایی می‌کند، tracrRNA ساختار لازم برای فعال شدن Cas9 را فراهم می‌کند، و PAM توالی کوتاهی در DNA است که Cas9 برای بریدن آن شناسایی می‌کند. RNA ترکیبی، کارایی مشابهی دارد و استفاده از یک مولکول RNA را ممکن می‌سازد.)

از آزمایشگاه تا درمان بیماری‌ها

وقتی پژوهشگران به قدرت و دقت سیستم CRISPR-Cas9 پی بردند، مسیر از یک پدیده‌ی باکتریایی تا ابزاری برای درمان بیماری‌های انسانی آغاز شد. درمان‌های مبتنی بر کریسپر عمدتاً روی سلول‌های بنیادی یا ژن‌های خاص معیوب انجام می‌شوند؛ یعنی همان بخش‌هایی از سلول که اگر اصلاح شوند، می‌توانند کل عملکرد بدن را بهبود دهند.

یکی از نخستین موفقیت‌های بزرگ در این زمینه، درمان کم‌خونی داسی‌شکل (Sickle Cell Anemia) بود. در این بیماری، جهشی در ژن بتا-گلوبین باعث تغییر شکل گلبول‌های قرمز و کاهش توان حمل اکسیژن می‌شود.

پژوهشگران با استفاده از CRISPR توانستند ژن معیوب را در سلول‌های بنیادی بیماران اصلاح کنند. پس از بازگرداندن این سلول‌ها به بدن، تولید گلبول‌های قرمز سالم از سر گرفته شد (Frangoul et al., 2021).

در بیماری‌های دیگری مانند تالاسمی بتا (β -Thalassemia) نیز از روش مشابهی استفاده شد و نتایج بالینی اولیه موفقیت‌آمیز بودند. هر دو بیمارانی که در کارآزمایی‌های اولیه شرکت داشتند، پس از درمان با CRISPR دیگر به تزریق خون مداوم نیاز نداشتند.

از سوی دیگر، در بیماری‌های عصبی-عضلانی مانند دیستروفی عضلانی دوشن (Duchenne Muscular Dystrophy)، پژوهشگران توانسته‌اند با ویرایش ژن DMD در مدل‌های حیوانی، عملکرد عضلات را تا حد قابل‌توجهی بازگردانند (Nelson et al., 2016). این یافته‌ها در حال نزدیک شدن به مراحل کارآزمایی انسانی هستند.

هرچند هنوز راه زیادی تا استفاده گسترده‌ی بالینی از کریسپر باقی مانده، اما همین نتایج اولیه نشان می‌دهند که آنچه روزی یک سیستم دفاعی ساده در باکتری بود، اکنون به امیدی واقعی برای درمان بیماری‌های ژنتیکی بدل شده است.

کریسپر در کشاورزی و زیست‌فناوری

قدرت واقعی فناوری CRISPR فقط به درمان بیماری‌های انسانی محدود نمی‌شود؛ بلکه در کشاورزی و زیست‌فناوری، انقلابی بی‌صدا اما عمیق رقم زده است.

دانشمندان از این ابزار برای ایجاد گیاهانی استفاده کرده‌اند که در برابر تنش‌های محیطی مانند خشکی، شوری یا آفات مقاوم‌ترند، و در عین حال، ارزش تغذیه‌ای بالاتری دارند.

برای نمونه، در برنج و گندم، با حذف یا خاموش کردن ژن‌هایی که حساسیت به شوری یا بیماری ایجاد می‌کردند، گیاهان جدیدی تولید شد که عملکرد بهتری در خاک‌های فقیر و شور نشان دادند (Zhang et al., 2019; Shelake et al., 2022) در سویا و ذرت نیز، با ویرایش ژن‌های تنظیم‌کننده‌ی مسیرهای متابولیکی (مثل GmFATB1 و GmFATD2)، ترکیب اسیدهای چرب در بذر بهبود یافته است، به طوری که نسبت اسیدهای چرب مفید افزایش یافته است. همچنین استفاده از کریسپر در ذرت نشان داده شده که این فناوری می‌تواند برای بهبود ترکیب روغن بذری کاربرد داشته باشد.

نکته‌ی کلیدی و تفاوت اساسی میان CRISPR و فناوری‌های قدیمی‌تر تاریخته^۱ (GMO) در نوع تغییرات ژنتیکی است:

در بسیاری از کاربردهای CRISPR، برخلاف روش‌های کلاسیک تراریخت‌سازی، نیازی به افزودن ژن خارجی نیست و تنها ژن‌های موجود در همان موجود زنده با دقت بالا ویرایش می‌شوند. به همین دلیل، محصولات حاصل از ویرایش ژنی با CRISPR در اغلب موارد طبیعی‌تر، ایمن‌تر و از نظر قوانین زیستی در بسیاری از کشورها ساده‌تر از GMOهای سنتی ارزیابی می‌شوند (Gao, The Plant Cell, 2021).

^۱ Genetically modified

چالش‌ها و دغدغه‌های اخلاقی

هرچند کریسپر درهای تازه‌ای به سوی درمان بیماری‌ها و بهبود زیست بشر گشوده، اما با خود پرسش‌ها و نگرانی‌های عمیقی نیز به همراه آورده است. یکی از چالش‌های مهم، مسئله‌ی خطاهای خارج از هدف (Off-target effects) است؛ یعنی زمانی که سیستم کریسپر به اشتباه، بخش‌هایی از DNA را که نباید، برش می‌دهد. این تغییرات ناخواسته می‌توانند باعث جهش‌های خطرناک یا حتی ایجاد بیماری‌های جدید شوند.

(Fu et al., Nature Biotechnology, 2013)

اما شاید مهم‌ترین و پرچالش‌ترین بعد، مربوط به ویرایش ژن در جنین انسان باشد. در سال ۲۰۱۸، زمانی که دانشمندی چینی خبر از تولد دو نوزاد با ژن ویرایش شده داد، جامعه‌ی علمی در شوک فرو رفت. (Cyranoski, Nature, 2018) این رویداد موجی از انتقادهای جهانی را به دنبال داشت، زیرا چنین مداخله‌ای می‌تواند تغییراتی ایجاد کند که به نسل‌های آینده نیز منتقل شوند — تغییری که بازگشت‌ناپذیر است.

سازمان‌های بین‌المللی مانند WHO و UNESCO اکنون استفاده از کریسپر برای ویرایش ژن‌های جنینی انسان را به صورت مشروط و با تأکید بر جنبه‌های ایمنی و اخلاقی محدود کردند و توصیه کردند پیش از توسعه بیش‌تر این فناوری پیامد‌های طولانی مدت آن به طور کامل بررسی شود.

از سوی دیگر، در سطح فلسفی، کریسپر ما را با پرسشی عمیق روبه‌رو می‌کند: اگر روزی بتوانیم ژن‌ها را برای زیبایی، هوش یا ویژگی‌های دلخواه تغییر دهیم، آیا هنوز همان انسان سابق خواهیم بود؟

کریسپر نه فقط ابزاری برای ویرایش ژن‌ها، بلکه آینه‌ای است در برابر وجدان علمی و اخلاقی ما — آینه‌ای که از ما می‌پرسد: آیا انسان واقعاً آماده‌ی بازنویسی خودش هست؟

کریسپر تازه در آغاز راه خود است. هرچند در مدت کوتاهی پس از کشف، تحولی بزرگ در زیست‌شناسی مولکولی و پزشکی ایجاد کرد، اما آینده‌ای بسیار فراتر در انتظار آن است.

در دهه‌ی پیش‌رو، انتظار می‌رود این فناوری به قلب پزشکی نوین وارد شود؛ جایی که هر بیمار درمانی منحصر به فرد بر اساس ژنوم شخصی خود دریافت می‌کند — چیزی که از آن با عنوان پزشکی فردمحور (Personalized Medicine) یاد می‌شود.

(Collins & Varmus, New England Journal of Medicine, 2015)

نسخه‌های پیشرفته‌تر این فناوری مانند CRISPR-Cas12 و Base Editing نیز توسعه یافته‌اند این سیستم‌ها با دقت بسیار بالاتر، بدون ایجاد شکست رشته‌ای در DNA، قادر به تغییر تک توکلوتیدی هستند — روشی که می‌تواند صدها بیماری ژنتیکی ناشی از جهش نقطه‌ای را اصلاح کند. (Komor et al., Nature, 2016; Chen et al., Science, 2018)

از سوی دیگر، در زمینه‌های پزشکی ترمیمی، ایمونوتراپی سرطان و ژن‌درمانی‌های عصبی نیز پروژه‌های متعددی در حال پیشرفت‌اند. در آینده‌ای نه‌چندان دور، شاید بتوان ژن‌های معیوب را پیش از تولد اصلاح کرد یا سیستم ایمنی بدن را برای مقابله با سرطان بازطراحی نمود.

ویژگی	کلاسیک gmo	Crisper cas9	Crisper cas12/base editing
نحوه‌ی اصلاح ژن	وارد کردن ژن خارجی	ویرایش ژن‌های خودی	تغییر تک نوکلئوتیدی بدون شکستن دو رشته‌ای
دقت	کم تا متوسط	بالا	بسیار بالا
ریسک off target	بالا	متوسط	پایین‌تر
مقررات	سخت گیرانه	با سخت‌گیری کم‌تر	هنوز در حال بررسی
کاربرد	کشاورزی و برخی از درمان‌ها	کشاورزی، پزشکی و زیست فناوری	درمان بیماری‌های ژنتیکی

Fu et al., Nature Biotechnology, 2013 (Off-target effects)

Komor et al., Nature, 2016 (Base Editing)

Chen et al., Science, 2018 (Cas12)

El-Mounadi et al., Plants, (2020 کشاورزی)

تغییرات اپی ژنتیک قابل بازگشت و نقش آن در درمان بیماری‌ها

اپی ژنتیک شاخه‌ای از علم ژنتیک است که به بررسی تغییرات برگشت پذیر در بیان ژن‌ها می‌پردازد؛ تغییراتی که بدون ایجاد دگرگونی در توالی نوکلئوتیدی DNA رخ می‌دهند اما ممکن است قابلیت وراثت داشته باشند. این تغییرات تحت تأثیر عواملی مانند شرایط محیطی، سبک زندگی، رژیم غذایی و حتی فشار روانی ایجاد می‌شوند و شامل متیلاسیون DNA، دگرگونی‌های شیمیایی در پروتئین‌های هیستون و فعالیت RNA های غیرکدکننده مانند miRNA هستند.

تفاوت ژنتیک و اپی ژنتیک

تفاوت اصلی میان ژنتیک و اپی ژنتیک در برگشت پذیر بودن تغییرات اپی ژنتیکی نهفته است؛ در حالی که تغییرات ژنتیکی معمولاً دائمی‌اند. برای نمونه، مصرف سیگار ممکن است باعث هایپرمتیلاسیون DNA در ژن‌های سرکوبگر تومور شود. هایپرمتیلاسیون به معنای افزایش گروه‌های متیل در نواحی خاصی از DNA است که معمولاً به خاموش شدن ژن‌ها منجر می‌شود. این فرایند می‌تواند زمینه‌ساز بروز سرطان ریه شود [۱]. از سوی دیگر، ترک سیگار ممکن است باعث کاهش متیلاسیون در ژن‌هایی مانند AHRR شود و باعث فعال‌سازی دوباره‌ی آن‌ها شود. این تغییر به بازگشت به وضعیت طبیعی کمک می‌کند [۲].

نویسنده



امیرحسین خباز
کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی
amirkhabbaz007@gmail.com

منابع



برگشت پذیری تغییرات اپی ژنتیکی توجه بسیاری از پژوهشگران را به خود جلب کرده است، زیرا با شناسایی مسیرهای سیگنال دهی مؤثر، می توان بیان طبیعی ژن ها را بازیابی کرد و از این راهکار برای درمان برخی بیماری ها بهره برد. تغییرات اپی ژنتیکی معمولاً از طریق اثر مولکول های کوچک بر سطح DNA یا پروتئین های هیستونی رخ می دهند. از جمله این تغییرات می توان به متیلاسیون DNA، استیلاسیون هیستون ها و فعالیت RNA های غیر کدکننده مانند miRNA اشاره کرد. برای مثال، microRNA ها یا miRNA ها مولکول های RNA کوچکی هستند که با اتصال به mRNA های خاص، از ترجمه ی آن ها به پروتئین جلوگیری می کنند یا موجب تخریب آن ها می شوند. به عنوان نمونه، miR 21 یکی از miRNA های شناخته شده است که در برخی سرطان ها با مهار ژن های سرکوبگر تومور، به پیشرفت بیماری کمک می کند. بنابراین، تنظیم یا مهار این miRNA ها می تواند به عنوان راهکاری نوین در درمان بیماری ها مورد استفاده قرار گیرد.

متیلاسیون DNA

متیلاسیون به معنای افزودن گروه متیل (CH_3) به بازهای خاصی از DNA، به ویژه باز سیتوزین در توالی های CpG است. این فرایند ممکن است باعث کاهش یا خاموش شدن رونویسی ژن ها شود، زیرا آن ناحیه از DNA برای عوامل رونویسی کمتر در دسترس خواهد بود. [۳]

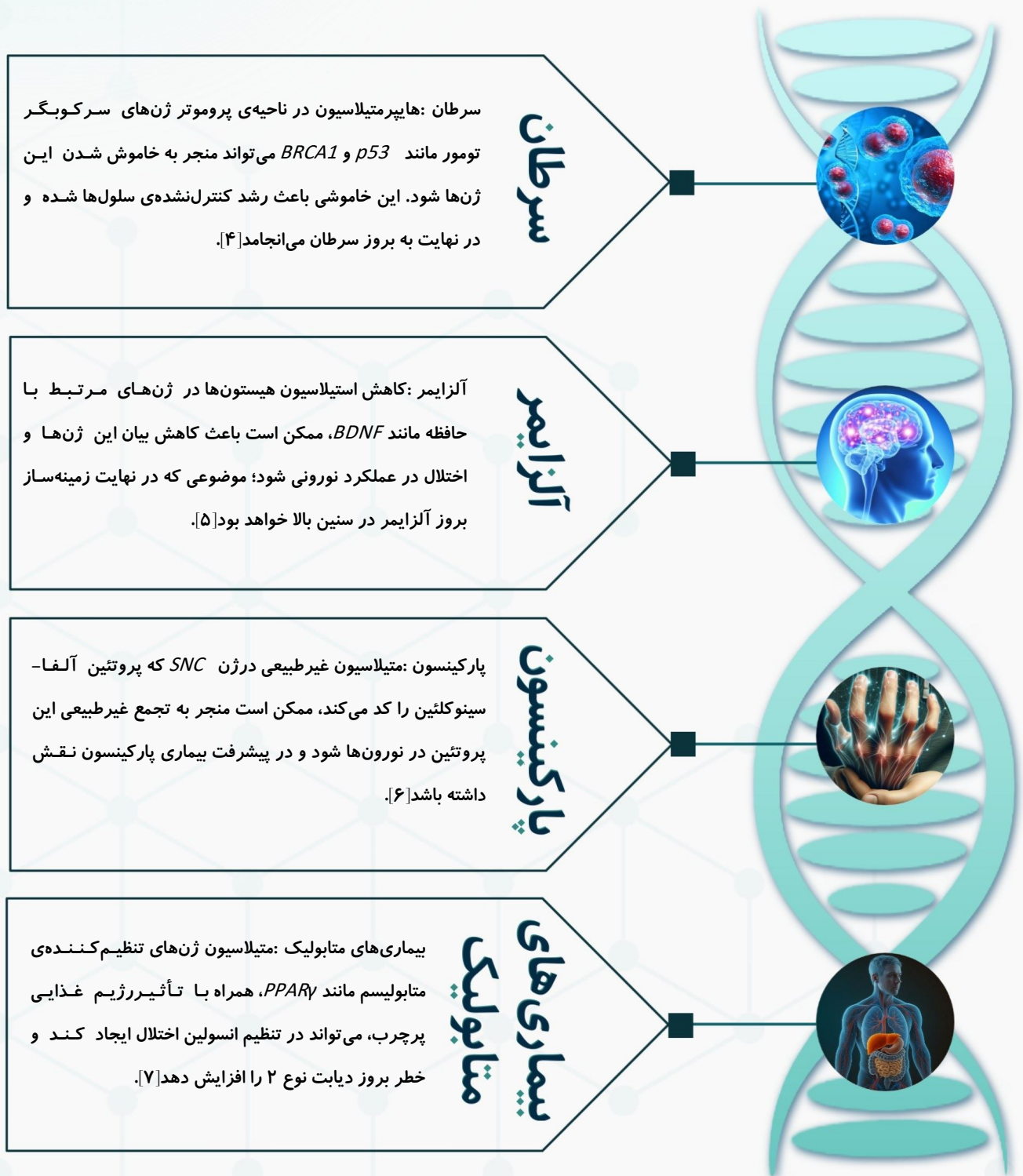
استیلاسیون هیستون ها

هیستون ها پروتئین هایی هستند که DNA به دور آن ها پیچیده و بسته بندی می شود. اضافه شدن گروه های استیل به این پروتئین ها، که فرایند استیلاسیون نام دارد، موجب کاهش فشردگی ساختار کروماتین می شود. در نتیجه، DNA بازتر می شود و امکان رونویسی و بیان ژن ها افزایش می یابد.



بیماری‌های اپی ژنتیکی

Epigenetic Diseases



درمان‌های اپی ژنتیکی برای بیماری‌ها

یکی از رویکردهای نوین در درمان بیماری‌ها، استفاده از داروهایی است که تغییرات اپی ژنتیکی را هدف قرار می‌دهند و آن‌ها را به وضعیت طبیعی بازمی‌گردانند. از جمله‌ی این درمان‌ها می‌توان به موارد زیر اشاره کرد:

مهارکننده‌های متیلاسیون DNA (DNA Methyltransferase) DNMTI

(Inhibitors DNMTI)

در درمان برخی سرطان‌ها مانند سرطان خون، از مهارکننده‌های آنزیم DNA متیل ترانسفراز استفاده می‌شود. این داروها از اضافه شدن گروه‌های متیل به DNA جلوگیری می‌کنند. یکی از داروهای شناخته شده در این گروه، *آزاسیتیدین* است؛ آنالوگی نوکلئوزیدی که در DNA جایگزین بازهای طبیعی می‌شود و با کاهش متیلاسیون، به فعال‌سازی مجدد ژن‌های سرکوبگر تومور کمک می‌کند [۸].

مهارکننده‌های هیستون داستیلاز (Histone Deacetylase HDACi)

(Inhibitors HDACi)

این داروها باعث افزایش استیلاسیون هیستون‌ها می‌شوند. در نتیجه، ساختار کروماتین بازتر شده و بیان ژن‌های سرکوبگر تومور فعال می‌شود. از جمله داروهای تأیید شده در این گروه می‌توان به *وورینوستات* اشاره کرد که در درمان لنفوم پوستی سلول‌های T کاربرد دارد. همچنین *پانوبینوستات* در درمان مولتیپل میلوما مؤثر است [۹].

مهارکننده‌های EZH2

آنزیم EZH2 یکی از اجزای کلیدی کمپلکس *PRC2* است که با متیلاسیون باقی‌مانده‌ی *H3K27* به شکل *H3K27me3*، منجر به خاموش‌سازی ژن‌ها می‌شود. مهار EZH2 باعث کاهش این متیلاسیون و فعال‌سازی ژن‌های سرکوبگر تومور می‌شود. داروی *تازمتوستات* به عنوان مهارکننده‌ی EZH2 در درمان سارکوم اپی تلوئید به کار می‌رود، هرچند ممکن است با عوارضی مانند کم‌خونی و افزایش آنزیم‌های کبدی همراه باشد [۱۰].

پیشرفت‌ها در پژوهش ارگانوئیدهای مغزی انسان



نویسنده



کوشنر خیاط
کارشناسی ارشد ریز زیست فناوری
khayyatkosar1@gmail.com

مغز انسان یکی از پیچیده‌ترین ساختارهای زیستی است و مطالعه‌ی آن چالش‌های فراوانی دارد. محدودیت‌های اخلاقی و فنی در دسترسی به بافت مغزی جنینی، پژوهشگران را به سمت توسعه‌ی مدل‌های جایگزین سوق داده است. ارگانوئیدهای مغزی^۱ که از کشت سه‌بعدی سلول‌های بنیادی جنینی یا القایی^۲ (iPSCs) ایجاد می‌شوند، رویکردی انقلابی برای بررسی تکوین عصبی، مکانیسم‌های بیماری و استراتژی‌های درمانی احتمالی ارائه کرده‌اند. این مدل‌ها ویژگی‌های کلیدی تکوین اولیه مغز، مانند تخصص‌یافتگی ناحیه‌ای، تمایز نورونی و تشکیل سیناپس را بازتاب می‌دهند.

با وجود این مزایا، محدودیت‌هایی همچون ریخت‌زایی^۳ ناقص (شکل‌گیری ساختار و الگوی اندام‌ها و بافت‌های بدن در دوران جنینی)، تفاوت در تنوع سلولی نسبت به نمونه‌های واقعی در بدن و تغییرات زیاد بین سری‌های تولیدی مختلف وجود دارند. غلبه بر این چالش‌ها برای استفاده مؤثر از ارگانوئیدها در مدل‌سازی بیماری‌ها، غربالگری داروها و پزشکی بازساختی ضروری است. سه مطالعه‌ی اخیر پیشرفت‌های چشمگیری در حوزه‌های بررسی مورفودینامیک^۴ ساختاری، پروفایل ترنسکریپتومی^۵ جامع برای تعیین ترکیب سلولی و ارزیابی تولید در مقیاس بزرگ گزارش کرده‌اند.

منابع



¹Brain organoids □

²Induced pluripotent stem cells □

□

³Morphogenesis □

⁴Morphodynamics □

⁵Transcriptomic profiling □

مورفودینامیک رشد اولیه ارگانوئید مغزی

مورفودینامیک بررسی می‌کند که چگونه سلول‌ها با تعامل‌های فیزیکی، شیمیایی و مکانیکی با محیط خود، به‌مرور زمان شکل و آرایش بافت‌ها را تشکیل می‌دهند و تغییر می‌دهند. مراحل اولیه تشکیل ارگانوئید شامل ایجاد نواحی نورواپیتلیالی^۶، تشکیل لومن^۷ و سازمان‌دهی فضایی مشابه لوله عصبی در حال رشد است. مطالعه‌ای^[۱] با استفاده از تصویربرداری زنده، دستکاری مولکولی و مدل‌سازی محاسباتی، این فرآیندهای مورفوژنتیک را بررسی کرد. نتایج نشان داد که سیگنال‌های قطبیت و نیروهای مکانیکی به‌طور هماهنگ سازمان‌دهی بافت نورواپیتلیالی را هدایت می‌کنند. عنصر کلیدی این فرآیند، حفظ قطبیت راسی-قاعده‌ای سلول‌های پیش‌ساز عصبی است که امکان تشکیل حفره‌های لومن مشابه بطن مغزی را فراهم می‌کند. اختلال در تنظیم‌کننده‌های قطبیت، مانند پروتئین‌های اتصال محکم، منجر به ساختارهای غیرطبیعی شد که اهمیت سازمان‌دهی اپی‌تلیالی در ریخت‌زایی مغزی را برجسته می‌کند. همچنین، این مطالعه نشان داد تشکیل لومن تنها یک فرآیند غیرفعال نیست، بلکه به‌طور دقیق با گرادیان‌های سیگنالی مرتبط است که الگوگیری پیش‌سازهای عصبی را تحت تأثیر قرار می‌دهند.

اطلس ترانسکریپتومیک^۸ سلولی ارگانوئیدهای عصبی انسانی

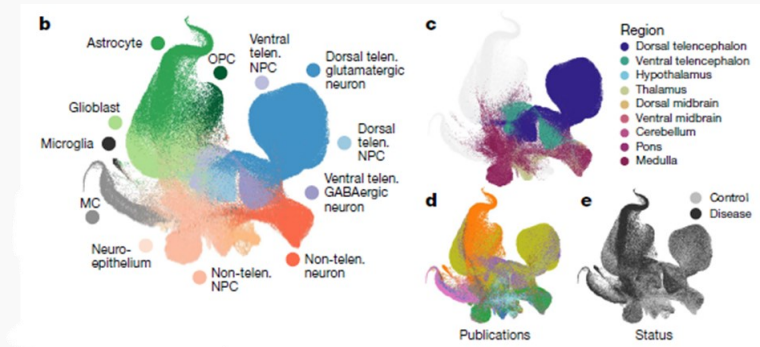
علاوه بر ساختار، اهمیت عملکردی ارگانوئیدها وابسته به تنوع سلولی آن‌ها و شباهتشان با مغز انسان است. مطالعه‌ای^[۲] یک اطلس ترانسکریپتومیک تک‌سلولی جامع از ارگانوئیدهای عصبی ارائه کرد که شامل پروتکل‌ها و مراحل مختلف تکوینی بود. اطلس ترانسکریپتومیک یک نقشه جامع از بیان ژن‌ها در تک‌تک سلول‌های موجود است که با استفاده از فناوری RNA-تک‌سلولی (scrRNA-seq) تهیه می‌شود. با مقایسه انواع سلول‌های ارگانوئیدی با بافت مغز جنین انسان، ویژگی‌های مشترکی مانند سلول‌های شعاعی گلیالی، پیش‌سازهای میانی، نورون‌های تحریکی و مهاری و جمعیت‌های اولیه گلیالی شناسایی شد. با این حال، تفاوت‌هایی نیز مشاهده شد، از جمله الگوهای بیان ژنی ناشی از استرس و حضور سلول‌های غیرعصبی. این اطلس به‌عنوان مرجع ارزشمندی برای ارزیابی مدل‌های ارگانوئیدی، بهبود پروتکل‌های تمایزی و شناسایی انحراف از مسیرهای تکوینی طبیعی عمل می‌کند.



⁶Neuroepithelial □

⁷lumenal □

⁸Transcriptomic



شکل ۱. تصویر UMAP از اطلس ترنسکریپتومی تک سلولی ارگانوئیدهای عصبی انسانی. در این اطلس، سلولها براساس نوع سلولی هویت ناحیه‌ای a، منبع مطالعه d و وضعیت بیماری یا کنترل e رنگ آمیزی شده‌اند. این نگاشت نشان می‌دهد ارگانوئیدهای عصبی دارای تنوع گسترده‌ای از انواع سلولها هستند که شباهت قابل توجهی به ساختار مغز جنینی انسان دارند. چنین اطلس‌هایی ابزار ارزشمندی برای مدل‌سازی بیماری‌های عصبی، مطالعه مسیرهای تکوینی و بهبود پروتکل‌های تمایزی محسوب می‌شوند.

قابلیت اطمینان مدل‌های ارگانوئیدی در مقیاس بالا

برای استفاده از ارگانوئیدها در غربالگری دارویی و پزشکی شخصی، تولید در مقیاس بزرگ بدون افت کیفیت ضروری است. مطالعه‌ای^[۳] قابلیت اطمینان تولید انبوه ارگانوئیدهای مغزی را به طور سازمان یافته^۱ بررسی کرد. با استفاده از تصویربرداری خودکار و کنترل کیفیت مبتنی بر یادگیری ماشین^۱، هزاران ارگانوئید ارزیابی شد. نتایج نشان داد حتی با وجود پروتکل‌های استاندارد، تغییرپذیری قابل توجهی در اندازه، مورفولوژی و ترکیب سلولی وجود دارد.

برای مقابله با این موضوع، نویسندگان مدل‌های محاسباتی پیش‌بینی‌کننده‌ای را طراحی کردند که با استفاده از ویژگی‌های ریخت‌زایی اولیه می‌توانند کیفیت ساختاری و مولکولی را پیش‌بینی کنند. این ابزارهای پیش‌بینی امکان انتخاب زود هنگام ارگانوئیدهای با کیفیت بالا را فراهم می‌آورند، ضایعات را کاهش می‌دهند و ثبات آزمایش‌ها را بهبود می‌بخشند. این مطالعه گامی مهم به سوی تولید صنعتی ارگانوئیدها است که برای کاربردهای دارویی و مطالعات با حجم نمونه بالا حیاتی است.

پیشرفت‌های اخیر در حوزه مورفودینامیک، پروفایل سلولی و تولید انبوه، پایه‌ای مستحکم برای توسعه پژوهش ارگانوئیدهای مغزی ایجاد کرده است. با ادغام دیدگاه‌های ساختاری، مولکولی و عملی، این فناوری به مرحله‌ای نزدیک می‌شود که بتواند مدل‌های قابل اعتماد برای مطالعه زیست‌شناسی و بیماری‌های مغز انسان فراهم کند.

باربارا مک کلینتاک

Barbara McClintock

زنی که ژن‌ها را به حرکت درآورد!



در جهانی که هنوز درگیر کشف رمز و رازهای وراثت بود، کودکی در سال ۱۹۰۲ در هارتفورد ایالت کنتیکت پا به دنیا گذاشت که قرار بود بنیان‌های درک ما از ژن را به لرزه دریاورد. باربارا مک کلینتاک، زنی که برخلاف زمانه‌اش نه تنها در دنیای مردسالار علم جایگاه پیدا کرد، بلکه افق‌های تازه‌ای به روی زیست‌شناسی گشود. داستان زندگی‌اش آمیزه‌ای از نبوغ سرکش، پشتکار خستگی‌ناپذیر و شجاعت ایستادن در برابر جریان اصلی علم است.

آغاز یک زندگی غیرمتعارف

باربارا از همان ابتدای کودکی، متفاوت بود. مادرش نوازنده‌ی چیره‌دست پیانو، شاعر و نقاش و پدرش پزشک بود. باربارا سومین فرزند از چهار فرزند خانواده بود. از حدود سه‌سالگی تا شروع مدرسه با عمه و دایی‌اش در ماساچوست زندگی کرد و علاقه‌اش به خودروها را از کلنجر رفتن‌های دایی‌اش با خرابی‌های ماشینش می‌دانست. مک کلینتاک برای تحصیل به خانه برگشت و در سال ۱۹۰۸ با خانواده‌اش به بروکلین نیویورک نقل مکان کرد. خودش را از همان کودکی خیلی مستقل توصیف می‌کرد. بعدها به ورزش و فعالیت‌های انفرادی مثل مطالعه علاقه پیدا کرد. هر دو والدش هم در تربیت، سبک خاص خودشان را داشتند.

آنها معتقد بودند تحصیل رسمی فقط یک بخش از آموزش بچه‌است، مثلاً وقتی باربارا به اسکیت روی یخ علاقه نشان داد، بهترین تجهیزات ممکن را برای او خریداری کردند و حتی اجازه دادند از مدرسه غیبت کند تا تمرین کند!

باربارا رابطه‌ی خیلی ویژه‌ای با پدرش داشت؛ کسی که همیشه حامی او بود. یک بار معلمی داشت که به‌خاطر انزجار روحی‌ای که از باربارا حس می‌کرد، حسابی اذیتش می‌کرد. پدرش به‌جای بی‌توجهی، فوراً او را از مدرسه بیرون آورد و برایش معلم خصوصی گرفت.

با این‌که تنش‌هایی در رابطه‌ی مادر و دختری آنها دیده می‌شد، اما مادرش کاملاً از سبک زندگی نامتعارف باربارا حمایت می‌کرد. خودش تعریف می‌کند که یک‌بار یکی از همسایه‌ها سرزنشش کرده بود که چرا بازی‌های پسرانه می‌کند و وقتش است کارهای دخترانه یاد بگیرد. مادرش که فهمید، فوری به همسایه زنگ زد و خیلی محکم گفت دیگر حق ندارد با دخترش چنین برخوردی داشته باشد.

نویسنده



فاطمه عباسیان
کارشناسی زیست‌شناسی سلولی و مولکولی
fatemeh.abbasian78@gmail.com

منابع



از بروکلین تا کرنل: راهی که آسان نبود

در سال ۱۹۱۸، با کلی شوق برای دانشگاه، از دبیرستان فارغ‌التحصیل شد. اما مشکل مالی و مخالفت مادرش مانع راهش شد تا این‌که پدرش در آخرین لحظه، راه را برایش هموار کرد و اجازه داد به آرزویش برسد و وارد دانشگاه کرنل بشود؛ جایی که بعدها او را "خانه‌ی علمی" خودش نامید.

در همان سال سوم، وقتی یک درس جذاب ژنتیک برداشت، استادش به استعدادش پی برد و به دوره‌ی تحصیلات تکمیلی دعوتش کرد. اما آن زمان، ژنتیک در گروه اصلاح نباتات تدریس می‌شد و آن گروه دکترای زن نمی‌پذیرفت! بنابراین، مک‌کلینتاک در گروه گیاه‌شناسی^۱ ثبت‌نام کرد، با گرایش اصلی سیتولوژی^۲ و فرعی ژنتیک^۳ و جانورشناسی^۴.

آنجا، تکنیک‌هایی برای شناسایی کروموزوم‌های^۵ ذرت توسعه داد که پایه‌گذار علم سایتوژنتیک^۶ ذرت شد. باربارا اولین کسی بود که توانست ده کروموزوم ذرت را به‌طور دقیق از هم تفکیک کند. این دستاورد فقط یک مهارت فنی نبود، یک جهش بزرگ علمی بود.

کشف بزرگی که سال‌ها کسی باورش نکرد

در دهه‌ی ۴۰ میلادی، به نقطه‌ی عطف کار خود رسید. در بررسی‌هایش روی ذرت، متوجه شد بعضی جهش‌ها ناپایدارند. او کشف کرد که بخشی از DNA می‌تواند از جایی به جای دیگر در کروموزوم جابه‌جا شود. این پدیده را "ترانسپوزیسیون"^۷ نامید و دو عنصر ژنتیکی فعال را به نام‌های فعال‌کننده^۸ و جداکننده^۹ معرفی کرد.

آن زمان این کشف خیلی عجیب به نظر می‌رسید چون ژن‌ها را چیزهایی ثابت و قابل نقشه‌برداری می‌دانستند. ولی باربارا خلافتش را نشان داد، اما چون جامعه علمی حرفش را جدی نگرفت، در سکوت و تنهایی، در مؤسسه کارنگی و بعدتر در کولدا اسپرینگ هاربر، به پژوهش‌هایش ادامه داد.

از طرد شدن تا تحسین جهانی

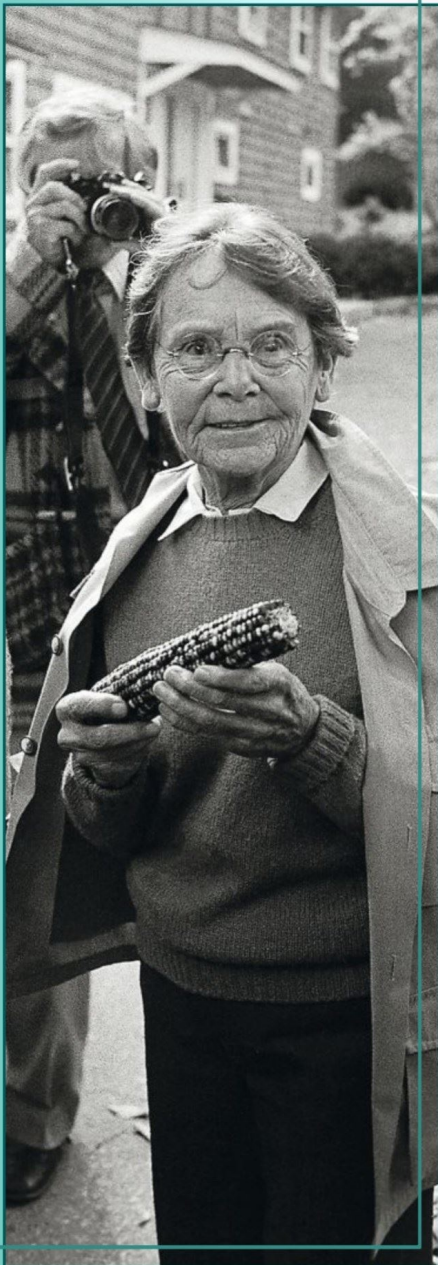
با وجود آن‌همه کشف و نبوغ، سال‌ها کسی جدی‌اش نگرفت. اما بالاخره زمان نشان داد که حق با او بود. از اواخر دهه‌ی ۶۰ میلادی، شواهدی از وجود دی‌ان‌ای^{۱۰} متحرک در باکتری‌ها و ویروس‌ها کشف شد. و ناگهان، آن نظریه‌ی عجیب که همه فکر می‌کردند تخیلی است، به واقعیت تبدیل شد. باربارا یکی پس از دیگری جوایز را گرفت:

مدال ملی علوم (۱۹۷۰)، جایزه لاسکر (۱۹۸۱)، جایزه ولف (۱۹۸۱)، و بالاخره در سال ۱۹۸۳، نوبل پزشکی آن هم فقط برای خودش، برای همان کشفی که ۴۰ سال پیش کرده بود.

شخصیت مستقل، ذهنی آزاد

باربارا هیچ‌وقت ازدواج نکرد و همیشه خودش را وقف علم کرد. از فضای رسمی دانشگاهی خوشش نمی‌آمد و همیشه می‌گفت اگر مجبور بود برای گرفتن بودجه طرح تحقیقاتی بنویسد، هیچ‌وقت نمی‌توانست دانشمند موفقی باشد.

وقتی در سال ۱۹۹۲ در سن ۹۰ سالگی چشم از جهان فروبست، جامعه‌ی علمی می‌دانست که فقط یک دانشمند بزرگ را از دست نداده، بلکه نمادی از کنجکاوی بی‌مرز، شجاعت در برابر تردیدها و استقلال علمی را هم از دست داده.



¹ Botany

² Cytology

³ Genetique

⁴ Zoology

⁵ Chromosome

⁶ Cytogenetics

⁷ Transposition

⁸ Activatore (Ac) □

⁹ Dissociation (Ds) □

¹⁰ DNA □

مهندسی کروموزومی

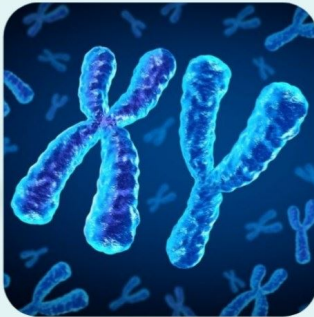
او با استفاده از اشعه‌ی ایکس^{۱۱}، کروموزوم‌های بازآرایی‌شده^{۱۲} و حتی مصنوعی ساخت و اولین مدل‌های تجربی برای مطالعه‌ی ناپایداری ژنومی^{۱۳} را ایجاد کرد؛ روشی که امروز هم در تحقیقات سرطان استفاده می‌شود.



01

کشف انعطاف‌پذیری سانترومر و مهندسی

باربارا در پژوهش‌های پیشگامانه‌اش روی ذرت نشان داد که سانترومرها^{۱۴} بعد از شکست عرضی، می‌توانند به صورت مستقل عمل کنند؛ این کشف باعث شد درک جدیدی از ناپایداری کروموزوم‌های تلوسنتریک^{۱۵} پیدا بشود. او همچنین با روش‌هایی که خودش طراحی کرده بود (مثل کروموزوم‌های حلقوی)، جایگاه دقیق ژن‌هایی که روی صفات ظاهری اثر دارن را شناسایی کرد.



02

کشف فنوتیپ شبج

مک‌کلینتاک در مقاله‌ای تاریخی در سال ۱۹۳۸، با دقتی مثال‌زدنی رفتار عجیب کروموزوم‌های حلقوی را بررسی کرد. نتیجه‌ی کار او چیزی بود که بعداً به اسم «فنوتیپ شبج» شناخته شد؛ یعنی حذف فیزیکی یک ژن، می‌تواند باعث ظاهر شدن اثر یک ال مغلوب شود، حتی اگر آن ال واقعاً حضور نداشته باشد!

این کشف، یعنی اینکه یک ژن می‌تواند بدون حضور، اثر بگذارد، مفهومی که رابطه‌ی کلاسیک بین ژن و فنوتیپ را به چالش کشید. جالب است که همین مقاله، پیش‌درآمدی برای کشف بزرگ‌تر او (ترانسپوزون‌ها^{۱۶}) شد. امروز، «فنوتیپ شبج» یکی از مفاهیم بنیادین در فهم پویایی ژنوم محسوب می‌شود.



03

معرفی کتاب:

اگر علاقه‌مند به مطالعه‌ی کامل‌تری درباره‌ی زندگی و دستاوردهای علمی باربارا مک‌کلینتاک هستید، می‌توانید به کتابچه‌ی بیوگرافی منتشرشده توسط آکادمی ملی علوم ایالات متحده با عنوان:

Nina V. Fedoroff (1994) نوشته‌ی Barbara McClintock, 16 June 1902 – 2 September 1992
مراجعه کنید. این کتاب بخشی از مجموعه‌ی معتبر Biographical Memoirs است که به زندگی دانشمندان برجسته می‌پردازد.

¹¹X-ray

¹²Replicated Chromosomes

¹³Genomic Instability

¹⁴Centromere

¹⁵Telocentric

¹⁶Transposons

مصاحبه‌ها و روایت‌های الهام‌بخش



۱. گفت و گو با اساتید برجسته

تجربه، پژوهش و امید

دکتر مرتضی آبکار/دکتری ژنتیک مولکولی از دانشگاه تربیت مدرس



۲. مصاحبه با دانشجویان موفق

مصاحبه با دانشجوی موفق

خدیجه صادق متخصص تحلیل داده‌های بیان ژن



۳. گزارش ویژه از شرکت‌ها و استارت‌آپ‌های بومی حوزه زیست‌فناوری

شرکت زیست‌بانان توران سیراف

پرورش صنعتی صدف خوراکی، گونه بومی *Saccostrea cucullata*



تجربه، پژوهش و امید

گفت‌وگوی ویژه نشریه GENITH با دکتر مرتضی آبکار

با رشد سریع دانش در حوزه زیست‌شناسی سلولی و مولکولی، گفت‌وگو با پژوهشگران برجسته اهمیت دوچندان پیدا می‌کند. در نخستین شماره نشریه علمی «GENITH»، مفتخر بودیم با دکتر مرتضی آبکار، عضو هیئت علمی دانشگاه شهید اشرفی اصفهانی و پژوهشگر حوزه ژنتیک مولکولی، به گفت‌وگویی اختصاصی بنشینیم. آنچه در ادامه می‌خوانید، بازتابی از مسیر پژوهش، چالش‌ها و نگاه آینده‌نگر ایشان به این رشته است.

لطفاً خودتان را برای خوانندگان ما معرفی بفرمایید و در مورد زمینه تحقیقاتی‌تان توضیح دهید.



دکتر مرتضی آبکار هستم دکتری ژنتیک مولکولی از دانشگاه تربیت مدرس که در حال حاضر در دانشگاه شهید اشرفی اصفهانی به عنوان هیئت علمی مشغول به کارم. زمینه تحقیقاتی اینجانب شامل طراحی و تولید واکسن نو ترکیب، بررسی ژنتیکی عوامل موثر در سرطان و تولید و بهینه سازی فعالیت آنزیم نو ترکیب است.



تجربه‌ای که برای شما در مسیر علمی‌تان الهام‌بخش یا تعیین‌کننده بوده را با ما به اشتراک بگذارید.



یکی از تجربیات ارزشمند، راه اندازی کار خدماتی تشخیص ژن چند قلو زایی در گوسفند است که دامداران جهت تعیین اینکه گوسفندشان ژن چند قلو زایی را دارد یا نه و اینکه چند نسخه از ژن چند قلو زایی را دارد نیازمند تست ژنتیکی هستند که گروه ما این کار را به صورت خدماتی و با موفقیت انجام می‌دهد. از آنجائی که کار خدماتی در حال انجام، مرتبط با زمینه کاری و تحصیلی است برای گروه ما جذابیت خاصی دارد. یکی از دستاوردهای مهم در این زمینه بهینه سازی انجام واکنش PCR بدون استخراج یا تخلیص DNA است که روش بهینه سازی شده در آزمایشگاه ما، کاملاً جدید بوده و قبلاً گزارش نشده است که هم سرعت کار را بیشتر می‌کند و هم هزینه های انجام تست را به شدت کاهش می‌دهد.



اگر به گذشته برمی‌گشتید، آیا باز هم همین رشته را انتخاب می‌کردید؟ چرا؟



قطعاً. اعتقاد دارم هر کسی باید دنبال علاقه خودش باشد. من در دوران دبیرستان به شدت به رشته ژنتیک علاقمند شدم و این، باعث شد که در این رشته به تحصیل خود ادامه دهم. با اینکه در حال حاضر هیئت علمی هستم ولی هنوز مطالعات زیادی در زمینه های مورد علاقه ام انجام می‌دهم چرا که علاقه زیاد به رشته و یادگیری مطالب جدید مثل یک موتور محرک برایم می‌باشد و از این کار لذت می‌برم.



از دید شما، مهم ترین چالش هایی که دانشجویان زیست شناسی سلولی و مولکولی امروز با آن مواجه هستند چیست؟



از دید اینجناب، مهم ترین چالش های پیش روی دانشجویان زیست شناسی سلولی و مولکولی را می توان در چند محور اصلی زیر خلاصه کرد:

۱. فاصله بین دانش تئوری و مهارت های عملی: حجم بالای دروس تئوری و سرعت رشد علم در این رشته، گاهی فرصت کافی برای کسب مهارت های عملی و تکنیکی عمیق را از دانشجو می گیرد. این امر می تواند ورود آنان به بازار کار و پژوهش های مستقل را با دشواری مواجه کند.

۲. چالش های مالی و تجهیزاتی: انجام پژوهش های کاربردی در حوزه های زیست شناسی و بیوتکنولوژی، مستلزم دسترسی به تجهیزات پیشرفته و مواد مصرفی هزینه بر است. محدودیت های بودجه ای و دسترسی نابرابر به امکانات روز، می تواند سرعت پیشرفت و کیفیت خروجی های تحقیقاتی دانشجویان را تحت تأثیر قرار دهد.

۳. نیاز به گذر از رویکردهای سنتی به میان رشته ای: علم امروز، در آستانه تحولات بزرگی مانند پزشکی شخص محور و درمان های نوین است. دانشجویان برای همگامی با این تحولات، علاوه بر تسلط بر مبانی پایه، نیازمند آشنایی با حوزه هایی مانند بیوانفورماتیک، علوم داده و هوش مصنوعی هستند. ایجاد این پیوند میان رشته ای هنوز به صورت سیستماتیک در برنامه های درسی نهادینه نشده است و معمولاً سرفصل های درسی تدوین شده توسط وزارت علوم، خیلی با مطالب بروز رشته های زیست شناسی هماهنگی ندارد و این باعث می شود که دانشجویان کمی از مباحث روز دنیا عقب بمانند.

۴. ابهام در مسیر شغلی و بازار کار: با وجود پتانسیل بالای این رشته، گاهی مسیرهای شغلی روشن و متنوعی پیش روی دانشجویان نیست. این امر لزوم توجه به توسعه مهارت های انتقال پذیر (مانند مدیریت پروژه، کار تیمی و انتقال دانش) و همچنین هدایت پژوهش ها به سمت حل مسائل بیوتکنولوژیک کشور را پررنگ تر می سازد.

بنابراین، به نظر اینجناب، عبور از این چالش ها مستلزم عزم ملی برای سرمایه گذاری بیشتر در بخش پژوهش، بازنگری در مباحث درسی با هدف کاربردی تر شدن و تلفیق با علوم نوین، و همچنین هدایت و مشاوره مستمر دانشجویان برای ترسیم آینده ای روشن در عرصه علم و فناوری است.

به نظر شما آینده شغلی و تحقیقاتی این رشته در کشور چگونه است؟



آینده شغلی و تحقیقاتی رشته زیست شناسی سلولی و مولکولی در ایران، تصویری دوگانه از چالش های قابل توجه و فرصت های امیدوارکننده را نشان می دهد.

برای ساختن آینده ای درخشان در این رشته، تنها داشتن مدرک تحصیلی کافی نیست و نیازمند تلاش مضاعف و کسب مهارت های کاربردی است. در کل، آینده این رشته در ایران همچنان در گرو علاقه شخصی، پشتکار و کسب مهارت های روز است. برای فردی که عاشق پژوهش است و از چالش نمی هراسد، فرصت هایی هرچند محدود ولی ارزشمند در مراکز تحقیقاتی و شرکت های نوپا وجود دارد.

روندهای جهانی در این حوزه را چگونه ارزیابی می کنید؟ مثلاً نقش هوش مصنوعی یا بیوانفورماتیک؟



روندهای جهانی در حوزه زیست شناسی سلولی و مولکولی به طور فزاینده ای تحت انقلاب فناوری های دیجیتال مانند بیوانفورماتیک و هوش مصنوعی قرار گرفته اند. این تحولات، درک ما از مکانیسم های زیستی را در سطحی بی سابقه عمیق تر و دقیق تر کرده است.

بیوانفورماتیک یک علم میان رشته ای است که از علوم رایانه، ریاضیات و آمار برای مدیریت و تجزیه و تحلیل حجم عظیم داده های زیستی استفاده می کند. نقش آن را می توان در چند حوزه اصلی خلاصه کرد:

مدیریت و یکپارچه سازی داده های حجیم (Big Data): تکنیک های مدرن مانند توالی یابی نسل جدید (NGS)، داده هایی در مقیاس پتابایت تولید می کنند. بیوانفورماتیک با ایجاد پایگاه های داده تخصصی و ابزارهای تحلیلی، امکان ذخیره سازی، بازیابی و تفسیر این اطلاعات را فراهم می سازد.

تحلیل جامع سطوح مختلف زیستی (علوم آمیکس): فعالیت اصلی بیوانفورماتیک حول چهار محور می چرخد:

ژنومیکس: تجزیه و تحلیل اطلاعات ژنوم موجودات زنده.

ترنسکریپتومیکس: مطالعه و آنالیز نحوه بیان ژن ها (RNA).

پروتئومیکس: شناسایی و تحلیل ساختار و عملکرد پروتئین ها.

متابولومیکس: تجزیه و تحلیل متابولیت های سلول.

درک سیستماتیک از حیات: بیوانفورماتیک بستر ساز ظهور زیست شناسی سامانه ای (Systems Biology) شده است. این حوزه با ادغام داده های مختلف آمیکس، به مدل سازی و درک جامعی از تعاملات درون سلولی و شبکه های مولکولی می پردازد.

هوش مصنوعی و شاخه اصلی آن، یادگیری ماشین، به عنوان ابزاری قدرتمند در خدمت بیوانفورماتیک درآمده و توانایی تحلیل الگوها در داده های پیچیده زیستی را به شکل چشمگیری افزایش داده اند. نمونه های بارز این تحول عبارتند از:

پیش بینی ژن و تعیین توالی، دسته بندی پروتئین و پیش بینی ساختار، تحلیل بیان ژن و پزشکی شخصی شده، شتاب در کشف دارو.

فرا تر از هوش مصنوعی و بیوانفورماتیک، چند روند کلان دیگر نیز آینده این حوزه را شکل می دهند: ادغام فناوری های آزمایشگاهی با محاسبات، تمرکز بر پزشکی دقیق (Precision Medicine)، و کاربردهای میان رشته ای گسترده.

اگر دانشجوی بودید و در سال ۱۴۰۴ وارد این رشته می شدید، چطور مسیر خود را می ساختید؟



اگر در سال ۱۴۰۴ دانشجوی این رشته می شدم، مسیر خود را بر چهار پایه اصلی می ساختم:



۱. تسلط پایه ای و عمقی: ابتدا سعی می کردم مفاهیم بنیادین زیست شناسی سلولی و مولکولی را به شکلی عمیق و نه صرفاً حفظی درک کنم، چرا که این مفاهیم، زبان اصلی این علم هستند.

۲. کسب "مهارت های دوگانه": مثل مهارت های آزمایشگاهی پیشرفته، مهارت های محاسباتی (بیوانفورماتیک)

۳. تخصص یابی هوشمندانه: زمینه ای را برای تخصص انتخاب می کردم که در نقطه تقاطع زیست شناسی و فناوری های جدید باشد، مانند پزشکی شخص محور، مهندسی پروتئین یا ژنتیک سرطان، چرا که آینده در این مرزها در حال شکل گیری است.

۴. نگاه فرا تر از آزمایشگاه: از همان ترم های اول، با مطالعه و ارتباط با مراکز صنعتی و شرکت های دانش بنیان، می کوشیدم دریابم که دانش من چگونه می تواند به یک محصول یا خدمت تبدیل شود و مشکلی را حل کند.

چه مهارت هایی را برای دانشجویان این رشته ضروری می دانید که باید هم زمان با تحصیل یاد بگیرند؟



مهارت های ضروری در کنار تحصیل مثل:



(الف) مهارت های سخت (فنی):

۱. تسلط بر تکنیک های کلیدی آزمایشگاهی (مانند PCR، Western Blot، کشت سلول و کلونینگ).

۲. یادگیری مبانی بیوانفورماتیک و یک زبان برنامه نویسی (مانند پایتون یا R) برای تحلیل داده.

۳. تسلط بر زبان انگلیسی برای مطالعه به روزترین مقالات.

(ب) مهارت‌های نرم (فراگیر):

۱- تفکر انتقادی و حل مسئله برای طراحی و تحلیل هوشمندانه آزمایش‌ها.

۲- مدیریت پروژه برای برنامه‌ریزی و اجرای پژوهش.

۳- ارتباطات مؤثر (نگارش علمی و ارائه شفاهی) برای انتقال یافته‌ها.

این ترکیب، شما را از یک "فارغ‌التحصیل صاحب مدرک" به یک "متخصص توانمند و جذاب‌شدنی" در بازار کار تبدیل می‌کند.

در پایان، چه توصیه‌ای برای دانشجویانی دارید که به تازگی وارد این رشته شده‌اند یا هنوز در ابتدای راه هستند؟



علم را با اشتیاق آغاز کنید، اما با استراتژی ادامه دهید. این رشته یک مسابقه دو سرعت نیست، یک ماراتن است. به جای شتاب برای کسب نمره، عمق فهم و کسب مهارت‌های کاربردی را اولویت اول خود قرار دهید. خود را به‌روز نگه دارید، با مرزهای دانش در حوزه‌هایی مانند بیوانفورماتیک و هوش مصنوعی آشنا شوید و از همان ابتدا، توانایی حل یک مسئله واقعی را در خود پرورش دهید.

یادتان باشد موفقیت از آن کسانی است که می‌دانند چگونه دانش خود را به ارزش تبدیل کنند؛ چه در آزمایشگاه‌های تحقیقاتی تراز اول و چه در قالب یک شرکت نوپای دانش‌بنیان.

در لحظاتی که ناامید شدید، چه چیزی باعث شد ادامه دهید؟



در آن لحظات که بار شکست سنگین می‌شد، آنچه مانند فانوس راهم بود، "باور به معنای گام‌های کوچک" بود. به خودم یادآوری می‌کردم که حتی یک نتیجه منفی در آزمایشگاه نیز یک داده است و علم از تلفیق همین داده‌های به ظاهر پراکنده ساخته می‌شود.

اما آنچه این باور را زنده نگه می‌داشت، دو چیز بود:

۱. شور کشف: آن هیجان لحظه‌ای که تصویر ژل الکتروفورز، باند مورد نظرتان را نشان می‌دهد، یا نتایج یک شبیه‌سازی کامپیوتری، فرضیه شما را تأیید می‌کند، مانند جرعه‌ای است که همه خستگی‌ها را می‌سوزاند.

۲. احساس مسئولیت: باور داشتم که هر قدم کوچک من، سنگی است در بنای بزرگ‌تر دانش که می‌تواند روزی به درک یک بیماری یا حل یک مشکل کمک کند. این نگاه، پشتکار را در من زنده نگه می‌داشت.

چه کتاب، فیلم یا تجربه‌ای دیدگاه علمی شما را تغییر داد؟



کتاب اعجوبه‌ای در ژن‌های شما

این کتاب با نگاهی فلسفی-ادبی به زیست‌شناسی، به من آموخت که پیچیدگی یک موجود "ساده" می‌تواند به عمیق‌ترین مفاهیم زیستی گره بخورد. این دیدگاه، نگرش من را از نگاه صرفاً مکانیکی به موجودات، به سوی درک زیبایی‌شناسی و عمق فلسفی نهفته در سازوکارهای سلولی و مولکولی تغییر داد و همیشه به من یادآوری می‌کند که در پس کوچک‌ترین پدیده‌های زیستی، جهانی از شگفتی نهفته است.





ZEAN
زیست اکسیر آینده نگر
Molecular biology products

نشریه «GENITH» ضمن قدردانی از دکتر مرتضی آبکار، امیدوار است محتوای این گفت‌وگو برای خوانندگان گرامی مفید بوده باشد.

(مصاحبه کننده خانم ریحانه بهروزی)

مصاحبه با دانشجوی موفق

خانم خدیجه صادق | فارغ التحصیل کارشناسی ارشد زیست شناسی سلولی و مولکولی دانشگاه خلیج فارس

لطفاً خودتان را معرفی کنید و بفرمایید در حال حاضر در چه مقطعی تحصیل می کنید یا در چه زمینه ای فعالیت دارید.



خدیجه صادق، فارغ التحصیل مقطع کارشناسی ارشد زیست شناسی سلولی و مولکولی ورودی سال تحصیلی ۹۸ از دانشگاه خلیج فارس هستم. در حال حاضر در زمینه بیوانفورماتیک، به ویژه تحلیل داده های بیان ژن، فعالیت دارم و با زبان برنامه نویسی R کار می کنم.

از چه زمانی و چطور متوجه شدید که به رشته زیست شناسی علاقه دارید؟



از دوران دبیرستان به مطالعه ساختار بدن انسان و فرآیندهای زیستی علاقه مند بودم. اما علاقه ام زمانی جدی تر شد که با دنیای مولکولی سلول آشنا شدم و فهمیدم چقدر ظریف و هوشمندانه عمل می کند.

مسیر تحصیلی شما تا اینجا چطور بوده؟ چه چالش هایی را پشت سر گذاشتید؟



مسیر من پر از تجربه ها، یادگیری و چالش های مختلف بوده است. از محدودیت های امکانات آزمایشگاهی گرفته تا دشواری یادگیری ابزارهای بیوانفورماتیک، همه باعث شدند پشتکار و یادگیری خود را تقویت کنم.

فکر می کنید چه عواملی باعث شد در این مسیر موفق باشید؟



پشتکار، علاقه واقعی به یادگیری و حمایت خانواده از مهم ترین عوامل بودند. همچنین سعی کردم همیشه به روز بمانم و از یادگیری ابزارهای جدید نترسم.

بزرگ ترین سختی ای که در دوران تحصیل داشتید چه بود و چطور با آن کنار آمدید؟



یکی از سخت ترین مراحل برای من کار با داده های پیچیده و نرم افزارهای جدید بود. در ابتدا سخت به نظر می رسید، اما با تمرین مداوم و استفاده از منابع آموزشی آنلاین توانستم به تسلط برسم.

آیا تا حالا لحظه ای بوده که خواسته باشید رشته تان را عوض کنید؟ چه چیزی باعث شد ادامه دهید؟



خیر، علاقه عمیق به پژوهش و احساس لذت از کشف ناشناخته ها باعث شد ادامه دهم.

در حال حاضر روی چه پروژه، تحقیق یا فعالیتی کار می کنید؟



در حال حاضر روی تحلیل داده های بیان ژن (Gene Expression) و بررسی تغییرات بیان ژنی در داده های میکروآرای، single cell, Bulk RNA و هوش مصنوعی کار می کنم.

چه مهارت هایی بیشترین نقش را در موفقیت شما داشته اند؟



کار با زبان برنامه نویسی R، آشنایی با مفاهیم بیوانفورماتیک، توانایی تحلیل داده ها، و تسلط نسبی به زبان انگلیسی از مهم ترین مهارت هایی بودند که در پیشرفت من نقش داشتند.

اگر برگردید به ابتدای ورود به دانشگاه، چه کارهایی را زودتر شروع می کردید یا جور دیگری انجام می دادید؟



قطعاً یادگیری زبان انگلیسی و مهارت های کامپیوتری را از همان ابتدا جدی تر دنبال می کردم و زودتر وارد حوزه بیوانفورماتیک می شدم.

برای دانشجویانی که تازه وارد این رشته شده اند یا هنوز مسیرشان را پیدا نکردند، چه توصیه ای دارید؟



پیشنهاد می کنم هیچ وقت از یادگیری دست نکشند. زیست شناسی دنیای گسترده ای دارد و هرکس می تواند مسیر خاص خود را در آن پیدا کند. مطالعه مداوم و یادگیری ابزارهای جدید کلید پیشرفت است.

آیا استاد یا شخص خاصی بوده که برایتان الهام بخش بوده باشد؟



بله، جناب آقای دکتر احمدی، استاد راهنمای من در دوران کارشناسی ارشد، تأثیر بسیار عمیقی بر مسیر علمی من داشتند. ایشان با دانش، دقت و حمایت های همیشگی شان نه تنها راهنمای علمی من بودند، بلکه با برخورد انسانی و انگیزه بخش خود، الهام بخش من در ادامه مسیر پژوهش شدند. از ایشان آموختم که پژوهش، صبر و پشتکار می خواهد و موفقیت نتیجه استمرار است.

در لحظه های خستگی و ناامیدی، چه چیزی به شما انگیزه می دهد که ادامه دهید؟



یادآوری هدف اصلی ام و علاقه به پژوهش همیشه باعث می شود مسیر را ادامه دهم. هر چقدر هم مسیر دشوار باشد، لذت رسیدن به نتیجه آن ارزشش را دارد.

در کنار درس و پژوهش، چطور تعادل را در زندگی تان حفظ می کنید؟



سعی می کنم زمان هایی را به استراحت، ورزش و ارتباط با خانواده اختصاص دهم. این تعادل باعث می شود ذهنم باز و آماده بماند.

اگر بخواهید یک جمله به عنوان پیام خودتان برای سایر دانشجویان بگویید، چه می گوئید؟



هیچ تلاشی بی ثمر نیست؛ اگر با پشتکار مسیرتان را ادامه دهید، حتی سخت ترین مسیرها هم شما را به مقصد می رسانند.

شرکت زیست بانان توران سیراف

پیشگام در حوزه زیست فناوری و نوآوری های محیط زیستی



در شرایطی که کشور با محدودیت منابع طبیعی و چالش های اقتصادی مواجه است، توسعه فناوری های نوین و فعالیت های دانش بنیان راهکاری موثر برای رشد پایدار و اشتغال محسوب می شود. یکی از نمونه های موفق در این زمینه، شرکت دانش بنیان زیست بانان توران سیراف است که با تکیه بر زیست فناوری دریایی، پرورش صدف های خوراکی و مروارید ساز بومی خلیج فارس را به صنعتی سودآور و پایدار در استان بوشهر تبدیل کرده است.

از ایده تا اجرا؛ تولد یک نوآوری

ایده اولیه این فعالیت از سال ۱۳۹۱ در ذهن سید پیام قاضی، بنیان گذار و مدیرعامل شرکت، شکل گرفت. او در یکی از کلاس های دانشگاهی خود با استادی هندی آشنا شد که درباره مزایای پرورش صدف های خوراکی و صنعت مرواریدسازی سخن می گفت. این جرقه ذهنی باعث شد تا قاضی مطالعات گسترده ای درباره ظرفیت های ایران در این حوزه انجام دهد و متوجه شود که علی رغم وجود سواحل گسترده و تنوع زیستی بالا، ایران از این فرصت بی نصیب مانده است. وی می گوید: مطالعه بازار جهانی نشان داد که کشورهای جنوب شرق آسیا سالانه صدها میلیون دلار از طریق پرورش صدف و تولید مروارید درآمد دارند. ما در ایران همه شرایط طبیعی این کار را داشتیم، اما هیچ زیرساخت یا دانشی در این زمینه وجود نداشت. تصمیم گرفتم شخصاً این راه را آغاز کنم.

با تلاش های مستمر، نخستین سایت تحقیقاتی در ساحل بوشهر راه اندازی شد. هرچند در ابتدا با تخریب های مکرر و بی توجهی برخی نهادها مواجه شد، اما قاضی با پشتکار ادامه داد و سرانجام در سال ۱۳۹۳ شرکت زیست بانان توران سیراف به طور رسمی تأسیس شد و وارد مرحله اجرایی گردید.

نویسنده



حنانه ادریسی
کارشناسی ارشد کارآفرینی
hananehedrissi@gmail.com

منابع



پرورش صدف؛ فعالیتی پایدار، سودآور

پرورش صدف از جمله فعالیت های کم هزینه و سازگار با محیط زیست است. صدف ها بدون نیاز به غذای مصنوعی با تغذیه از فیتوپلانکتون ها رشد می کنند و به تصفیه آب در جهت بهبود اکوسیستم کمک می کنند. شرکت زیست بانان با استفاده از گونه بومی *Pinctada radiata* توانسته کل چرخه تکثیر، پرورش، هسته گذاری و تولید مروارید را به صورت بومی اجرا کند. در سال ۱۴۰۲ بیش از ۲۸۰۰ قطعه مروارید در رنگ های طبیعی تولید شد که بخشی از آن ها صادر گردید.

حوزه های فعالیت اصلی شرکت

صدف خوراکی بومی جنوب ایران (*Saccostrea cucullata*) به دلیل طعم بی نظیر و ارزش غذایی بالا، به عنوان محصولی لوکس و سالم در بازارهای داخلی و خارجی شناخته می شود. شرکت با استفاده از قفس های شناور و روش های اکولوژیک، رشد صدف ها را در آب های خلیج فارس تسریع و کنترل می کند.

پرورش صنعتی
صدف خوراکی

1

صدف های بومی خلیج فارس توانایی تولید مروارید با کیفیت بالا را دارند. شرکت زیست بانان توران سیراف با بهره گیری از روش های نوین تکثیر و نگهداری صدف ها، موفق به تولید مرواریدهایی با رنگ های متنوع و درخشان شده است که بازارهای صادراتی متعددی در خاورمیانه و اروپا دارد.

تولید مروارید
طبیعی

2

صدف ها به صورت پودر و عصاره برای کاربردهای دارویی، آرایشی و غذایی فرآوری می شوند. پودر صدف، سرشار از کلسیم طبیعی، در تولید مکمل های غذایی و محصولات آرایشی کاربرد دارد.

فرآوری و تولید
محصولات طبیعی

3

نگاه محیط زیستی

صدف ها علاوه بر نقش اقتصادی، کارکردی زیست محیطی دارند و به خاطر وجود فیتوپلانکتون ها موجب شفافیت و احیای زیستگاه های ساحلی می شوند. شرکت زیست بانان با پیروی از اصل "صفر ضایعات" حتی پوسته های باقی مانده را نیز در صنایع آرایشی، مکمل های معدنی و کودهای کشاورزی استفاده می کند.

به گفته ی سید پیام قاضی:

هیچ فعالیت اقتصادی نباید به قیمت آسیب به محیط زیست باشد. پرورش صدف از سبزترین صنایع دنیاست.

اقتصاد دریاپایه؛ نگاهی فراتر از نفت

پرورش صدف نمونه ای موفق از اقتصاد دریاپایه است که توسط سازمان ملل به عنوان مدلی برای توسعه پایدار معرفی شده است. کشورهای جنوب شرق آسیا سالانه صدها میلیون دلار از این صنعت درآمد دارند. با وجود ۵۸۰۰ کیلومتر مرز آبی، ایران نیز می تواند به قطب اقتصاد دریایی منطقه تبدیل شود. زیست بانان توران سیراف با سرمایه اندک و تیمی دانش بنیان آغاز به کار کرد و چشم انداز آن دستیابی به صادرات چند ده میلیون دلاری در پنج سال آینده است.



دستاوردهای فناورانه و علمی

همکاری با دانشگاه خلیج فارس و پارک علم و فناوری موجب شکل گیری نوآوری هایی نظیر:

- تکثیر مصنوعی صدف های مرواریدساز
- اصلاح نژاد صدف ها برای افزایش کیفیت مروارید
- طراحی تجهیزات بومی پرورش در قفس های دریایی
- تولید مروارید بدون مواد شیمیایی یا دست کاری ژنتیکی
- بهره برداری از ضایعات صدف در صنایع دارویی و آرایشی



دستاوردهای اقتصادی و اجتماعی

در سال ۱۴۰۲ بیش از ۲۸۰۰ قطعه مروارید تولید و ده ها محصول جانبی فرآوری شد. این فعالیت ها بیش از ۲۰ شغل مستقیم و ۵۰ شغل غیرمستقیم در بوشهر ایجاد کرده و سهم مهمی در اشتغال زنان و جوانان داشته است.



چالش‌های پیش رو

۱. فرهنگ مصرف محدود در بازار داخلی:

آشنایی کم مردم با خواص صدف و مروارید باعث ضعف تقاضا در بازار داخلی شده است. برای افزایش مصرف داخلی، نیاز به کمپین‌های آموزشی و بازاریابی گسترده‌تری است که هزینه‌ها و زمان زیادی را می‌طلبد.

۲. چالش‌های مالی و سرمایه‌گذاری:

هزینه‌های اولیه بالا و دسترسی محدود به تسهیلات بانکی رشد شرکت را کند کرده است. این چالش به ویژه برای شرکت‌های فعال در صنایع نوآورانه مانند آبزی‌پروری که نیاز به سرمایه‌گذاری‌های زیاد دارند، به دلیل پشتیبانی محدود مشکل‌ساز است.

چالش‌های قانونی و نظارتی:

فرآیند طولانی دریافت مجوزها و تغییرات مکرر مقرات از موانع اصلی توسعه این صنعت به شمار می‌رود. شرکت‌های فعال در این صنعت نیازمند مجوزهایی از سازمان‌های مختلف نظیر محیط‌زیست، شیلات و بهداشت هستند که اخذ آن‌ها ممکن است زمان‌بر و پرهزینه باشد.

اگر حمایت‌های لازم از سوی نهادهای دولتی و بخش خصوصی صورت گیرد، می‌توان انتظار داشت که ایران در آینده نزدیک به یکی از قطب‌های مهم تولید و صادرات مروارید و محصولات مرتبط در منطقه تبدیل شود. این مسیر نه تنها از نظر اقتصادی بلکه فرهنگی و زیست‌محیطی نیز بسیار مهم و الهام‌بخش است.

چشم‌انداز آینده

۱. افزایش ظرفیت و صادرات:

با ۱۳۰۰ قفس پرورشی و ظرفیت فعلی ۲۰ تن در سال، برنامه شرکت افزایش تولید تا ۴۰ تن و صادرات به کشورهای منطقه است.

۲. نوآوری محصولی:

توسعه تولید مرواریدهای رنگی و فرآوری پوسته‌ها برای صنایع آرایشی و مکمل‌های کلسیم.

۳. تبدیل به برند ملی:

زیست بانان تاکنون جوایزی همچون رتبه اول استارت‌آپ شیلاتی ۱۳۹۸ را کسب کرده و هدفش تبدیل شدن به برند ملی در زیست فناوری دریایی است.

۴. جذب سرمایه‌گذاری و فناوری‌های هوشمند:

برنامه ریزی برای ایجاد مزارع هوشمند و بهره‌گیری از هوش مصنوعی در مدیریت رشد صدف‌ها از برنامه‌های آینده شرکت است.

شرکت دانش‌بنیان زیست‌بانان توران سیراف نمادی از توانمندی ایران در خلق فناوری‌های نوین از ظرفیت‌های طبیعی است. این شرکت با به‌کارگیری دانش بومی و فناوری‌های پیشرفته، مسیر تولید پایدار، اشتغال‌زایی و ارزآوری را در حوزه زیست‌فناوری دریایی هموار کرده است.

تجربه‌های دانشجویی

۳



۱. نگارخانه آزمایشگاه

لحظات آزمایشگاهی!

مجموعه‌ای از عکس‌های واقعی دانشجویان در محیط آزمایشگاهی



۲. تجربه‌های کارآموزی

آزمایشگاه از نزدیک

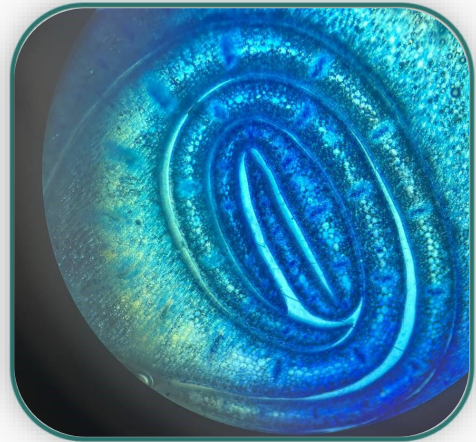
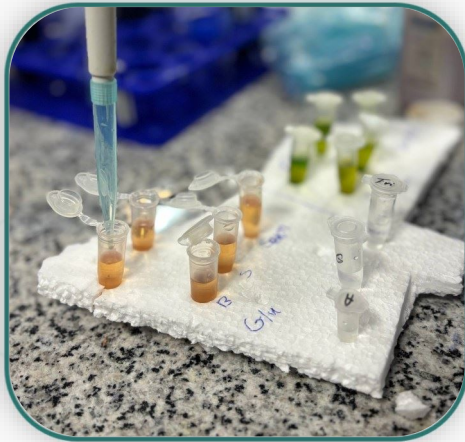
مروری کوتاه بر کارآموزی در پژوهشکده زیست‌فناوری



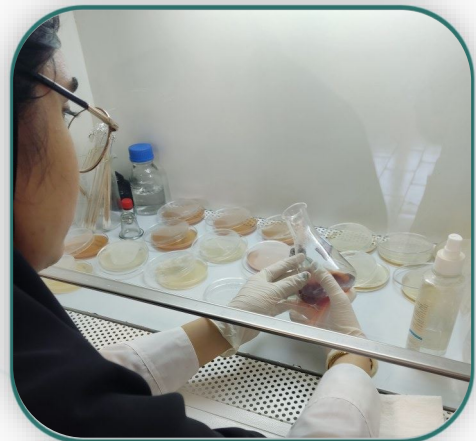
لحظات آزمایشگاهی!

موقعیت های آزمایشگاه از نگاه دوربین شما...

عکس های ارسالی از زهرا ناجی

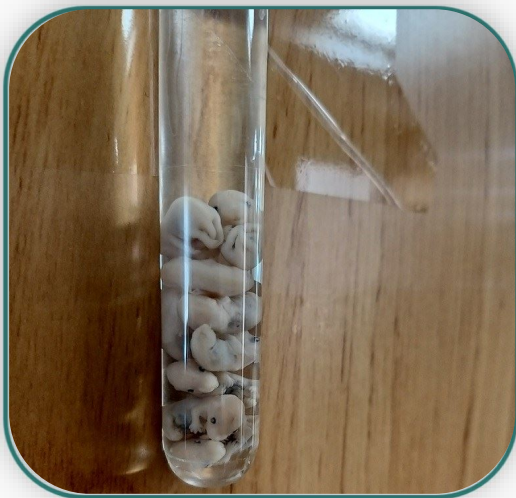


عکس های ارسالی از فیروزه حسنی





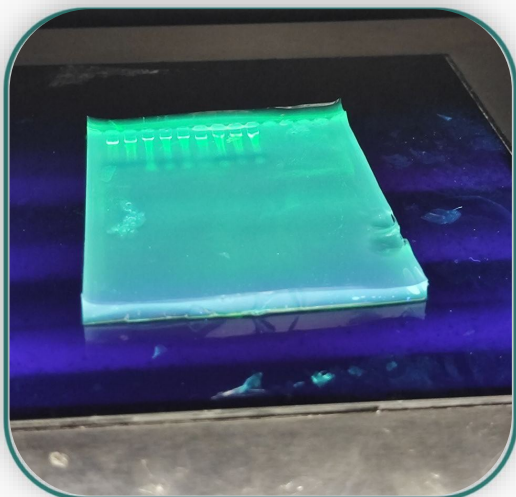
عکس های ارسالی از محدثه رضائی



عکس ارسالی از معصومه رضائی



عکس ارسالی از ریحانه بهروزی



عکس ارسالی از آرزو علیپور



عکس ارسالی از فائزه غلامیان



آزمایشگاه از نزدیک

تجربه های واقعی کارآموزی دانشجویان

۱. معرفی محل کارآموزی

محل کارآموزی من «پژوهشکده زیست فناوری» بود؛ مرکزی تحقیقاتی، دولتی و نسبتاً بزرگ که بخش های مختلف زیستی را در بر می گرفت.

پذیرش در این مرکز از طریق معرفی استاد، پیگیری های شخصی و ارائه نامه ی رسمی از دانشگاه انجام شد.

۲. فعالیت ها و مهارت ها

در ابتدا فعالیت من بیشتر به مشاهده و یادداشت برداری محدود می شد، اما به مرور، با نظارت اساتید شروع به انجام آزمایش ها کردم و در نهایت توانستم به صورت مستقل کارها را پیش ببرم.

مهارت هایی که در این دوره فرا گرفتم شامل کشت سلول، استخراج DNA و RNA، سنتز cDNA و انجام واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR) بود.

تجربه ی من در ابتدا با آموزش های تئوری همراه بود و به تدریج به سمت فعالیت های کاملاً عملی سوق پیدا کرد.

۳. نکات پیش از شروع

پیش از آغاز کار، داشتن اطلاعات پایه ای درباره ی کار با میکروسکوپ و تهیه محلول ها مفید بود، اما برای بعضی بخش ها مانند کشت سلول، هیچ پیش زمینه ای نداشتم. خوشبختانه آموزش ها در محیط کار به گونه ای بود که کمبود پیش زمینه، مانع پیشرفت من نشد.

پیشنهاد می کنم دانشجویان پیش از شروع، مروری کلی بر مباحث پایه ای داشته باشند تا در فرآیند یادگیری سریع تر پیش بروند.

نویسنده



زینب اسماعیلی پیا
کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی
eszeinab908@gmail.com

۴. فضای انسانی و یادگیری

تعامل با اساتید، کارشناسان آزمایشگاه و دانشجویان تحصیلات تکمیلی بسیار خوب، صمیمانه و همراه با راهنمایی‌های دلسوزانه بود. فرصت پرسش‌گری حتی در مورد سؤالات ابتدایی نیز فراهم بود و برخوردها بسیار محترمانه و پشتیبانانه صورت می‌گرفت. فضای کلی مرکز، آموزشی و پویا بود و انگیزه‌ی یادگیری را در من تقویت کرد.

۵. پیشنهاد شخصی

با اطمینان این محل را برای کارآموزی پیشنهاد می‌کنم؛ چرا که آموزش‌های عملی به‌ویژه در زمینه‌ی تست‌های مولکولی به‌صورت کاربردی و دقیق ارائه می‌شد. این مرکز برای دانشجویان گرایش‌های زیست‌شناسی سلولی و مولکولی، زیست‌فناوری و بیوشیمی بسیار مناسب است. پیشنهاد می‌کنم دانشجویان بعدی با آمادگی ذهنی برای یادگیری و تعامل سازنده وارد این فضا شوند.

۶. ارزیابی نهایی

تجربه‌ی کارآموزی در این پژوهشکده برای من بسیار مفید و راهگشا بود. آشنایی با اساتید، امکان آزمون و خطا در فضایی بدون استرس و همراهی تیم، باعث شد مسیر تحصیلی و علاقه‌مندی‌های حرفه‌ای خودم را بهتر بشناسم.

سطح رضایت من: ۹ از ۱۰

معرفی نرم افزارهای بیوانفورماتیک

۱۳



۱. معرفی یک نرم افزار بیوانفورماتیکی

معرفی و آموزش نرم افزار BLAST

جستجوی هوشمند توالی‌ها



۲. معرفی برترین دوره‌های آموزشی و کتاب‌های بیوانفورماتیک

آکادمی قاصدک

معرفی دوره‌های آموزشی



معرفی و آموزش نرم افزار BLAST



نویسنده



فاطمه سینا
کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی
fatemehsina777@gmail.com

در دنیای پیچیده و گسترده‌ی زیست‌مولکولی، یکی از کلیدی‌ترین راه‌ها برای درک عملکرد ژن‌ها و پروتئین‌ها، مقایسه‌ی توالی آن‌هاست. شباهت میان توالی‌های DNA یا پروتئین می‌تواند نشانه‌ای از همولوژی^۱ (خویشاوندی تکاملی) باشد و از این طریق می‌تواند سرنخ‌هایی ارزشمند درباره‌ی عملکرد، ساختار و منشأ مولکول‌های زیستی در اختیار ما قرار دهد. برای مثال، اگر یک توالی ناشناخته شباهت زیادی با ژنی در گونه‌ای دیگر داشته باشد، می‌توان با اطمینان نسبی عملکرد آن را پیش‌بینی کرد.

در این میان، ابزارهایی مانند BLAST (مخفف *Basic Local Alignment Search Tool*) انقلابی در حوزه‌ی بیوانفورماتیک ایجاد کرده‌اند. BLAST یک نرم‌افزار قدرتمند و پیشرفته برای جستجو و مقایسه‌ی توالی‌ها در پایگاه‌های داده‌ی عظیم زیستی است که نخستین بار در سال ۱۹۹۰ توسط استفن آلتشول معرفی شد. با وجود واژه‌ی «پایه‌ای: *Basic*» در نام آن، BLAST در عمل یکی از پیشرفته‌ترین و پرکاربردترین ابزارها برای تحلیل شباهت توالی‌ها به شمار می‌آید. سرعت بالا، دقت آماری، انعطاف‌پذیری در انواع سناریوهای تحلیل و همچنین سادگی رابط کاربری آن در پایگاه داده‌ی NCBI، از جمله دلایل محبوبیت گسترده‌ی این ابزار هستند.

پایگاه داده‌ی GenBank در مرکز ملی اطلاعات زیست‌فناوری (NCBI)، شامل میلیون‌ها توالی DNA، RNA و پروتئین از موجودات مختلف است. خانواده‌ی ابزارهای BLAST در سایت NCBI این امکان را می‌دهد که توالی‌های ناشناخته را با تمامی توالی‌های ثبت‌شده در GenBank مقایسه کنیم و توالی‌هایی را بیابیم که با آن‌ها شباهت دارند.

منابع



¹Homology □

BLAST



BLAST در یک نگاه

۱. وارد سایت blast.ncbi.nlm.nih.gov شوید.
 ۲. نوع BLAST را انتخاب کنید (مثل Nucleotide یا Protein BLAST)
 ۳. توالی خود را وارد کنید (DNA یا پروتئین)
 ۴. پایگاه داده پیش فرض را تأیید یا تنظیمات را شخصی سازی کنید.
 ۵. روی "BLAST" بزنید و منتظر نتایج بمانید.
 ۶. نتایج را از تب‌های Summary Graphic, Descriptions و Alignments بررسی کنید.
- پیشنهاد: با BLASTN یا BLASTP شروع کنید — ساده و پرکاربردند.

An official website of the United States government. [Here's how you know.](#)

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information [Log in](#)

BLAST® [Home](#) [Recent Results](#) [Saved Strategies](#) [Help](#)

Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance. [Learn more](#)

NEWS
ClustedNR database on BLAST+
The ClustedNR database is now available for BLAST+
Thu, 24 Aug 2023 [More BLAST news...](#)

Web BLAST

Nucleotide BLAST
nucleotide → nucleotide

blastx
translated nucleotide → protein

tblastn
protein → translated nucleotide

Protein BLAST
protein → protein

کاربردهای BLAST

شناسایی توالی‌های ناشناخته

با مقایسه‌ی توالی‌های جدید یا ناشناخته با توالی‌های معتبر موجود در پایگاه‌های داده، می‌توان عملکرد احتمالی ژن‌ها یا پروتئین‌ها را پیش‌بینی و تعیین کرد.



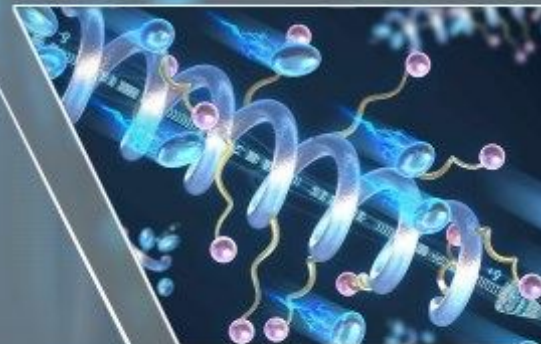
تحلیل فیلوژنتیک^۲ (درخت تکاملی)

به شناسایی شباهت‌های تکاملی میان گونه‌ها کمک می‌کند و از این طریق در بازسازی BLAST درخت‌های تکاملی و بررسی روابط فیلوژنتیکی نقش مهمی ایفا می‌کند.



یافتن دومین‌های ساختاری و عملکردی محافظت‌شده

با جستجوی بخش‌های مشابه در پروتئین‌های مختلف، می‌توان دومین‌هایی را که در طول تکامل حفظ شده‌اند و معمولاً مسئول یک عملکرد خاص‌اند - شناسایی نمود و در نتیجه عملکرد پروتئین‌ها را بهتر پیش‌بینی کرد.



در دنیای BLAST پنج نوع اصلی (واریانت) وجود دارد که با توجه به نوع توالی که داریم (Query) و پایگاه داده (Database) نوکلئوتیدی یا پروتئینی — از هم متمایز می‌شوند، با این پنج نوع BLAST می‌توانید بسته به نوع داده و هدف پژوهش، مناسب‌ترین روش را انتخاب کرده و دقیق‌ترین هم‌ترازی‌ها را به دست آورید:

BLASTN.۱

این نوع، توالی نوکلئوتیدی (Query) را با توالی‌های نوکلئوتیدی موجود در پایگاه داده مقایسه می‌کند.

کاربرد: وقتی می‌خواهید ببینید یک قطعه DNA در چه نواحی از ژنوم‌های دیگر یافت می‌شود.

BLASTP.۲

در این حالت، توالی پروتئینی (Query) با پایگاه داده‌ی پروتئین‌ها هم‌تراز (تطابق) می‌شود.

کاربرد: برای یافتن همولوگ‌های^۳ (مشابه) احتمالی یک پروتئین و تحلیل ساختار یا عملکرد آن.

BLASTX.۳

توالی نوکلئوتیدی ابتدا در شش فریم ترجمه می‌شود (سه فریم روی رشته اصلی و سه فریم روی رشته مکمل) و سپس هریک از این ترجمه‌ها با پایگاه داده‌ی پروتئین‌ها تراز (Alignment) می‌گردد.

کاربرد: وقتی می‌خواهید عملکرد بالقوه‌ی یک قطعه DNA را به صورت پروتئین پیش‌بینی کنید. مثلاً در جستجوی ژن‌های پنهان در یک توالی RNA خام.

TBLASTN.۴

این بار نوبت به توالی پروتئینی می‌رسد که می‌خواهد با پایگاه داده‌ی نوکلئوتیدی هم‌تراز شود. برای این کار، توالی‌های نوکلئوتیدی هر دو رشته در شش فریم ترجمه شده و با پروتئین ما (Query) تراز می‌شوند. کاربرد: وقتی یک پروتئین شناخته شده را بر روی ژنوم‌های خام یا مجموعه‌های RNA آزمایشی جستجو می‌کنید.

TBLASTX.۵

در این واریانت^۴، هر دو توالی و پایگاه داده به صورت شش فریم ترجمه می‌شوند و سپس ترجمه‌های آن‌ها با هم هم‌تراز می‌گردند. کاربرد: برای مقایسه‌ی حساس‌تر میان دو نوع توالی نوکلئوتیدی، به خصوص در مقایسه‌ی ژنوم گونه‌هایی که فاصله‌ی تکاملی زیادی با هم دارند.

³Homologous □

⁴variant □

تفسیر نتایج BLAST

در ادامه، با بررسی دقیق، به سادگی می‌توانید رازهای نهفته در شباهت‌های ژنتیکی را کشف کنید و از داده‌های علمی ارزشمندی بهره‌مند شوید.

:Descriptions Tab

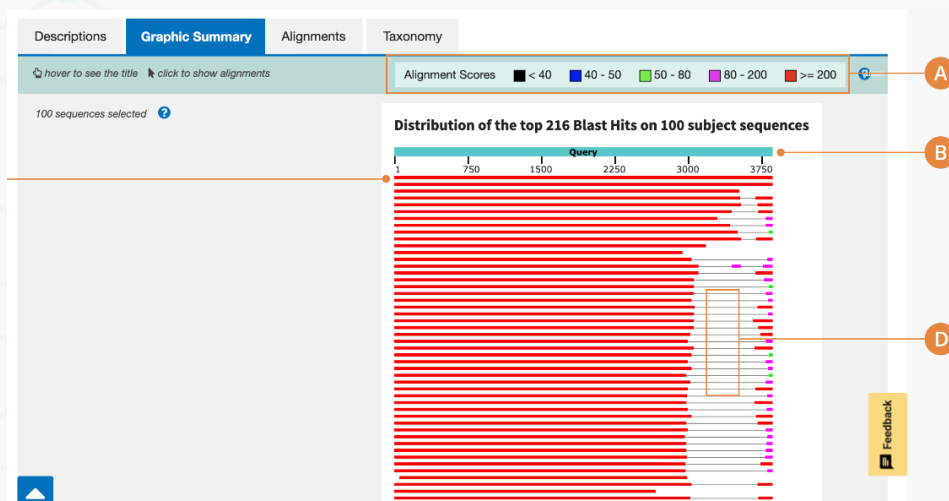
جدول زیر شامل فهرستی از تمام توالی‌هایی است که با توالی مورد جستجو شباهت دارند. همچنین، شاخص‌هایی برای ارزیابی کیفیت این تطابق‌ها در جدول ارائه شده است.

BLAST Metrics

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
Sequences producing significant alignments								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected								
		Download	Select columns	Show 100				
		GenBank	Graphics	Distance tree of results				
		MSA Viewer						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus complete genome isolate TTV-HD18a (nr0703)	Torque teno virus	7127	7127	100%	0.0	100.00%	3859	FR751489.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus complete genome isolate TTV-HD18z (nr0705)	Torque teno virus	7005	7005	100%	0.0	99.43%	3860	FR751490.1
<input checked="" type="checkbox"/> Anelloviridae sp. isolate SP8_C8 complete genome	Anelloviridae sp.	5688	5688	91%	0.0	95.89%	3585	MZ285992.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-75-219 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	5236	5540	95%	0.0	93.50%	3707	MN765939.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-765-2 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	5227	5472	95%	0.0	93.36%	3694	MN768131.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-562-2 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	5123	5476	93%	0.0	93.52%	3628	MN765915.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-304-7 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	5090	5219	87%	0.0	94.55%	3370	MN765878.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-640-1 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	5068	5202	90%	0.0	93.37%	3506	MN765928.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-98-7 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	4800	4877	91%	0.0	91.44%	3549	MN765950.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus strain ydyz1-6462 complete genome	Torque teno virus	4737	4988	96%	0.0	90.82%	3732	MT783405.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-397-4 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	4680	4680	82%	0.0	93.25%	3211	MN765892.1
<input checked="" type="checkbox"/> Anelloviridae sp. isolate SP3_C8 complete genome	Anelloviridae sp.	4636	4636	76%	0.0	95.12%	2968	MZ285980.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-319-3 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	4536	4639	80%	0.0	93.65%	3093	MN765881.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-SA-0 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	4525	4874	85%	0.0	93.02%	3290	MN767702.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-401-1 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	4503	4779	84%	0.0	92.88%	3287	MN765893.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-630A-11 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	4473	4639	81%	0.0	93.10%	3147	MN765897.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-811-17E ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	4464	4539	80%	0.0	93.05%	3099	MN768143.1
<input checked="" type="checkbox"/> Torque teno virus isolate SA6A-766-263 ORF1 gene complete cds	Torque teno virus	4462	4596	81%	0.0	93.04%	3130	MN765940.1

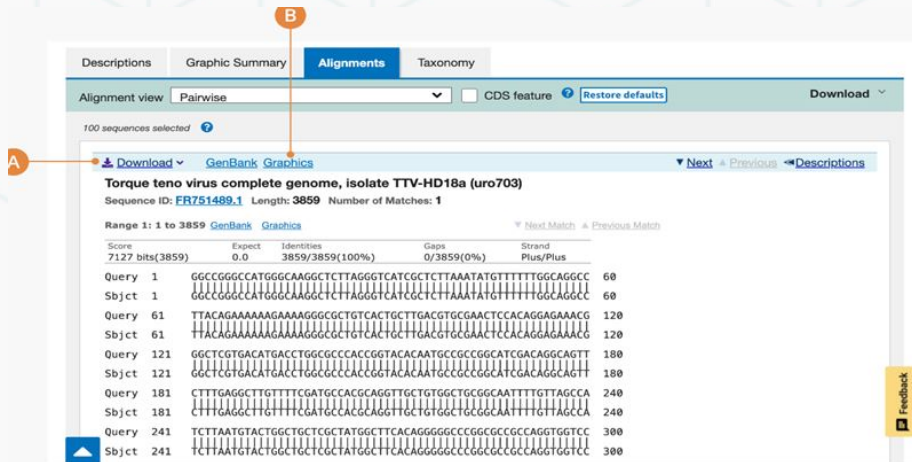
Graphic Summary Tab

در این بخش می‌توانید تراز (alignment) بین توالی موردنظر خود و توالی‌های مشابه موجود در پایگاه داده را به صورت تصویری و شماتیک ببینید. این نمای گرافیکی، جایگاه و طول نواحی‌ای را که توالی شما با دیگر توالی‌ها هم‌پوشانی دارد، با رنگ‌ها و نوارهای مختلف نشان می‌دهد. با یک بررسی دقیق، می‌توان به شناسایی تطابق‌های قوی و ضعیف پرداخت و همچنین بخش‌های مختلف توالی که در این تطابق‌ها نقش دارند را تحلیل نمود.



(Alignments Tab)

اگر می‌خواهید دقیق‌تر ببینید که توالی‌ها چطور روی هم منطبق شده‌اند، به زبانه‌ی ترازها بروید. نوع تراز نمایش داده‌شده بستگی به نوع BLAST دارد؛ ممکن است تطابق بین نوکلئوتیدها یا بین آمینواسیدها باشد.



در پایان، BLAST به عنوان یک ابزار پیشرفته در عرصه بیوانفورماتیک شناخته می‌شود؛ ابزاری که با سرعت بالا و دقت آماری فوق‌العاده، مرزهای دانش ما را در زمینه شباهت‌های ژنتیکی گسترش می‌دهد. بدون شک، این ابزار کلیدی بیوانفورماتیکی، به عنوان پایه و اساس هر پژوهش در حوزه ژنتیک و پروتئومیک عمل می‌کند و امکان آشکارسازی واقیعت‌های نهفته در داده‌های زیستی را با دقت و سرعت فراهم می‌آورد.

BLAST، فقط یک ابزار درسی یا تئوری نیست؛ در واقع، در خط مقدم علم مدرن ایستاده است. از ردیابی واریانت‌های ویروس کرونا گرفته تا کشف ژن‌های سرطان‌زا، طراحی واکسن‌های mRNA و حتی تحلیل ژن‌های ناشناخته در زیست‌بوم‌های ناشناخته، BLAST ابزاری حیاتی برای هر پژوهشگر زیستی است.

اگر دنبال درک عمیق‌تر ژن‌ها، بیماری‌ها یا طراحی دارو هستید، یادگیری BLAST دیگر یک انتخاب نیست، یک ضرورت است.



آکادمی قاصدک

معرفی دوره‌های آموزشی

نویسنده



زهرا موحد
کارشناسی زیست‌شناسی سلولی و مولکولی
zhranvhd336@gmail.com

«قاصدک» یکی از برترین آکادمی‌های آموزش بیوانفورماتیک است. دوره‌های این آکادمی از پایه آغاز می‌شوند و به تدریج به شاخه‌های تخصصی‌تر گسترش می‌یابند. جامعیت مطالب، همراه با بیان نکات کاربردی در حوزه بیوانفورماتیک، از مهم‌ترین مزیت‌های این دوره‌هاست. با این حال، محبوبیت آکادمی قاصدک بیش از هر چیز به دلیل آموزش تکنیک‌ها و نرم‌افزارهای روز دنیا با تمرکز ویژه بر زیست‌شناسی مولکولی است. نقشه راه شرکت در دوره‌ها:

اگر ترم شش یا بالاتر هستید، پیشنهاد می‌شود ابتدا در دوره جامع «بیوانفورماتیک کاربردی» شرکت کنید. برخی از سرفصل‌های این دوره عبارت‌اند از: بررسی ساختار ژنوم، توالی‌یابی نسل اول و دوم، تحلیل‌های پیشرفته مانند BLAST و هم‌ترازسازی توالی‌ها. علاوه بر این، آشنایی با پایگاه‌داده‌های مهم نوکلئوتیدی و پروتئینی، روش جست‌وجو در آن‌ها و تحلیل‌های تخصصی مانند آنالیز داده‌های ژنومی و پروتئینی نیز از مباحث این دوره هستند. این دوره در ۱۰ فصل و با ۱۴ ساعت آموزش برای شما تهیه شده است.

پس از آنکه به الفبای بیوانفورماتیک و نمای کلی آن مسلط شدید، وقت آن می‌رسد که یکی از زبان‌های برنامه‌نویسی پایتون یا R را انتخاب کرده و یادگیری آن را آغاز کنید. «دوره پایتون و پایو پایتون» علاوه بر آموزش پایه‌ای پایتون، شما را وارد دنیای بیوانفورماتیک کرده و چگونگی استفاده از ابزارهای قدرتمند پایو پایتون را آموزش می‌دهد. این دوره پایتون را به صورت اختصاصی در راستای کتابخانه‌های زیستی پیش می‌برد و در ۲۵ فصل و ۱۸ ساعت آموزش طراحی شده است.

در دوره «برنامه‌نویسی با R و آنالیز داده‌های بیولوژیک»، با مفاهیم برنامه‌نویسی و نحوه استفاده از R برای تحلیل داده‌های زیستی آشنا می‌شوید. اما قاصدک دوره‌های مجزایی نیز برای کلونینگ مولکولی ارائه داده است. دوره «Benchling» که به کلونینگ مولکولی با پلتفرم Benchling می‌پردازد، نحوه استفاده از این ابزار قدرتمند برای طراحی، تحلیل و مستندسازی کل فرایند کلونینگ را آموزش می‌دهد.

دوره «تکنیک‌های پیشرفته کلونینگ مولکولی در سینتیک بیولوژی و مهندسی ژنتیک» نیز از دوره‌های بسیار قوی برای دانشجویان دکتری در حوزه کلونینگ است.

همچنین دوره‌های «آنالیز داده‌های NGS»، «آنالیز داده‌های «Real-Time PCR, RNA-seq»»، «طراحی پرایمر و PCR» و بسیاری از دوره‌های ارزشمند دیگر نیز برای علاقه‌مندان این حوزه تهیه شده‌اند.

منابع



کسب و کارهای زیستی و کارآفرینی

۵



۱. معرفی کسب و کارهای زیستی

میکرو جلبک ها

زیست فناوری سبز و درآمدزا



میکرو جلبک‌ها

خواص تغذیه‌ای، پزشکی و تحلیل بازار در اروپا و آمریکا

میکرو جلبک‌ها، مانند کلرلا (Chlorella) و اسپیرولینا (Spirulina)، به دلیل غنای تغذیه‌ای و پزشکی، در اروپا و آمریکا به عنوان مکمل‌های غذایی و درمانی مورد توجه قرار گرفته‌اند. این موجودات میکروسکوپی سرشار از پروتئین، اسیدهای چرب ضروری، ویتامین‌ها، مواد معدنی و آنتی‌اکسیدان‌ها هستند و به دلیل پتانسیل در بهبود سلامت و تغذیه پایدار، بازار روبه‌رشدی دارند [۱، ۲]. این مقاله به بررسی خواص تغذیه‌ای و پزشکی میکرو جلبک‌ها، وضعیت بازار در اروپا و آمریکا، شواهد بالینی، پیشرفت‌های ایران و چشم‌انداز جهانی می‌پردازد.

بررسی اجمالی بازار اروپا و آمریکا

آمار بازار (USD, CAGR):

بازار جهانی میکرو جلبک‌ها در سال ۲۰۲۳ حدود ۳.۲ میلیارد دلار ارزش داشت و پیش‌بینی می‌شود تا سال ۲۰۳۰ با نرخ رشد ترکیبی سالانه 8.5 (CAGR) به ۵.۷ میلیارد دلار برسد [۳]. در اروپا، ارزش بازار در سال ۲۰۲۳ حدود ۱.۱ میلیارد دلار بود (CAGR 7.8) و در آمریکا (ایالات متحده و کانادا) ۱.۴ میلیارد دلار [۳] (CAGR 9.2). این رشد به دلیل تقاضای روبه‌رشد برای مکمل‌های طبیعی، محصولات آرایشی و کاربردهای صنعتی مانند بیوفیول است.

نویسنده



سحرناز سپهری فرد
دانشجوی داروسازی
University of Pécs
soozy1383@gmail.com

منابع



یافته‌های کلی در اروپا و آمریکا

وضعیت دسترسی:

محصولات میکروجلبک در اروپا و آمریکا در داروخانه‌ها، فروشگاه‌های مواد غذایی سالم و پلتفرم‌های آنلاین مانند Amazon و iHerb در دسترس هستند [۱۳]. با این حال، دسترسی در مناطق روستایی محدود است [۱۴]. در آمریکا، کالیفرنیا و نیویورک مراکز اصلی توزیع هستند و در اروپا، برلین، پاریس و آمستردام عرضه گسترده‌ای دارند [۱۴].

تحلیل چالش‌ها:

چالش‌های اصلی شامل موارد زیر است:

- هزینه‌های تولید بالا: فناوری‌های پیشرفته مانند فتوبایوراکتورها هزینه‌بر هستند [۱۵].
- آگاهی ناهمگن: آگاهی در مناطق شهری بالاست، اما در مناطق روستایی محدود است [۱۶].
- مقررات سختگیرانه: استانداردهای اتحادیه اروپا و FDA عرضه محصولات جدید را کند می‌کنند [۱۷].

کشورهای پیشرو:

در اروپا، آلمان، فرانسه، هلند و اسپانیا پیشتاز هستند. آلمان با فناوری زیستی پیشرفته و هلند با نوآوری در فتوبایوراکتورها بازار را هدایت می‌کنند [۵]. در آمریکا، ایالات متحده با شرکت‌هایی مانند Cyanotech و Earthrise Nutritionals و تقاضای بالای محصولات ارگانیک، نقش کلیدی دارد [۶]. کانادا نیز با سرمایه‌گذاری در تحقیقات و تولید پایدار، در حال رشد است [۷].

فواید علمی

مکمل‌های کلرلا و اسپیرولینا:

کلرلا حاوی ۶۰٪ پروتئین، کلروفیل، ویتامین‌های گروه B، آهن و فیبر است [۱]. اسپیرولینا با ۷۰٪ پروتئین، فیکوسیانین (آنتی‌اکسیدان قوی) و اسیدهای چرب امگا-۳ و امگا-۶، به بهبود سلامت کمک می‌کند [۲]. این میکروجلبک‌ها با خواص آنتی‌اکسیدانی، ضدالتهابی و تقویت‌کننده سیستم ایمنی، در پیشگیری از بیماری‌هایی مانند دیابت نوع ۲، بیماری‌های کبدی و کلسترول بالا مؤثر هستند.

شواهد بالینی:

مطالعات بالینی اثربخشی کلرلا و اسپیرولینا را تأیید کرده‌اند. در آمریکا، مصرف روزانه کلرلا به مدت سه ماه، التهاب و آنزیم‌های کبدی را در بیماران کبد چرب غیرالکلی کاهش داد [۱۰]. در اروپا، اسپیرولینا با بهبود حساسیت به انسولین و کاهش کلسترول LDL، در مدیریت دیابت نوع ۲ مؤثر بود [۱۱]. همچنین، اسپیرولینا در مطالعه‌ای با ۸۷ نفر، ضایعات پیش‌سرطانی دهان را تا ۴۵٪ کاهش داد [۲]. با این حال، نیاز به تحقیقات بیشتر برای تأیید اثرات بلندمدت و دوزهای بهینه وجود دارد.

تحلیل بازار اروپا و آمریکا

بازار میکرو جلبک‌ها در آمریکا و اروپا، با وجود رشد موازی، تفاوت‌های بنیادینی دارد:

آمریکا:

رشد سریع‌تر بازار به دلیل فرهنگ قوی مصرف مکمل‌های ارگانیک، حضور شرکت‌های بازاریابی‌محور مانند Cyanotech و Earthrise و رویکرد لیبرال‌تر FDA در عرضه مکمل‌هاست. پلتفرم‌های آنلاین مانند Amazon و Whole Foods نیز تقاضا را تقویت کرده‌اند [۱۸].

اروپا:

تمرکز بیشتر بر کاربردهای صنعتی (مانند بیوفیول و بیوپلاستیک) به دلیل سرمایه‌گذاری دولتی در انرژی‌های تجدیدپذیر و پروژه‌های تحقیقاتی دانشگاهی در کشورهایی مانند آلمان و هلند است. مقررات سختگیرانه‌تر اتحادیه اروپا عرضه مکمل‌ها را کندتر می‌کند [۱۹]. با این حال، تلاش‌هایی برای توسعه این حوزه در حال انجام است.

وب سایت‌ها و پایگاه‌های اطلاعاتی از جمله (EABA انجمن زیست توده جلبک اروپا) به جذب علاقه‌مندان نشر اخبار علمی جدید کمک می‌کنند.

شکل ۲. EABA - European Algae
Biomass Association



در مجموع، آمریکا در تجاری‌سازی مکمل‌های غذایی پیش‌تاز است، اما اروپا با عمق علمی در تحقیق و توسعه کاربردهای پایدار، پتانسیل نوآوری بیشتری دارد. ترکیب این رویکردها می‌تواند بازار جهانی پایداری را شکل دهد.

چالش‌های اصلی:

- کمبود زیرساخت‌های پیشرفته
- هزینه‌های بالای تولید
- آگاهی عمومی پایین

با این حال، پتانسیل ایران به دلیل شرایط اقلیمی مناسب (نور خورشید فراوان) و دسترسی به خلیج فارس که منبعی غنی از جلبک‌ها و ریزجلبک‌هاست، فرصت‌های مناسبی برای توسعه این صنعت فراهم کرده است [۲۷].

چشم‌انداز جهانی:

چشم‌انداز جهانی میکروجلبک‌ها بسیار امیدوارکننده است. تقاضای روبه‌رشد برای محصولات پایدار و سالم، همراه با پیشرفت‌های فناورانه در کشت و فرآوری، بازار میکروجلبک‌ها را تا سال ۲۰۳۰ به بیش از ۵.۷ میلیارد دلار خواهد رساند [۳]. کاربردهای نوظهور مانند تولید بیوفیول، تصفیه پساب، و بیوپلاستیک، همراه با افزایش مصرف مکمل‌های غذایی، این صنعت را به یکی از پیشروترین حوزه‌های زیست‌فناوری تبدیل کرده است. همکاری بین‌المللی، کاهش هزینه‌های تولید و افزایش آگاهی عمومی می‌تواند این رشد را تسریع کند [۲۳].

جمع‌بندی و پیشنهاد:

میکروجلبک‌ها، به‌ویژه کلرلا و اسپیرولینا، با خواص تغذیه‌ای و پزشکی برجسته، پتانسیل بالایی برای بهبود سلامت عمومی دارند. بازار این محصولات در اروپا و آمریکا در حال رشد است، اما چالش‌هایی مانند هزینه‌های تولید و آگاهی محدود همچنان وجود دارد. در ایران، این صنعت در مراحل ابتدایی است، اما پتانسیل بالایی دارد.

پیشنهادات:

تقویت کمپین‌های آموزشی

همکاری با خرده‌فروشی‌ها

تحقیقات مشترک بین‌المللی

ارائه مشوق‌های مالی برای تولیدکنندگان

این اقدامات می‌توانند میکروجلبک‌ها را به بخشی جدایی‌ناپذیر از رژیم غذایی و صنایع پایدار آینده تبدیل کنند.

معرفی و بررسی گرایش‌های ارشد



۱. گرایش ارشد زیر ذره‌بین

ژنتیک بهداشت یا علوم؟!
مسیرهای تحصیلی و تفاوت وزارت علوم و بهداشت



ژنتیک بهداشت یا علوم!؟

بررسی ارشد رشته ژنتیک با تمرکز بر تفاوت های
موجود میان وزارت علوم و وزارت بهداشت

معرفی ژنتیک

علم ژنتیک به پیشگیری و تشخیص بیماری های ژنتیکی قبل و بعد از تولد، عوامل ژنتیکی و وراثتی بیماری هایی از قبیل سرطان، شناسایی ناقلین بیماری های مختلف، مشاوره ی ژنتیکی، ژن درمانی، نقش ژنتیک در شکل گیری رفتارهای افراد، شناسایی و پایش جمعیت های ژنتیکی و نژادهای انسانی مختلف، اصلاح نژاد، ژنتیک مولکولی و حتی پزشکی قانونی می پردازد. (سایت ۳ گام)

نویسنده



فاطمه عباسیان
کارشناسی زیست شناسی سلولی و مولکولی
fatemeh.abbassian78@gmail.com

تفاوت در (گرایش ها / محتوای درسی)

وزارت علوم: گرایش های گسترده تری مانند: ژنتیک گیاهی، جانوری، میکروبی، انسانی از منظر علوم پایه دارد و تاکید روی نظریه ها، تکنیک های پژوهشی و مباحث بنیادی بیشتر است و واحدهای تحقیقاتی/پایان نامه و کار با پروژه های آزمایشگاهی تحقیقاتی پررنگ تر است. اگر هدفان پژوهش دکتری و کار آکادمیک یا صنعت تحقیقاتی است، وزارت علوم معمولاً مناسب تر است.

وزارت بهداشت: تمرکز اصلی روی (ژنتیک انسانی/پزشکی) و توسعه خدمات تشخیصی و مشاوره ای در بیمارستان ها و مراکز سلامت است. در این رشته به بررسی ژنوم انسان در زمینه بررسی بیماری های ژنتیکی و شناسایی جهش ها، ژنتیک جمعیت، ژنتیک سرطان، مهندسی ژنتیک و جنبه های مولکولی و بیوشیمیایی ژن ها می پردازد و واحدهای عملی و موارد بالینی در آن بیشتر است.

منابع



شرایط ورود

- وزارت علوم (برنامه درسی): داوطلبان دارای مدرک کارشناسی در رشته های علوم زیستی / مرتبط که مدرکشان مورد تأیید وزارت علوم یا وزارت بهداشت باشد می توانند در آزمون ورودی طبق دفترچه سازمان سنجش آموزش کشور شرکت کنند.
- وزارت بهداشت: ارشد وزارت بهداشت از طریق سازمان (سنجش آموزش پزشکی) برگزار می شود و منابع / ضرایب ویژه ای دارد..

مسیر شغلی و کاربردهای هر شاخه

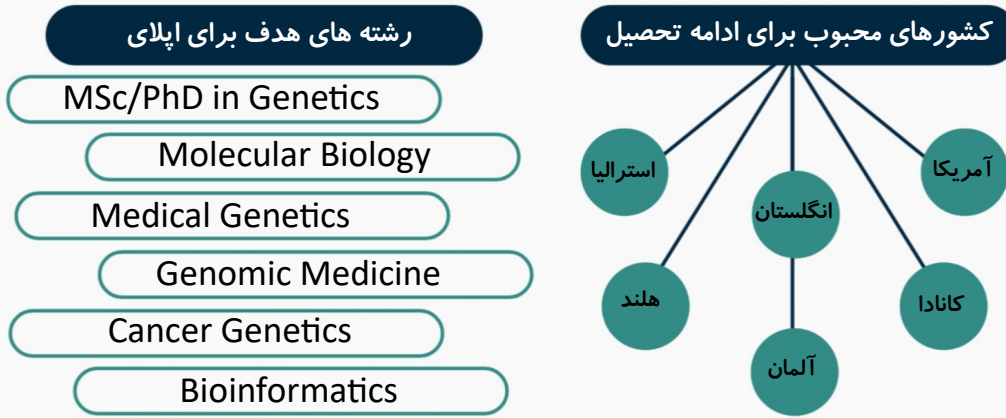
- در وزارت علوم، فارغ التحصیلان کارشناسی ارشد ژنتیک بیشتر در مسیر پژوهش و آموزش حرکت می کنند. بسیاری از آن ها پس از پایان دوره وارد مقطع دکتری شده و در پژوهشگاه ها، دانشگاه ها، و مراکز تحقیقاتی مانند انستیتو پاستور ایران، پژوهشگاه رویان، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری یا شرکت های دانش بنیان فعالیت می کنند. علاوه بر مسیر دانشگاهی، فرصت های شغلی در صنایع دارویی، بیوتکنولوژی، کشاورزی مولکولی و بیوانفورماتیک نیز برای این گروه وجود دارد. مهارت هایی مانند کشت سلول، استخراج DNA، مهندسی ژنتیک و طراحی آزمایش های مولکولی از مهارت های کلیدی مورد نیاز در این مسیر هستند.
- در مقابل، فارغ التحصیلان وزارت بهداشت مستقیماً با بیمار، خانواده و سلامت جامعه در ارتباط اند. تخصص آن ها در تشخیص بیماری های ژنتیکی، مشاوره ژنتیک، شناسایی ناقلین و تفسیر تست های مولکولی است. این گروه می توانند در آزمایشگاه های ژنتیک پزشکی، مراکز ناباروری، بیمارستان ها و کلینیک های مشاوره ژنتیک فعالیت کنند و با افزایش تقاضای آزمایش های ژنتیکی (به ویژه در ازدواج های فامیلی یا بیماری های ارثی)، بازار کار نسبتاً پایداری دارند. با این حال، کمبود زیرساخت ها، محدودیت در راه اندازی آزمایشگاه خصوصی و اشباع نسبی برخی کلان شهرها، از چالش های مسیر بالینی محسوب می شود.

فضای پژوهشی در دو وزارتخانه

- در وزارت علوم، پژوهش نقش محوری دارد. تمرکز اصلی بر پروژه های تحقیقاتی، پایان نامه های تجربی و کار در آزمایشگاه های پژوهشی است. در این مسیر، دانشجوی فرصت دارد در شاخه هایی مانند ژنتیک مولکولی، بیوانفورماتیک، ژنتیک گیاهی یا جانوری فعالیت کند و به تدریج برای ادامه در مقطع دکتری و کارهای تحقیقاتی آماده شود.
 - در مقابل، در وزارت بهداشت پژوهش ها بیشتر در راستای نیازهای بالینی و تشخیص بیماری های ژنتیکی طراحی می شوند. هرچند پتانسیل علمی و نیروی انسانی توانمند در این بخش زیاد است، اما محدودیت هایی مانند کمبود تجهیزات پیشرفته مانند اجرای گسترده ی توالی یابی نسل جدید یا NGS، تحریم ها و نبود زیرساخت منسجم برای پژوهش های کلینیکی، مانع از رشد سریع این حوزه شده است.
- به طور کلی، می توان گفت وزارت علوم بستری پژوهش محور و نظری فراهم می کند، در حالی که وزارت بهداشت مسیر پژوهش را به خدمت بالین و سلامت بیماران پیوند می زند.

مسیر بین المللی / فرصت های مهاجرت تحصیلی

اگر قصد مهاجرت تحصیلی داشته باشید، مسیر وزارت علوم مناسب تر است. و در کل رشته ژنتیک از رشته های جذاب برای اپلای است، به ویژه اگر دارای رزومه تحقیقاتی، مقاله، تسلط بر زبان انگلیسی و مهارت های مولکولی یا بیوانفورماتیک باشید.



بازار کار و درآمد ژنتیک در جهان:

ژنتیک یکی از آینده دارترین رشته ها در جهان است، به ویژه در ترکیب با بیوانفورماتیک، پزشکی شخصی و بیوتکنولوژی متخصصان ژنتیک در کشورهای توسعه یافته می توانند در بخش های تحقیقاتی، داروسازی، کلینیک های ژنتیک، یا شرکت های دانش بنیان فعالیت کنند.

میانگین درآمد سالانه در سال ۲۰۲۵:

آمریکا (US): حدود ۷۰ تا ۱۲۰ هزار دلار

اروپا (EU): حدود ۵۰ تا ۹۰ هزار یورو

البته میزان درآمد به مدرک، سابقه پژوهشی، مهارت های عملی و نوع تخصص (پژوهشی یا بالینی) بستگی دارد.

اما در ایران، بازار کار ژنتیک در حال رشد تدریجی است. از یک سو، افزایش آگاهی عمومی درباره بیماری های ژنتیکی، ازدواج های فامیلی و غربالگری پیش از تولد، تقاضا برای مشاوران و متخصصان ژنتیک را افزایش داده است. از سوی دیگر، توسعه شرکت های دانش بنیان، آزمایشگاه های ژنتیک مولکولی، و پروژه های بیوتک و بیوانفورماتیک فرصت های تازه ای ایجاد کرده است.

با این حال، چالش هایی مانند کمبود تجهیزات پیشرفته، محدودیت در ایجاد آزمایشگاه های خصوصی و رقابت بالا میان فارغ التحصیلان وجود دارد.

به طور کلی، آینده شغلی ژنتیک در ایران وابسته به نوآوری و مهارت فردی است. افرادی که علاوه بر دانش تئوری، مهارت های عملی در بیوانفورماتیک، تحلیل داده های ژنتیکی، کشت سلول و روش های مولکولی را فرا بگیرند، می توانند هم در داخل کشور جایگاه مطلوبی پیدا کنند و هم مسیر مهاجرت علمی خود را هموارتر سازند.

سخن آخر:

اگر بین دو برنامه مشابه (مثلاً ژنتیک انسانی وزارت علوم و ژنتیک انسانی وزارت بهداشت) سردرگم هستید، به این نکته ها توجه کنید: سرفصل دروس، واحدهای عملی بالینی، اساتید / امکانات آزمایشگاهی، فرصت های کارآموزی بالینی و آینده شغلی مرتبط با محل تحصیل. همچنین می توانید صفحات کوریکولوم و طرح درس دانشکده های مربوط را مقایسه کنید تا تصمیم مناسب تری بگیرید.

تازه‌ترین اخبار و رویدادهای زیستی



۱. اخبار و رویدادهای زیستی

گزارش ویژه از دومین کنگره بین‌المللی کنسرژنومیکس
معرفی پژوهش‌های برتر دانشگاه خلیج فارس تا اخبار های پس از کنگره



گزارش ویژه از دومین کنگره بین‌المللی کنسرژنومیکس

معرفی پژوهش‌های برتر دانشجویان دانشگاه خلیج فارس تا فعالیت‌های هلدینگ و مهم‌ترین اخبار علمی پس از کنگره

درخشش دانشجویان زیست‌شناسی دانشگاه خلیج فارس در

کنگره بین‌المللی کنسرژنومیکس

در دومین کنگره بین‌المللی کنسرژنومیکس (۲ تا ۴ آبان ۱۴۰۳، سالن اجلاس سران و دانشگاه تربیت مدرس تهران)،

سه مقاله از دانشجویان کارشناسی زیست‌شناسی دانشگاه خلیج فارس به صورت پوستر پذیرفته شد.

دانشجویان برگزیده:

مرضیه انصاری با مقاله «ایمونوتراپی سرطان ریه» و کسب عنوان بهترین پوستر کنگره.

فاطمه عباسیان با مقاله «بررسی ژنتیک و اپی‌ژنتیک سرطان رحم».

فاطمه مفرس با مقاله «پیشرفت‌های اخیر در ایمونوتراپی و درمان هدفمند سرطان تیروئید».

این موفقیت نشان‌دهنده توان علمی بالای دانشجویان در زمینه تحقیقات زیست‌شناسی و سرطان است. مقالات پذیرفته‌شده

در ژورنال Cell و پایگاه سیویلیکا نمایه خواهند شد.

اخبار مهم پس از کنگره

۱. بازدید دکتر عدنان خسروی از کلینیک و آزمایشگاه کنسرژنومیکس و تأکید بر اولویت رضایت و بهبود بیماران با بهره‌گیری از آخرین فناوری‌های NGS و پزشکی دقیق.

۲. تأیید ترکیب دارویی جدید توسط FDA: Lumakras و Vectibix برای درمان بیماران مبتلا به سرطان متاستاتیک روده بزرگ با جهش KRAS G12C

این کنگره و فعالیت‌های هلدینگ کنسرژنومیکس، گامی مهم در توسعه تشخیص جامع مولکولی، درمان هدفمند و پزشکی فردمحور سرطان در کشور محسوب می‌شوند.



نویسنده



مرضیه انصاری
کارشناسی زیست‌شناسی سلولی و مولکولی
marzieh.ansari27@gmail.com

منابع



بخش‌های جذاب



۳. سرگرمی علمی

LAB GAME



۱. پرونده‌های معمایی زیستی

خنده مرگبار

بیماری خُرْخُرْ خواب‌آور (Kuru)



۴. کُمیک

یک روز پر ماجرا در سلول



۲. جدول زیستی

زیست جدول



خنده‌ی مرگبار

بیماری خُرْخُر خواب‌آور (Kuru)

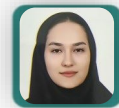


یک بیماری ترسناک و مرموز که با خنده آغاز می‌شود و با مرگ به پایان می‌رسد، رسم فرهنگی قبیله‌ای آدم‌خوار که عامل انتقال این بیماری خطرناک است!

چگونه یک پروتئین می‌تواند جان انسان را بگیرد؟



نویسنده

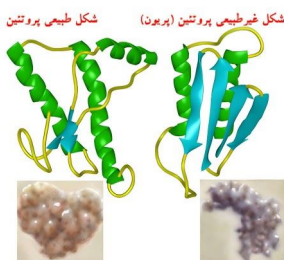


اسما کشاورزی
کارشناسی زیست‌شناسی سلولی و مولکولی
asmakeshavarzi1382@gmail.com

قبیله فورِه (Fore) در پاپوآ گینه نو، کشوری در نیمکره شرقی و شمال شرقی استرالیا، سال‌هاست با بیماری عجیبی دست‌وپنجه نرم می‌کند. این بیماری ابتدا با خنده‌های غیرقابل کنترل شروع می‌شود، سپس لرزش شدید بدن، اختلال در راه رفتن و زوال مغز به دنبال دارد و در نهایت پس از چند ماه، فرد بیمار به شکلی دردناک جان خود را از دست می‌دهد.

در دهه ۱۹۵۰ میلادی، پزشکان غربی برای نخستین بار به این بیماری توجه کردند و پس از سال‌ها تحقیق، دانشمندان از جمله دکتر استنلی پریزین دریافتند که عامل بیماری، نوعی پروتئین غیرطبیعی به نام «پریون» است.

پریون چیست؟



پریون یک پروتئین است که به شکل اشتباه تاخورد و تغییر یافته است. این پروتئین غیرطبیعی باعث می‌شود که پروتئین‌های سالم مغز نیز به شکل اشتباه تغییر کنند و در نهایت موجب نابودی بافت مغزی شوند.

اما انتقال این بیماری چگونه اتفاق می‌افتد؟

راز اصلی انتقال بیماری «کورو» در یک رسم فرهنگی قبیله فورِه نهفته بود. این قبیله معتقد بود برای نگه داشتن روح عزیزان در میان خانواده، باید جسد آنها را خورد. خطرناک‌ترین قسمت این رسم خوردن مغز بود که بیشترین میزان پریون را دارد. بیشتر زنان و کودکان قبیله این بخش را مصرف می‌کردند، بنابراین بیشترین قربانیان بیماری نیز زنان و کودکان بودند.

پس از کشف علت بیماری، دولت و پزشکان محلی مردم قبیله را قانع کردند که این رسم را کنار بگذارند و از آن پس شیوع بیماری به طور چشمگیری کاهش یافت.

کشف این بیماری و عامل آن، به شناسایی پریون‌ها کمک بزرگی کرد و نشان داد که بدون ویروس، باکتری یا قارچ، فقط یک پروتئین می‌تواند باعث مرگ انسان شود.

منابع



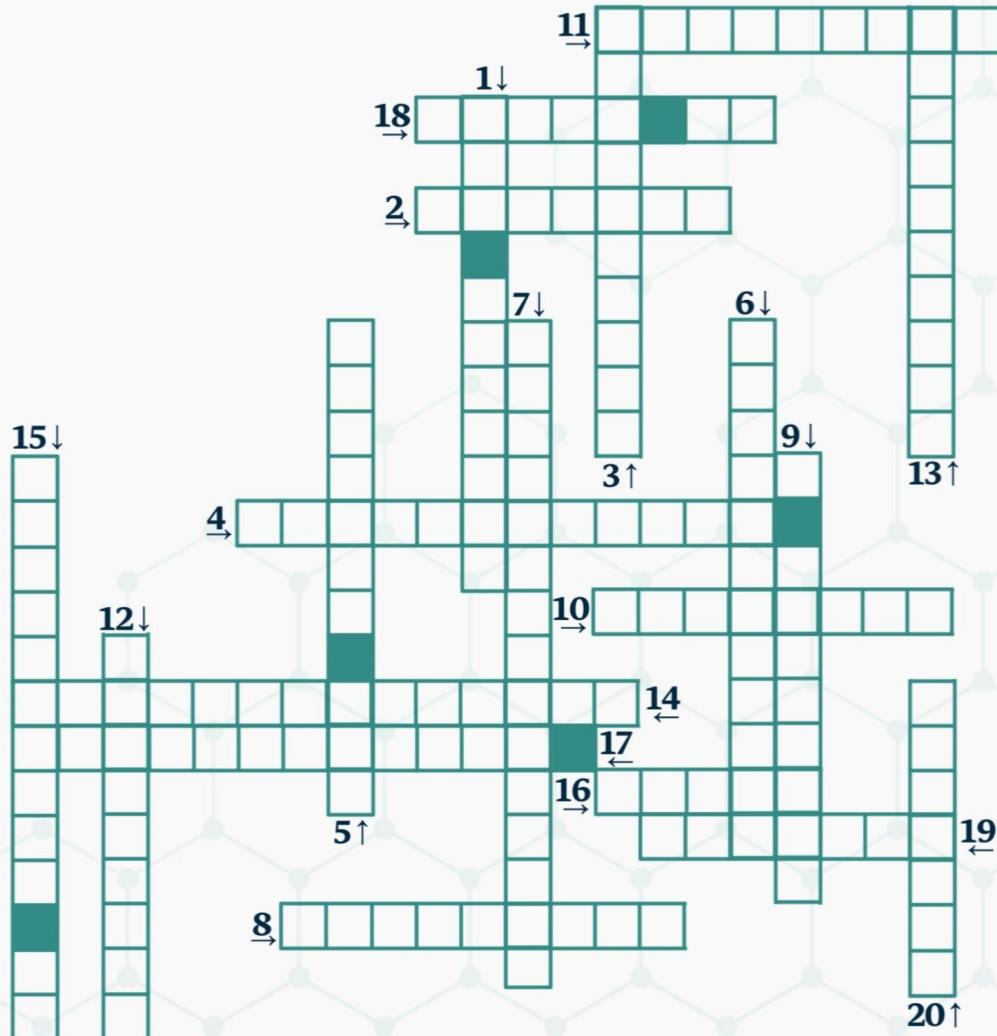


زیست جدول

1. Reversible changes in gene expression without changing the DNA sequence.
2. Proteins that package DNA in chromosomes.
3. The study of the complete set of proteins in a cell or organism.
4. The set of RNAs transcribed from the genome.
5. The addition of methyl groups to DNA or proteins to regulate gene expression.
6. Differences in DNA sequence between individuals of a species.
7. A type of compact, inactive DNA structure in the nucleus of a cell.
8. A molecule that marks proteins for destruction.
9. An enzyme that maintains the ends of chromosomes.
10. Small regulatory RNAs that prevent the translation of genes.
11. The process of sending chemical messages between cells.
12. A type of programmed cell death.
13. Mobile DNA segments in the genome.
14. A method for separating biological compounds based on physical properties.
15. A technique for counting or separating cells with a laser.
16. An immunoassay for detecting antigens or antibodies.
17. A method for detecting RNAs on membranes.
18. The study of the complete set of genes in an organism.
19. A circular DNA molecule outside the bacterial chromosome.
20. A family of enzymes involved in cell death.

خانه‌های رنگی مربوط به رمز نهایی جدول می‌باشد.

رمز :



LAB GAME

رمز خوان ژن بلند

از ژن تا پروتئین:

ژن ها بخش هایی از DNA هستند که دستور ساخت پروتئین ها را در خود دارند.

هر ژن از دو رشته تشکیل شده است:

رشته ی الگو (Template strand)

رشته ی کدکننده (Coding strand)

در مرحله ی رونویسی (Transcription)، آنزیم RNA پلیمراز از روی رشته ی قالب نسخه ای از RNA می سازد.

توالی این RNA به نام mRNA تقریباً مشابه رشته ی کدکننده است، فقط در آن حرف T تیمین (با U یوراسیل جایگزین می شود).

سپس در مرحله ی ترجمه (Translation)، ریبوزوم هر سه حرف mRNA را که به آن ها کدون گفته می شود می خواند.

هر کدون معادل یک اسید آمینه است، و با به هم پیوستن آن ها، پروتئین ساخته می شود.

کدون AUG همیشه آغازگر ترجمه است و سه کدون UAA، UAG، UGA پایان ترجمه را نشان می دهند.

توالی DNA کدکننده: 3'→5'

در قالب کدون های سه تایی برای خوانش راحت تر

□ ATG GCT TTT CGA AAG GGA ACC CTG AAT TTC GCC TAT
 □ CAA GAG ATC CCT GAG AAC GGT TTC CAG TGG TAC AGC
 □ AAA GTT CGC ATG AGG TCT GAA TTC GCA TTC TGG GAC
 TCC AAG GTT GAG CTG TAT GAA CCG AAT GCA TTT TGA

طول: ۱۴۴ نوکلئوتید = ۴۸ کدون ۴۷ آمینواسید + یک کدون پایان

کدون آغاز ATG: کدون ۱

کدون پایان TGA: کدون ۴۸

پازل‌های تشخیصی و فکر کردنی

1. رونویسی (Transcription): توالی RNA مکمل را بنویس. (T→U)
2. ترجمه (Translation): RNA را به آمینواسیدها ترجمه کن هر ۳ نوکلئوتید = ۱ کدون.
3. پایان ترجمه: کدام کدون، ترجمه را متوقف می‌کند و در چه موقعیتی است؟
4. شروع‌های درون ژنی: در میانه‌ی ژن یک ATG دیگر پیدا کن. اگر از آن‌جا شروع کنی، زنجیره‌ی جدید چند آمینواسید خواهد داشت؟
5. سایت محدودکننده (Restriction Site): اشرشیا کلای یک باکتری است که از آن، یکی از معروف‌ترین آنزیم‌های برش‌دهنده‌ی یک توالی خاص دنا EcoRI به دست می‌آید.
آیا EcoRI الگوی GAATTC در این توالی وجود دارد؟ اگر بله، آن را پیدا کنید.
6. اگر AAA→AAG در کدون ۲۵ رخ دهد، چه می‌شود، چه نوع جهشی رخ داده است؟
7. اگر GCT→GAT در کدون ۲ رخ دهد، پیامد پروتئینی چیست؟
8. اگر TGG→TAG در کدون ۳۵ رخ دهد، چه می‌شود؟ چه جهشی رخ داده است؟
9. اگر نوکلئوتید پنجم حذف شود، انتظار چه سرنوشتی برای ترجمه داری؟ چه جهشی رخ داده است؟
(طراح بازی خانم سحرناز سپهری فرد)

زیست معما

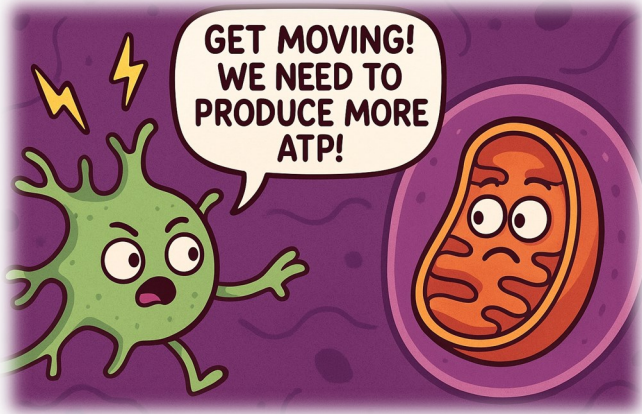
من مولکول کوچکی‌ام که با بستن فسفات‌ها به پروتئین‌ها عملکردشان را روشن یا خاموش می‌کنم؛ آبشارهای من سیگنال‌های خارجی را به پاسخ درونی تبدیل می‌کنند. چه مولکولی‌ام؟
.....

من کانال پروتئینی‌ایم که در غشای میتوکندری وجود دارم و با ایجاد اختلاف pH و الکترون، ATP می‌سازم؛ انرژی اکسیداتیو من چه نام دارد؟
.....

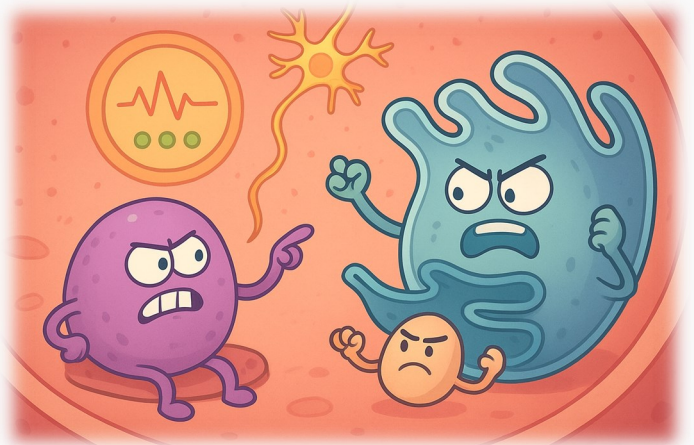
ایموجی کوئیز



یک روز پر ماجرا در سلول



صبح: دریافت سیگنال از مغز « بجنید، باید ATP تولید کنیم! »



ظهر: دعوی اندوپلاسمی خشن با ریبوزوم بر سر سفارش های پروتئینی



عصر: شکایت لیزوزوم از کم کاری بقیه



"Genith, Where the genome speaks and the future listens."

ژنیت، جایی کہ ژنوم سخن می گوید و آینده گوش می سپارد.

 [genith.2025](https://www.instagram.com/genith.2025)

 t.me/genith_2025

 genith.2025@gmail.com