



CROP BIOTECH UPDATE

A weekly summary of world developments in agri-biotech, produced by the ISAAA Global Knowledge Center on Crop Biotechnology direct to your inbox.



สมาคมเทคโนโลยีชีวภาพสัมพันธ์

วันที่ 2 กุมภาพันธ์ 2565

นักวิจัยเสนอกรอบการจำแนกสิ่งมีชีวิตดัดแปลงพันธุกรรมและสิ่งมีชีวิตที่แก้ไขจีโนม



ผู้เชี่ยวชาญจากมหาวิทยาลัยฮอกไกโด (Hokkaido University) ประเทศญี่ปุ่น ได้นำเสนอกรอบการจำแนกที่สามารถใช้เพื่อแยกความแตกต่างของสิ่งมีชีวิตดัดแปลงพันธุกรรม (genetically modified organisms - GMOs) ออกจากสิ่งมีชีวิตที่แก้ไขจีโนม/ยีน (genome-edited organisms) โดยคำนึงถึงทั้งด้านเทคนิค จริยธรรมและสังคม การ

นำเสนอนี้ได้รับการตีพิมพ์ในวารสาร Trends in Biotechnology

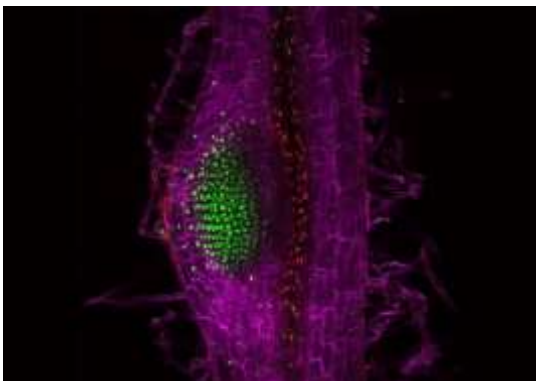
สิ่งมีชีวิตที่ใช้เทคนิคการแก้ไขจีโนม อาจมีดีเอ็นเอ (DNA) หรือสายพันธุกรรมแปลกปลอมหรือไม่เลยก็ได้ ดังนั้นในกรอบการจำแนกที่เสนอ หากไม่มี DNA แปลกปลอมเข้ามาเกี่ยวข้อง ผลลัพธ์ที่ได้จะถือเป็นผลิตภัณฑ์ที่ไม่ใช่ GMO ในกรณีที่ทำปฏิกริยาหรืออาหารเพาะเลี้ยงอาจมี DNA แปลกปลอม ผลลัพธ์ที่ได้จะต้องได้รับการทดสอบหา DNA แปลกปลอมที่มีอยู่ ตำแหน่งในจีโนมที่มีแนวโน้มว่าจะมี DNA แปลกปลอมรวมอยู่ ตำแหน่งเหล่านั้นจะได้รับการวิเคราะห์ ผ่านการตรวจหลายอย่าง รวมถึงการหาลำดับ DNA เป้าหมายการหาลำดับจีโนมทั้งหมด และ genomic Southern blots (เทคนิคที่ใช้ในการตรวจสอบจีโนม) หากยืนยันการมีอยู่ของ DNA แปลกปลอม ให้ถือว่าเป็นผลิตภัณฑ์นั้นเป็น GMO

การมีกรอบการจำแนกที่ชัดเจนจะช่วยเพิ่มความน่าเชื่อถือของกฎระเบียบที่เกี่ยวข้อง โดยเฉพาะอย่างยิ่งในประเทศที่มีกฎระเบียบด้านความปลอดภัยทางชีวภาพ

(รับ นันเป็นข้อเสนอในการจำแนกสิ่งมีชีวิตดัดแปลงพันธุกรรมออกจากสิ่งมีชีวิตแก้ไขยีน ประเด็นหลักคือ ถ้าไม่มีดีเอ็นเอแปลกปลอมให้ถือว่าเป็นไม่ใช่สิ่งมีชีวิตดัดแปลงพันธุกรรม)

อ่านเพิ่มเติมได้ที่ [https://www.cell.com/trends/biotechnology/fulltext/S0167-7799\(21\)00260-2?utm_source=miragenews&utm_medium=miragenews&utm_campaign=news](https://www.cell.com/trends/biotechnology/fulltext/S0167-7799(21)00260-2?utm_source=miragenews&utm_medium=miragenews&utm_campaign=news)

นักวิทยาศาสตร์จากมหาวิทยาลัยฟลอริดา ก้าวเข้าใกล้พืชที่ตรึงไนโตรเจนได้เอง



นักวิทยาศาสตร์จากสถาบันวิทยาศาสตร์อาหารและการเกษตร แห่งมหาวิทยาลัยฟลอริดา (University of Florida Institute of Food and Agricultural Sciences - UF/IFAS) ได้เข้าใกล้ไปอีกขั้นหนึ่งของการพัฒนาพืชให้มีความสามารถในการควบคุม และใช้ประโยชน์จากแบคทีเรียตรึงไนโตรเจน

ไนโตรเจนเป็นสิ่งจำเป็นสำหรับพืช แต่พืชสามารถดูดซับไนโตรเจนได้เฉพาะในรูปแบบทางเคมีบางชนิดเท่านั้น

รูปแบบเหล่านี้บางรูปแบบพบได้ตามธรรมชาติในดิน แต่มีในปริมาณที่จำเป็นเพื่อให้ได้ผลผลิตที่ไม่เพียงพอ ไนโตรเจนมีอยู่มากในอากาศ แต่อยู่ในรูปแบบที่พืชใช้ไม่ได้ และแบคทีเรียบางชนิดที่อาศัยอยู่ในดินจะเปลี่ยนไนโตรเจนในบรรยากาศ ให้อยู่ในรูปแบบที่พืชสามารถนำไปใช้ได้ เรียกกระบวนการนี้ว่าการตรึงไนโตรเจน พืชตระกูลถั่วบางชนิดได้พัฒนาปมที่รากเพื่อเป็นที่อยู่ของแบคทีเรียเหล่านี้ และปมรากเหล่านี้ช่วยให้พืชดูดซับไนโตรเจนที่ถูกตรึงด้วยแบคทีเรีย ในทางกลับกัน แบคทีเรียก็จะได้รับน้ำตาลจากพืช

เพื่อทำความเข้าใจในกระบวนการ เมื่อพืชตระกูลถั่วสัมผัสกับจุลินทรีย์ตรึงไนโตรเจน ทีมวิจัยได้ใช้เทคนิคที่ทำให้เกิดการเรืองแสงในที่ที่มีไซโตไคนิน (cytokinin) เทคนิคนี้ทำให้ทีมวิจัยติดตามฮอร์โมนได้ทุกการเคลื่อนไหว และพบว่ากิจกรรมของไซโตไคนินเกิดขึ้นในสองขั้นตอน ในขั้นตอนแรก ไซโตไคนินจะถูกสร้างขึ้นที่ชั้นนอกของรากและเคลื่อนเข้าด้านใน ในขั้นที่สอง ส่วนในของรากนั้นจะถูกดันออกด้านนอกเหมือนลูกโป่ง ก่อตัวเป็นปม

นักวิจัยยังพบอีกว่ากิจกรรมไซโตไคนินในขั้นที่สองนั้น ถูกควบคุมโดยยีนที่เรียกว่า IPT3 ซึ่งได้รับการยืนยันจากการใช้เทคนิคการเรืองแสงและการสังเกตพืชโดยไม่มียีน IPT3 จะไม่มีการก่อตัวของปม ซึ่งบอกนักวิจัยว่ายีนนี้มีบทบาทสำคัญในกระบวนการตรึงไนโตรเจน

(ครบ อีกไม่นานเราคงลดการใช้ปุ๋ยไนโตรเจนลงได้ เมื่อพืชสามารถตรึงไนโตรเจนจากอากาศได้เอง)

อ่านเพิ่มเติมได้ที่ <https://blogs.ifas.ufl.edu/news/2022/01/27/uf-ifas-scientists-take-next-steps-toward-crops-that-make-their-own-nitrogen/>

อาร์เจนตินาปรับปรุงนโยบายการกำกับดูแลการประเมินความเสี่ยงด้านสิ่งแวดล้อม

การแก้ไขกรอบการกำกับดูแลของประเทศอาร์เจนตินา อยู่บนพื้นฐานของความก้าวหน้าทางวิทยาศาสตร์ที่เป็นปัจจุบัน ตลอดจนประสบการณ์และบทเรียนของประเทศที่มีมามากกว่า 30 ปี โดยเฉพาะอย่างยิ่งในการที่จะระบุว่าไม่มีความเสี่ยงใหม่หรือมีความเสี่ยงที่เพิ่มขึ้นของพืชตัดแปลงพันธุกรรม ที่เคยประเมินไว้ก่อนหน้านี้



กระบวนการประเมินความเสี่ยงด้านสิ่งแวดล้อม (environmental risk assessment - ERA) ได้ถูกนำมา ทบทวนในช่วงปี 2563 และ 2564 และมีการปรับเปลี่ยน แนวทางการประเมิน ดังนี้:

- การประเมินพืชตัดแปลงพันธุกรรมที่มีลักษณะร่วม (stacked GM crops) จะเน้นที่ความเป็นไปได้ของการมี ปฏิสัมพันธ์ระหว่างลักษณะที่แปลกใหม่และยีน โดย

พิจารณาถึงความเป็นไปได้ของการเกิด epistasis (การข่มข้ามคู่ หมายถึง ปรากฏการณ์ที่การแสดงออก ของยีนหนึ่งต้องขึ้นอยู่กับการมีอยู่ของยีนปรับแต่ง (modifier gene) อีกยีนหนึ่งหรือมากกว่าหนึ่ง) ระหว่างยีนที่นำเข้ามาหรือปฏิสัมพันธ์ระหว่างการแสดงออกใน metabolic pathways (ชุดของปฏิกิริยาที่ ใช้เอนไซม์ มีลำดับต่อเนื่องกัน ไปเพื่อใช้สร้างสารต่าง ๆ สารตั้งต้น สารตัวกลาง และผลิตภัณฑ์) ที่ เกี่ยวข้อง

- กระบวนการประเมินนั้น จะพิจารณาข้อมูลและข้อสรุปจากการทดสอบภาคสนามที่จำกัด (confined field trials) ที่เข้มข้นมากขึ้น โดยพิจารณาจากข้อเท็จจริงที่ว่าข้อสรุปเหล่านี้ได้รับการวิเคราะห์ในหลาย สภาพแวดล้อมและสามารถอ้างอิงพื้นที่ทางภูมิศาสตร์อื่น ๆ ได้ โดยไม่คำนึงถึงสภาพอากาศทาง การเกษตรและสภาพทางนิเวศวิทยาเกษตร
- ผู้ส่งคำร้องมีตัวเลือกในการรายงานว่าการแสดงออกของพืชตัดแปลงพันธุกรรม เป็นเรื่องของ ความคุ้นเคย (familiarity) หรือมีประวัติการใช้อย่างปลอดภัย (safe use) ซึ่งจุดประสงค์ของการแก้ไขใน ประเด็นนี้ เพื่อหลีกเลี่ยงความซ้ำซ้อนของข้อมูลที่มีอยู่ในคำร้องต่าง ๆ ของการประเมิน
- ผู้ส่งคำร้องมีทางเลือกในการอธิบายผลกระทบที่ไม่ได้ตั้งใจของตำแหน่งที่สอดแทรกที่เกี่ยวข้องกับ ความเสี่ยงของพืชตัดแปลงพันธุกรรมในระบบนิเวศเกษตร ตามสิ่งที่สังเกตได้ในการศึกษาการ แสดงออกทางเกษตร (agro-phenotypic studies)
- สุดท้ายนี้ได้มีการปรับปรุงแผนการจัดการความต้านทานของแมลงศัตรู เพื่อประโยชน์ของผู้ส่งคำร้อง และระบบการกำกับดูแลโดยรวม

ระบบการกำกับดูแลของอาร์เจเนตินาเป็นแบบเชิงรุก พลวัต และอิงวิทยาศาสตร์เพื่อรักษามาตรฐานความ ปลอดภัยทางชีวภาพในระดับสูง กระบวนการปรับปรุงนโยบายอย่างต่อเนื่องช่วยให้หน่วยงานกำกับดูแลของ อาร์เจเนตินาสามารถจัดการกับความท้าทายใหม่ ๆ ที่อาจเกิดขึ้นได้อย่างมีประสิทธิภาพในขณะที่มีความก้าวหน้า ด้านเทคโนโลยีชีวภาพ

(ครับ กฎระเบียบเป็นสิ่งที่มีมนุษย์กำหนดขึ้น เมื่อกาลเวลาเปลี่ยนไปย่อมต้องมีการปรับปรุงให้ทันกับ ความก้าวหน้าด้านเทคโนโลยีชีวภาพ)

อ่านเพิ่มเติมได้ที่ <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fbioe.2021.834589/full>

นักวิทยาศาสตร์พัฒนาพันธุ์คาโนลาต้นเตี้ยเพื่อลดการหักล้ม



นักวิจัยจาก University of Calgary ใช้เทคโนโลยีการแก้ไขยีน (gene editing technology) เพื่อพัฒนาพันธุ์คาโนลาต้นเตี้ยและแตกแขนงสูง โดยมีฝักมากกว่าและเก็บเกี่ยวได้ง่ายขึ้น การปรับปรุงนี้เป็นไปตามความต้องการของผู้ปลูกคาโนลา

คาโนลาพันธุ์ใหม่นี้จะมีต้นที่เตี้ยกว่าค่าเฉลี่ยของต้นคาโนลาพันธุ์ปกติ ร้อยละ 34 การ

ลดความสูงของต้นมีวัตถุประสงค์เพื่อลดการหักล้ม และเป็นเรื่องยากในการควบคุมความสูงของต้นคาโนลาดังนั้นจึงทำให้เห็นการหักล้มของต้นคาโนลาจำนวนมาก นักวิจัยได้ใช้เทคโนโลยี CRISPR-Cas9 และกำหนดเป้าหมายที่ฮอร์โมน strigolactone ซึ่งมีหน้าที่ในการระงับการแตกแขนงในพืช พวกเขาใช้กรรไกรโมเลกุล (molecular scissors) เพื่อปิดตัวรับรู้ฮอร์โมน strigolactone

คาโนลาที่แก้ไขยีน ไม่ได้มีไว้สำหรับใช้ในเชิงพาณิชย์ เพียงแต่ใช้เป็นข้อพิสูจน์ของแนวคิดในการทดสอบเชื้อพันธุกรรมของบริษัทเมล็ดพันธุ์ เพื่อตรวจสอบว่าจะให้ผลผลิตเพิ่มขึ้นหรือไม่

(ครบ เป็นเพียงต้องการพิสูจน์ว่า การลดความสูง โดยการเพิ่มปริมาณกิ่งแขนง จะเพิ่มผลผลิตของคาโนลาหรือไม่ ซึ่งนักวิจัยสามารถทำให้ต้นคาโนลาเตี้ยกว่าค่าเฉลี่ยของต้นปกติลงได้ร้อยละ 34 โดยใช้เทคโนโลยีการแก้ไขยีน)

อ่านเพิ่มเติมได้ที่ <https://www.manitobacooperator.ca/news-opinion/news/researchers-use-gene-editing-to-create-breakthrough-canola-variety/>

แปลและเรียบเรียงจาก <http://www.isaaa.org/kc/cropbiotechupdate/newsletter/default.asp> February 2, 2022

สมาคมเทคโนโลยีชีวภาพสัมพันธ์ ห้อง 804 ชั้น 8 อาคารวชิรานุสรณ์ คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กทม 10900 โทรศัพท์ 085-947-3738 Facebook: www.facebook.com/THBAA