

นักวิจัยรุ่นใหม่ใช้ไบโอเมปรับปรุงพันธุ์พืช



จากข้อมูลพื้นที่เพาะปลูกและศักยภาพของพันธุกรรมพืชในประเทศไทยพบว่ามีความเป็นไปได้สูงที่เกษตรกรของไทยจะเพิ่มผลผลิตต่อพื้นที่ให้มีปริมาณเพียงพอต่อการส่งออก โดยไม่จำเป็นต้องเพิ่มพื้นที่เพาะปลูก โดยเฉพาะในกลุ่มพืชเศรษฐกิจ ด้วยการใช้เทคโนโลยีขั้นสูงในการถอดลำดับจีโนมของพืช จนนำไปสู่การปรับปรุงพันธุ์เพื่อเพิ่มมูลค่าการส่งออก

“ดร.สิทธิโชค คิงส์สตราเวียง” นักวิจัยศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (ไบโอเทค) สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) ผู้ได้รับรางวัล “นักวิทยาศาสตร์รุ่นใหม่ ประจำปี 2555” จากมูลนิธิส่งเสริมวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีในพระบรมราชูปถัมภ์ บอกว่าการใช้จีโนมเทคโนโลยีในการปรับปรุงพันธุ์พืช ด้วยการถอดลำดับจีโนมหรือถอดรหัสพันธุกรรม ถือเป็น การปรับปรุงพันธุ์พืชด้วยการคัดเลือกสายพันธุ์ที่ต้องการ โดยอาศัยข้อมูลจากการสังเกตลักษณะทางธรรมชาติของสิ่งมีชีวิตที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรม ซึ่งเกิดจากการกลายพันธุ์ของสิ่งมีชีวิต การสลับที่และรวมตัวกันใหม่ของสารพันธุกรรม ทำให้เกิดองค์ประกอบทางพันธุกรรมของจีโนมในรูปแบบที่แตกต่างกัน

ทั้งนี้ การพัฒนาปรับปรุงพันธุ์ของสิ่งมีชีวิตมีผลมาจาก 2 ปัจจัย คือปัจจัยด้านพันธุกรรมและปัจจัยด้านสิ่งแวดล้อม ซึ่งพันธุกรรมจะถูกควบคุมโดยยีนที่ถ่ายทอดมาจากบรรพบุรุษจากรุ่นสู่รุ่น ขณะเดียวกันความแตกต่างในลำดับเบสของยีนจะส่งผลถึง

ลักษณะที่แสดงออกในรุ่นถัดไป

และหากเราสามารถหาเครื่องหมายโมเลกุลที่มีความสัมพันธ์กับยีนที่ควบคุมลักษณะที่ต้องการได้ ด้วยการถอดลำดับจีโนมจะทำให้การคัดเลือกพันธุ์หรือปรับปรุงพันธุ์นั้นทำได้ง่ายยิ่งขึ้น

ดร.สิทธิโชค บอกว่า การปรับปรุงพันธุ์

โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลและข้อมูลจีโนมจะแตกต่างจากการคัดเลือกพันธุกรรม เพราะการคัดเลือกพันธุกรรมเป็นการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสแบบข้ามสปีชีส์ ด้วยการนำยีนของสิ่งมีชีวิตชนิดหนึ่งใส่เข้าไปในยีนของสิ่งมีชีวิตอีกชนิดหนึ่งที่ไม่เคยผสมพันธุ์ได้ในธรรมชาติ แต่การปรับปรุงพันธุ์โดยเครื่องหมายโมเลกุลจะอาศัยความหลากหลายในธรรมชาติของสปีชีส์นั้นมาปรับปรุงเพื่อให้สิ่งมีชีวิตชนิดนั้นที่มี

คุณลักษณะหรือคุณสมบัติตามต้องการ

“การถอดลำดับจีโนมเป็นการปรับปรุงพันธุ์พืชเพื่อให้ได้สายพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพมากขึ้น โดยสามารถคัดเลือกสายพันธุ์ที่มีคุณสมบัติตามต้องการ และดึงความโดดเด่นของพืชสายพันธุ์นั้น ๆ ที่อยู่ในสปีชีส์เดียวกันมารวมกันให้ได้มากที่สุด เช่น การนำพืชมา

ทดลอง 4 สายพันธุ์ สายพันธุ์หนึ่งอาจมีความต้านทานโรคแคโรตเตีย แต่หากมีการรวมเครื่องหมายโมเลกุลที่มีความสัมพันธ์กับความต้านทานโรคทั้ง 4 โรคมารวมกัน ก็จะทำให้เราได้สายพันธุ์ใหม่ที่ต้านทานโรคได้มากขึ้น”

สำหรับขั้นตอนการถอดลำดับจีโนม ดร.สิทธิโชค บอกว่า ประกอบด้วย 3 ขั้นตอนหลักคือ 1. หากการเรียงตัวของเบส ซึ่งทำได้โดยการตัดเส้นดีเอ็นเอเป็นชิ้น ๆ แล้วป้อนเข้า

ตู้เครื่องอ่านอัตโนมัติเหมือนกับการแกะตัวอักษรทีละตัว ขั้นตอนที่ 2 นำดีเอ็นเอที่แกะแล้วมาเรียงลำดับใหม่ จนกระทั่งได้ลำดับคู่เบสของดีเอ็นเอ ที่ยาวขึ้นทั้งหมด และขั้นตอนที่ 3 คือ การระบุตำแหน่งของยีน เมื่อทราบการเรียงลำดับของดีเอ็นเอทั้งหมดแล้วทำการค้นหาคำแหน่งของยีนซึ่งอาจจะมีการเปรียบเทียบกับยีนที่รู้จัก

ดร.สิทธิโชค บอกอีกว่า งานวิจัยด้านเทคโนโลยีจีโนมของคณะเน้นเรื่องพืชเป็นหลักเพื่อใช้เป็นฐานข้อมูลสำหรับนักปรับปรุงพันธุ์ นำข้อมูลที่ได้ไปประยุกต์ใช้ประโยชน์ในงานวิจัยในภาคเกษตร โดยเฉพาะในพืชเศรษฐกิจของประเทศ เช่น ยางพารา มันสำปะหลัง ปาล์ม มัน และสับปะรด

เพื่อพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุล สร้างแผนที่พันธุกรรม และวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุลที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะที่ต้องการต่อไป โดยมุ่งสร้างความสามารถด้านลำดับเบสดีเอ็นเอ ผนวกกับข้อมูลพื้นฐานเพื่อนำไปปรับปรุงพันธุ์ เพิ่มจำนวนผลผลิตและระยะเวลาการวิจัยด้วย

“ผลงานชิ้นนี้จะมีประโยชน์โดยตรงกับนักปรับปรุงพันธุ์ที่สามารถนำข้อมูลเหล่านี้ไปต่อยอดงานวิจัยในภาคเกษตร ซึ่งผมค่อนข้างมั่นใจว่าการใช้เทคโนโลยีด้านจีโนม จะสามารถช่วยเร่งการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์พืชของไทย ซึ่งเดิมต้องใช้ระยะเวลาเป็นสิบปี”