นักวิทย์ฯรุ่นใหม่ตอบโจทย์นักปรับปรุงพันธุ์พืช

หาลำดับเบสคัดจุดเด่นสายพันธุ์

มูลนิธิส่งเสริมวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีในพระบรมราชูปถัมภ์

นักวิทย์ฯรุ่นใหม่ปี 55ใช้เทคโนโลยีจีโนมหาลำดับเบสพืชเศรษฐกิจของไทย หวังเสริมจุดเด่นและสกัดจุดด้อยทางพันธุกรรม เพื่อใช้เป็นฐานข้อมูลให้นักปรับปรุงพันธุ์พืชใช้เลือกสายพันธุ์ที่เหมาะสม เพื่อเพิ่มผลผลิตและเพิ่มมูลค่าการส่งออกให้กับประเทศไทยต่อไป

จากข้อมูลพื้นที่เพาะปลูกและศักยภาพของพันธุกรรมพืชในประเทศไทย พบว่ามีความเป็นไปได้สูงที่เกษตรกรของไทยจะเพิ่มผลผลิตต่อพื้นที่ให้มีปริมาณเพียงพอต่อการส่งออก โดยไม่จำเป็นต้องเพิ่มพื้นที่เพาะปลูกโดยเฉพาะในกลุ่มพืชเศรษฐกิจ ด้วยการใช้เทคโนโลยีชั้นสูงในการถอดลำดับจีโนมของพืช จนนำไปสู่การปรับปรุงพันธุ์เพื่อเพิ่มมูลค่าการส่งออก

ดร.สิทธิโชค ตั้งภัสสรเรือง นักวิจัยศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) ผู้ได้รับรางวัล "นักวิทยาศาสตร์รุ่นใหม่ประจำปี 2555" **จากมูลนิธิส่งเสริมวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีในพระบรมราชูปถัมภ์** เปิดเผยว่า การใช้การใช้จีโนมเทคโนโลยีในการปรับปรุงพันธุ์พืชด้วยการถอดลำดับจีโนม เป็นการการปรับปรุงพันธุ์พืชด้วยการคัดเลือกสายพันธุ์ที่ต้องการ โดยอาศัยข้อมูลจากการสังเกตลักษณะทางธรรมชาติของสิ่งมีชีวิต ที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรม ซึ่งเกิดจากการกลายพันธุ์ของสิ่งมีชีวิต การสลับที่และรวมตัวกันใหม่ของสารพันธุกรรม ทำให้เกิดองค์ประกอบทางพันธุกรรมของจีโนม (Genome) ในรูปแบบที่แตกต่างกัน

ทั้งนี้ การพัฒนาปรับปรุงพันธุ์ของสิ่งมีชีวิตมีผลมาจาก 2 ปัจจัย คือปัจจัยด้านพันธุกรรมและปัจจัยด้านสิ่งแวดล้อม ซึ่งพันธุกรรมจะถูกควบคุมโดยยีนที่ถ่ายทอดมาจากบรรพบุรุษจากรุ่นสู่รุ่น ขณะเดียวกันความแตกต่างในลำดับเบสของยีนจะส่งผลถึงลักษณะที่แสดงออกในรุ่นถัดไป และหากสามารถหาเครื่องหมายโมเลกุลที่มีความสัมพันธ์กับยีนที่ควบคุมลักษณะที่ต้องการได้ ด้วยการถอดลำดับจีโนมจะทำให้การคัดทิ้งพันธุ์หรือปรับปรุงพันธุ์ทำได้ง่ายยิ่งขึ้น

การปรับปรุงพันธุ์โดยใช้เครื่องหมายโมเลกุลและข้อมูลจีโนมจะแตกต่างจากการตัดต่อพันธุกรรม เพราะการตัดต่อพันธุกรรมเป็นการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสแบบข้ามสปีชีส์ ด้วยการนำยีนของสิ่งมีชีวิตชนิดหนึ่งใส่เข้าไปในยีนของสิ่งมีชีวิตอีกชนิดหนึ่งที่ไม่เคยผสมพันธุ์ได้ในธรรมชาติ แต่การปรับปรุงพันธุ์โดยเครื่องหมายโมเลกุลจะอาศัยความหลากหลายในธรรมชาติของสปีชีส์นั้นมาปรับปรุงเพื่อให้สิ่งมีชีวิตชนิดนั้นที่มีคุณลักษณะหรือคุณสมบัติตามต้องการ

"การถอดลำดับจีโนมเป็นการปรับปรุงพันธุ์พืชเพื่อให้ได้สายพันธุ์ที่มีประสิทธิภาพมากขึ้น และเป็นการคัดเลือกสายพันธุ์เพื่อจะทำให้ได้ผลผลิตที่มีคุณสมบัติตามที่เราต้องการ ด้วยการดึงความโดดเด่นของพืชแต่ละสายพันธุ์ที่อยู่ในสปีชีส์เดียวกันมารวมกันให้ได้มากที่สุด เช่น การนำพืชมาทดลอง 4 สายพันธุ์ สายพันธุ์หนึ่ง

อาจมีความต้านทานโรคแค่โรคเดียว แต่หากมีการรวมเครื่องหมายโมเลกุลที่มีความสัมพันธ์กับความต้านทานโรคทั้ง 4 โรคมารวมกัน ก็จะเป็นการดึงเอาลักษณะโดดเด่นที่เราต้องการในแต่ละสายพันธุ์มารวมกัน ให้อยู่ในหนึ่งสายพันธ์ จะทำให้เราได้สายพันธุ์ที่ดีมากยิ่งขึ้น เพราะการผสมพันธุ์ตามธรรมชาติที่อาศัยความหลากหลายในประชากรของสิ่งมีชีวิต บางครั้งอาจได้ผลผลิตไม่ตรงตามที่ต้องการ"

สำหรับขั้นตอนการถอดลำดับจีโนมประกอบด้วย 3 ขั้นตอนหลักคือ 1 **หาการเรียงตัวของคู่เบส (sequenced)** ซึ่งทำได้โดยการตัดเส้น DNA เป็นชิ้นๆ แล้วป้อนเข้าสู่เครื่องอ่านอัตโนมัติเหมือนกับการแกะตัวอักษรทีละตัว ขั้นตอนที่ 2 **นำ DNA ที่แกะแล้วมาเรียงลำดับใหม่** จนกระทั่งได้ลำดับคู่เบสของ DNA ที่ยาวขึ้นทั้งหมด และขั้นตอนที่ 3 **การระบุตำแหน่งของยีน** เมื่อทราบการเรียงลำดับของ DNA ทั้งหมดแล้วทำการค้นหาตำแหน่งของยีนซึ่งอาจจะมีการเปรียบเทียบกับยีนที่รู้จัก

ดร.สิทธิโชค กล่าวต่อว่า งานวิจัยด้านเทคโนโลยีจีโนมของตนจะเน้นเรื่องพืชเป็นหลักเพื่อใช้เป็นฐานข้อมูลสำหรับนักปรับปรุงพันธ์ (Breeders) นำข้อมูลที่ได้ ไปประยุกต์ใช้ประโยชน์ในงานวิจัยในภาคเกษตร โดยเฉพาะในพืชเศรษฐกิจของประเทศ เช่น ยางพารา มันสำปะหลัง ปาล์มน้ำมัน และสบู่ดำ เพื่อพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุล สร้างแผนที่พันธุกรรม และวิเคราะห์เครื่องหมายโมเลกุลที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะที่ต้องการต่อไป โดยมุ่งสร้างความสามารถด้านลำดับเบสดีเอ็นเอ (DNA sequencing) ผนวกกับข้อมูลพื้นฐานเพื่อนำไปปรับปรุงพันธุ์ เพิ่มจำนวนผลผลิต และร่นระยะเวลางานวิจัยด้วย

"ผลงานชิ้นนี้จะมีประโยชน์โดยตรงกับนักปรับปรุงพันธุ์ที่สามารถนำข้อมูลเหล่านี้ไปต่อยอดงานวิจัยในภาคเกษตร ซึ่งผมค่อนข้างมั่นใจว่าการใช้เทคโนโลยีด้านจีโนมจะสามารถช่วยเร่งปรับปรุงพันธุ์พืชของไทยจากเดิมที่ใช้เวลาเป็นสิบปีร่นระยะเวลาได้มากพอสมควรทำให้เราเพิ่มการปรับปรุงพันธุ์ได้อีกเยอะ"

ปัจจุบันการใช้จีโนมเทคโนโลยีในการค้นหาลำดับเบสดีเอ็นเอก้าวหน้ามาก การประยุกต์ใช้เทคโนโลยีนี้ในการศึกษาพันธุศาสตร์และการปรับปรุงพันธุ์สิ่งมีชีวิตสามารถทำได้อย่างมีประสิทธิภาพ โดยมีเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์เพื่อการเพิ่มผลผลิตของสิ่งมีชีวิตที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจเป็นหลัก ซึ่งการวิจัยดังกล่าวเป็นการใช้เทคโนโลยีด้านการหาลำดับเบสในการตอบโจทย์งานวิจัยด้านพืช ที่จะทำให้เกิดความโดดเด่นในสายพันธุ์ของพืชแต่ละชนิดตามที่มนุษย์ต้องการนั่นเอง

//////////////////////////////////