مجله ایمنی زیستی
دوره ۱۰، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۶

کاربرد فناوری‌های نوین در ارزیابی ایمنی گیاهان تراریخته

مریم رشیدی فر[1] و مسعود توحیدفر*[2]

۱-دانشجوی بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده مهندسی انرژی و فناوری های نوین، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران
۲- دانشیار بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده مهندسی انرژی و فناوری های نوین، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران

maryam_rashidifar@yahoo.com

چکیده

با توجه به رشد سریع جمعیت جهان، گیاهان سنتی به تنهایی نمی‌توانند تغذیه جمعیت رو به رشد را تامین نمایند. به همین منظور، کمیته علمی جهانی استفاده توام گیاهان سنتی و گیاهان حاصل از بیوتکنولوژی (تراریخته و غیرتراریخته) با هدف دسترسی به افزایش پایدار تولید، توافق کرده‌اند. اگرچه پس از گذشت ۲۰ سال از تولید گیاهان تراریخته، هیچ گزارشی از احتمال خطر آن بر سلامتی موجودات زنده و محیط زیست وجود ندارد، اما بررسی‌های ارزیابی ایمنی این گیاهان در سطح وسیعی انجام می‌شود. با توجه به اینکه روش‌های تحلیل و بررسی سنتی، تنها می‌تواند اثرهای هدف را شناسایی کند، فناوری اومیکس به منظور شناسایی اثرهای غیر هدف به کار برده می‌شود. در اومیکس تفاوت‌های گیاهان تراریخته و غیرتراریخته در سطوح مختلف زیستی (ترانسکریپتوم، پروتئوم و متابولوم) شناسایی می‌شود. این مطالعه به جنبه‌های کاربردی اومیکس در بررسی گیاهان تراریخته و مطالعات انجام شده آن بر این گیاهان می‌پردازد.

کلمات کلیدی: تراریخته، ایمنی زیستی، اومیکس

مقدمه

پیش‌بینی می‌شود که نیاز غذایی جمعیت جهان در سال‌های آتی ۵۰ تا ۷۰ درصد افزایش پیدا خواهد کرد. با توجه به بحران محدودیت منابع طبیعی، تکنولوژی گیاهان سنتی به تنهایی نمی‌تواند تغذیه جمعیت رو به رشد را تامین نماید. به همین منظور، طبق توافق کمیته علمی جهانی، برترین گیاهان سنتی و برترین گیاهان حاصل از بیوتکنولوژی (تراریخته و غیرتراریخته) با هدف دسترسی به افزایش پایدار تولید، به صورت توام مورد استفاده قرار می‌گیرند. در این میان گیاهان تراریخته به وسیله مقاومت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی، سبب کاهش خسارت و در نتیجه افزایش عملکرد می‌شوند (۲). سابقه ۲۰

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1396.10.3.6.9]

ساله کشت و تجاری‌سازی گیاهان تراریخته (سویا، ذرت، پنبه و کلزا)، اهمیت زراعی، اقتصادی، و سلامت آن را اثبات کرده است. چنان‌که در سال ۲۰۱٦ مجموع زمین‌های کشت گیاهان حاصل از بیوتکنولوژی در سراسر جهان به ۱۸۵/۱ میلیون هکتار رسید که این رقم نسبت به سال ۲۰۱۵، ۳ درصد افزایش یافته است. از مجموع ۲٦ کشوری که به کشت این گیاهان پرداخته‌اند، ۱۹ کشور در حال توسعه و ۷ کشور صنعتی هستند. در این میان کشور چین در ۹۵٦ میلیون هکتار، آمریکا در ۹۳۷ میلیون هکتار و انگلستان در ۲٤/٤ میلیون هکتار از این زمین‌ها مشارکت داشته است (۳).

مهندسی ژنتیک به منظور تولید گیاهان زراعی مقاوم با تنش‌های غیرزیستی، پاتوژن مورد استفاده قرار گرفته است. اما طی فرایند انتقال ژن به گیاه، با ورود دی.ان.ای خارجی به ژنوم، احتمال برهم خوردن چهارچوب خوانش و یا توالی‌های تنظیمی وجود دارد که ممکن است گیاه با تغییر متابولیسم، تغییر مسیرهای بیوشیمیایی، ایجاد پروتئین‌های جدید یا اثرهای چندگانه مواجه شود و ایمنی محصول تراریخته تحت تاثیر قرار گیرد. این تغییرات همچنین ممکن است منجر به تولید سموم و حساسیت‌زاها نیز بشود (٤). از آن‌جا که تغییرات ژنتیکی در گیاهان، ملاحظات احتمالی در سلامتی انسان، دام و محیط زیست را در پی خواهد داشت، بنابراین بررسی مخاطرات احتمالی گیاهان تراریخته، از موضوعات بحث‌برانگیز در این حوزه به شمار می‌رود (۵).

بررسی ارزش غذایی گیاهان تراریخته مورد مصرف انسان و دام بخش مهم ارزیابی ایمنی این گیاهان است. به همین منظور مفهوم این‌همانی برای بررسی ایمنی گیاهان تراریخته در سطح بین‌المللی مورد استفاده قرار می‌گیرد. طبق توافق سازمان توسعه و همکاری اقتصادی (OECD) (Organization for Economic Cooperation and Development) و سازمان سلامت جهانی (WHO) (World Health Organization)، در این بررسی، غذای انسان و دام حاصل از گیاهان تراریخته، با گیاه والدی و یا نزدیکترین لاین ایزوژن مقایسه می‌شود و در صورتی که ترکیبات جدید با نوع سنتی خود هم‌تراز باشد، هر دو محصول سنتی و تراریخته در سطح ایمنی یکسانی قرار دارند و اگر این تفاوت‌ها خارج از بازه طبیعی باشد، ارزیابی‌های بیشتری انجام خواهد گرفت (۱،٦).

بررسی ایمنی گیاهان تراریخته به واسطه روش‌های سنتی به بررسی چند جانبه زراعی، بررسی ترکیبات، آزمایش‌ها حیوانی و ارزیابی‌های سمیتی محصولات حاصل از گیاهان مهندسی شده ژنتیکی می‌پردازد (۷). اما این آزمایش‌ها نمی‌تواند اثرهای ناخواسته را شناسایی کند. از سال ۲۰۰۰ روش جامع بررسی گیاهان تراریخته در سطوح زیستی مختلف موجودات، گسترش یافت و در نهایت واژه اومیکس اولین بار در سال ۲۰۰۵ در حوزه ایمنی گیاهان تراریخته ظهور کرد (۸). روش‌های اومیکس یا روش‌های شناسایی غیرهدفمند، در شناسایی و بررسی اثرهای ناخواسته به‌کار می‌روند و پیامدهای حضور ژن خارجی را در گیاه در سطوح مختلف ژنوم، پروتئوم و متابولوم مورد ارزیابی قرار می‌دهند (۹).

تکنولوژی‌های ارزیابی گیاهان تراریخته

مطابق توافق سازمان توسعه و همکاری‌های اقتصادی، در آزمایش‌های هدفمند ۵۰ تا ۱۰۰ آنالیت از هر واریته گیاه انتخاب می‌شوند. این ترکیبات شامل مواد

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1396.10.3.6.9]

غذایی، ضد تغذیه‌ای و متابولیت‌های ثانویه هستند، اما به دلیل محدودیت تعداد آنالیت‌های مورد ارزیابی، این آزمایش‌ها بسیاری از ترکیبات و متابولیت‌های ثانویه موجود در گیاهان تراریخته را در بر نمی‌گیرد (۱۰). همچنین در آزمایش‌های هدفمند به بررسی تاثیرات هدف و اولیه پرداخته می‌شود و تغییرات غیر هدف (ناخواسته) ناشی از تغییرات ژنتیکی را نمی‌توانند شناسایی کنند. به همین دلیل، فناوری‌های اومیکس یا روش‌های پروفایلینگ به عنوان روش مفیدی برای ارزیابی و شناسایی تاثیرات غیرهدف مورد استفاده قرار گرفت. در این بررسی بیش از ۹۵ درصد ترکیبات گیاهی مورد بررسی قرار می‌گیرند و امکان شناسایی و مقایسه همزمان ژنوم، پروتئوم و متابولوم در یک موجود را فراهم می‌کند (۱۱).

روش‌های شناسایی اثرهای ناخواسته در گیاهان تراریخته

همان طور که در بخش قبل توضیح داده شد، در مقایسه با روش‌های هدفمند، روش‌های غیرهدفمند عموما برای شناسایی و بررسی سطح وسیعی از ترکیبات و اثرهای ناخواسته آن‌ها به‌کار می‌روند و شامل ترانسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس می‌باشد.

ترانسکریپتومیکس: دو روش ریزآرایه (Micro array) و تکنولوژی توالی‌یابی در بررسی و مقایسه تغییرات بیان ژن گیاهان تراریخته موفق بوده‌اند. اما تغییرات ترانسکریپتوم، لزوما منجر به تغییرات پروتئوم نمی‌شود و بنابراین تغییرات در کیفیت و ترکیبات غذایی را پیش‌بینی نمی‌کند. بنابراین پروفایلینگ ترانسکریپتوم در ارزیابی تغییرات غیرهدف دارای محدودیت است. اما در کنار ترانسکریپتوم، متابولومیکس و پروتئومیکس دو ابزار مکمل ارزیابی گیاهان تراریخته هستند.

پروتئومیکس: پروتئوم ارتباط میان ترانسکریپتوم و متابولوم را تشکیل داده است. پروتئین‌ها به عنوان سموم، ترکیبات ضد غذایی و یا حساسیت‌زا می‌توانند نقش مهمی در سلامتی انسان داشته باشند. بنابراین مطالعه پروتئوم، داده‌های مهمی برای درک تغییرات فرآیندهای زیستی پس از تغییرات ژنتیکی را فراهم می‌کند و در ارزیابی ایمنی گیاهان تراریخته اهمیت فراوان دارد. الکتروفورز دوبعدی با طیف سنجی جرمی متوالی کروماتوگرافی مایع (LC-MS/MS) ادغام شده است و در سطح گسترده‌ای در ارزیابی تغییرات ژنتیکی بر روی پروتئوم گیاهان تراریخته استفاده شده است. همچنین به منظور پیش‌بینی آلرژی‌زایی، طیف‌سنجی جرمی و روش الکتروفورز دو بعدی به همراه ایمنوبلاتینگ مورد استفاده قرار گرفته است. در این روش پروتئین‌های حساسیت‌زای متصل به آنتی‌بادی‌های IgE شناسایی می‌شوند و داده‌های کمی و کیفی مربوط به آن‌ها فراهم می‌شود (۱۲).

متابولومیکس: در سال‌های اخیر بررسی متابولوم گسترش یافته است. به دلیل قابلیت این فناوری در بررسی تعداد بسیاری از متابولیت‌ها، جایگزین مناسبی برای بررسی ترکیبات به شمار می‌رود. روش‌هایی که به خوبی در این حوزه گسترش یافته‌اند شامل رزونانس مغناطیسی هسته‌ای (NMR) و روش‌های مبتنی بر اسپکترومتری جرمی (MS) می‌باشند. این روش‌ها در سطح وسیعی در پروفایلینگ و بررسی اثر انگشت متابولیت‌ها مورد استفاده قرار گرفته‌اند.

روش رایج برای درک و تحلیل داده‌های حاصل از

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1396.10.3.6.9]

اومیکس، شامل کاربرد روش‌های چندمتغیره، مانند تحلیل افتراق مربع ناقص (PLS-DA) و بررسی اجزای اصلی (PCA)، می‌باشد. تعداد بسیاری از گیاهان زراعی با دو روش مذکور و ترکیب آن‌ها با روش‌های آماری مورد مطالعه قرار گرفته‌اند. در این مقاله به بررسی مطالعات پروفایل سطوح مختلف زیستی حاصل از تغییرات ژنتیکی در گیاهان مهم زراعی و مقایسه آن با واریته‌های مشابه سنتی مربوطه پرداخته می‌شود (۱۳).

ذرت

در مقایسه پروتئوم دانه دو واریته (MON810 PR33P67 و DKC6575) و لاین‌های کنترل آن‌ها، در تعداد کمی از لکه‌ها حدود ۱/۱ تا ۱/۸ تغییر تاخوردگی مشاهده شده است (۱٤). مقایسه پروتئوم برگ در جفت واریته DKBYG240 و DKB240 و جفت واریته DKBYG350 و DKB350 نشان می‌دهد که پروفایل پروتئین ٤ واریته تراریخته MON810 مشابه واریته غیر تراریخته آن است. به طور کلی بیان ژن هدف در گیاه میزبان تاثیر چشمگیری بر پروتئوم میزبان نداشته است و در ارزیابی ویژگی‌های مولکولی گیاهان تراریخته فاکتورهای محیطی نیز باید در نظر گرفته شوند (۱۵).

پژوهش‌های جامعی بر روی پروفایل ترانسکریپتوم، پروتئوم و متابولوم دو لاین ذرت تراریخته (مقاوم به گلیفوسیت و MON810) و کنترل‌های متناظر آن‌ها انجام شد. محققان دریافتند که محیط (سال برداشت، عملیات کشاورزی و مکان کشت) بر روی بیان ژن، پراکنش پروتئین و محتوای متابولوم تاثیر قوی‌تری نسبت به تغییرات ژنتیکی دارد. همچنین برای هر سه مکان کشت متفاوت، پروفایل‌های متمایزی مشاهده شده است (۱٦).

برنج

ارزیابی پروفایل پروتئوم دانه برنج دو لاین تراریخته Bar68-1 حامل ژن *bar* و لاین 2036-1a حامل ژن *cry1AC* به وسیله تحلیل افتراقی پروتئین‌ها (2D-DIGE)، تغییر معناداری با رقم کنترل (D68 و MH86) نشان نداده است (۱۷).

مقایسه دو لاین تراریخته برنج شامل یک لاین حامل ژن‌های ضد قارچی (RCH10, RAC22, β-Glu, and B-RIP) و یک لاین حامل ژن مقاومت به حشره (cry1Ac) با گیاهان مشابه سنتی آن‌ها، تغییرات بین ٪۲۰ تا ٪۷۵ آمینواسیدها، ٪۱۹ تا ٪۳۸ اسیدهای چرب، ٪۲۵ تا ٪۵۷ ویتامین‌ها، ٪۲۰ تا ٪۵۰ عناصر مختلف را نشان داده است که همه این تغییرات در محدوده تغییرات واریته‌های طبیعی قرار داشته است (۱۸).

سویا

در مطالعه بیان ژن در برگ سویا در دو گروه تراریخته مقاوم به گلیفوسیت (2601R و PS46RR) و مشابه سنتی آن (رقم OAC Bayfield و SO3-W4) نشان داده شده است که تفاوت بیان ژن در واریته‌های تراریخته کمتر از تفاوت میان واریته‌های غیرتراریخته است (۱۹). همچنین بررسی پروتئوم بذر سویای Roundup Ready حامل ژن *cp4 epsps* و گیاه کنترل غیرتراریخته نشان داده است که بیان مواد حساسیت‌زای درونی سویا پس از تغییرات ژنتیکی دچار تغییر نشده است (۲۰).

در بررسی این‌همانی سویا تراریخته مقاوم به علف‌کش، لاین‌های سویای غیر تراریخته حاصل از ۳۵ سال اصلاح سنتی و سه لاین تراریخته مقاوم به

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1396.10.3.6.9]

گلیفوسیت مورد مطالعه قرار گرفت. بررسی متابولوم با استفاده از روش‌های LC-MS و GC-MS نشان می‌دهد که تفاوت متابولوم لاین‌های تراریخته بسیار کوچک بوده و در بازه تنوع طبیعی متابولوم ارقام متفاوت سویا قرار داشته است. این مطالعات نشان می‌دهد که تغییرات ژنتیکی حاصل از انتقال ژن در مسیرهای متابولیتی نقش مهمی نخواهد داشت (۲۱).

گوجه‌فرنگی

در بررسی این‌همانی پروتئوم گیاهچه لاین تراریخته و غیرتراریخته گوجه‌فرنگی مقاوم به ویروس پژمردگی لکه‌ای (TSWV)، هیچ‌گونه تفاوت کیفی و کمی در پروتئوم مشاهده نشده است (۲۲). همچنین در بررسی مقایسه‌ای پروتئوم برگ گوجه‌فرنگی تراریخته مقاوم به ویروس موزاییک خیار حامل ژن scfv (G4) با لاین کنترل، هیچ تغییر معنی‌داری مشاهده نشده است (۲۳).

سیب‌زمینی

آزمایش‌ها این همانی متابولوم غده‌های سیب‌زمینی ترایخته تولیدکننده اینولین، پروفایل‌های مشابه لاین‌های والدی را نشان داده است و تنوع مشاهده شده در محدوده واریته‌های مشابه سنتی قرار گرفته است (۲٤). همچنین آزمایش‌های CE-MS در سیب‌زمینی مقاوم به ویروس Y (PYV) نشان داده است که در پروفایل متابولوم غده گیاه تراریخته در مقایسه با گیاه غیرتراریخته تفاوتی مشاهده نشده است (۲۵).

نتیجه و بحث

با ورود ژنوم خارجی به گیاه میزبان، احتمال برهم خوردن چارچوب خوانش و توالی‌های تنظیمی و مسیرهای بیوشیمیایی و امکان تولید ترکیبات و سموم اندوژن وجود دارد. به همین دلیل ایمنی گیاهان تراریخته از موضوعات مورد بحث به شمار می‌رود. این مخاطرات احتمالی به وسیله بررسی‌های کنترل ایمنی مورد بررسی قرار می‌گیرد و به شناسایی اثرهای هدف و غیر هدف و تاثیر آن بر سلامتی انسان، دام و محیط زیست پرداخته می‌شود. اگرچه پس از گذشت ۲۰ سال از تجاری‌سازی گیاهان تراریخته، هیچ گزارشی مبنی بر مضر بودن این گیاهان بر سلامت انسان، موجودات دیگر و محیط زیست وجود ندارد، فناوری‌های اومیکس به عنوان ابزاری کارآمد در بررسی اثرهای ناخواسته مورد استفاده قرار می‌گیرد. مطالعات انجام شده به وسیله اومیکس نشان می‌دهد که تغییرات ژنتیکی در گیاهان تراریخته موجب تغییرات کمتری نسبت به تنوع طبیعی موجود در گیاهان مشابه سنتی شده است. نکته حائز اهمیت در فناوری اومیکس، رعایت یکپارچگی در کیفیت آزمایش‌ها و بررسی داده‌ها، تکرار آزمایش‌ها و ارزیابی آماری و اعتبار بخشی زیستی آن است.

بنابراین گیاهان تراریخته نه تنها بر اساس بیان مناسب صفت جدید، بلکه بر اساس فنوتیپ و این‌همانی ترکیبات در مقایسه با مشابه سنتی آن انتخاب می‌شوند. در مطالعات اومیکس اثرهای محیطی (مکان مزرعه، زمان نمونه گیری در طول فصل یا در فصول متفاوت و مواد مغذی معدنی) بر تغییر پروفایل‌های سطوح مختلف زیستی نیز بررسی می‌شود.

از آن‌جا که با استفاده از اومیکس می‌توان در سطح وسیعی از ژن، پروتئین و متابولیت به ارزیابی گیاهان تراریخته پرداخت در نتیجه این فناوری نه به عنوان جایگزین روش‌های ارزیابی سنتی، بلکه به عنوان مکمل این روش‌ها، می‌تواند در سطح گسترده‌تری به

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1396.10.3.6.9]

بررسی ایمنی گیاهان تراریخته بپردازد. داده‌های گردآوری شده اهمیتی بسیار زیادی دارند. چرا که نشان می‌دهند که با حذف اثرهای محیطی از آزمایش‌های، لاین‌های تراریخته لزوما با تغییرات چند جانبه مواجه نیستند. این موضوع می‌تواند عامل تشویق کننده‌ای در استفاده آتی گیاهان تراریخته به منظور ارتقای کیفیت غذای انسان و دام محسوب شود.

فهرست منابع

References

۱- حیدریان آرمینه, توحیدفر مسعود, حسنی سیدحسن. ۱۳۹۱. مروری مختصر بر اهمیت پروتئومیکس در ارزیابی ایمنی گیاهان تراریخته. ایمنی زیستی – دوره : ٤ – شماره : ۳ – صفحه: ۹ –۱۸.

1- Tohidfar, M., & Salehi Jouzani, G. (2008). Genetic engineering of crop plants for enhanced resistance to insects and diseases in Iran. Transgen Plant J, 2, 151-156.

2- Schauzu, M. (2000). The concept of substantial equivalence in safety assessment of foods derived from genetically modified organisms. AgBiotechNet, 2(044), 1-4.

3- Ricroch, A. E., Bergé, J. B., & Kuntz, M. (2011). Evaluation of genetically engineered crops using transcriptomic, proteomic and metabolomic profiling techniques. Plant physiology, pp-111.

4- Li, X., Huang, K. L., Zhu, B. Z., Tang, M. Z., & Luo, Y. B. (2005). Potentiality of "omics" techniques for the detection of unintended effects in genetically modified crops. J Agric Biotechnol, 13, 1082-1088.

5- Huang, K., 2017. Safety Assessment of Genetically Modified Foods. Springer.

6- Kuiper, H. A., Kleter, G. A., Noteborn, H. P., & Kok, E. J. (2001). Assessment of the food safety issues related to genetically modified foods. The plant journal, 27(6), 503-528.

7- Millstone, E., Brunner, E., & Mayer, S. (1999). Beyond 'substantial equivalence'. Nature, 401(6753), 525.

8- Davies, H. (2010). A role for "omics" technologies in food safety assessment. Food Control, 21(12), 1601-1610.

9- Chassy, B. M. (2010). Can–omics inform a food safety assessment. Regulatory Toxicology and Pharmacology, 58(3), S62-S70.

10- Satoh, R., Nakamura, R., Komatsu, A., Oshima, M., & Teshima, R. (2011). Proteomic analysis of known and candidate rice allergens between non-transgenic and transgenic plants. Regulatory Toxicology and Pharmacology, 59(3), 437-444.

11- Gong, C. Y., & Wang, T. (2013). Proteomic evaluation of genetically modified crops: current status and challenges. Frontiers in plant science, 4, 41.

12- Frank, T., & Engel, K. H. (2013). Metabolomics of genetically modified crops. Future Science Ltd.

13- Coll, A., Nadal, A., Collado, R., Capellades, G., Messeguer, J., Melé, E., ... & Pla, M. (2009). Gene expression profiles of MON810 and comparable non-GM maize varieties cultured in the field are more similar than are those of conventional lines. Transgenic research, 18(5), 801-808.

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1396.10.3.6.9]

14- Zolla, L., Rinalducci, S., Antonioli, P., & Righetti, P. G. (2008). Proteomics as a complementary tool for identifying unintended side effects occurring in transgenic maize seeds as a result of genetic modifications. Journal of proteome research, 7(5), 1850-1861.

15- Barros, E., Lezar, S., Anttonen, M. J., Van Dijk, J. P., Röhlig, R. M., Kok, E. J., & Engel, K. H. (2010). Comparison of two GM maize varieties with a near-isogenic non-GM variety using transcriptomics, proteomics and metabolomics. Plant biotechnology journal, 8(4), 436-451.

16- Gong, C. Y., Li, Q., Yu, H. T., Wang, Z., & Wang, T. (2012). Proteomics insight into the biological safety of transgenic modification of rice as compared with conventional genetic breeding and spontaneous genotypic variation. Journal of Proteome Research, 11(5), 3019-3029.

17- Jiao, Z., Si, X. X., Li, G. K., Zhang, Z. M., & Xu, X. P. (2010). Unintended compositional changes in transgenic rice seeds (Oryza sativa L.) studied by spectral and chromatographic analysis coupled with chemometrics methods. Journal of agricultural and food chemistry, 58(3), 1746-1754.

18- Cheng, K. C., Beaulieu, J., Iquira, E., Belzile, F. J., Fortin, M. G., & Strömvik, M. V. (2008). Effect of transgenes on global gene expression in soybean is within the natural range of variation of conventional cultivars. Journal of agricultural and food chemistry, 56(9), 3057-3067.

19- Batista, R., Martins, I., Jenö, P., Ricardo, C. P., & Oliveira, M. M. (2007). A proteomic study to identify soya allergens–the human response to transgenic versus non-transgenic soya samples. International archives of allergy and immunology, 144(1), 29-38.

20- Kusano, M., Baxter, I., Fukushima, A., Oikawa, A., Okazaki, Y., Nakabayashi, R., ... & Phillips, J. R. (2015). Assessing metabolomic and chemical diversity of a soybean lineage representing 35 years of breeding. Metabolomics, 11(2), 261-270.

21- Corpillo, D., Gardini, G., Vaira, A. M., Basso, M., Aime, S., Accotto, G. P., & Fasano, M. (2004). Proteomics as a tool to improve investigation of substantial equivalence in genetically modified organisms: The case of a virus-resistant tomato. Proteomics, 4(1), 193-200.

22- Di Carli, M., Villani, M. E., Renzone, G., Nardi, L., Pasquo, A., Franconi, R., ... & Desiderio, A. (2008). Leaf proteome analysis of transgenic plants expressing antiviral antibodies. Journal of proteome research, 8(2), 838-848.

23- Catchpole, G. S., Beckmann, M., Enot, D. P., Mondhe, M., Zywicki, B., Taylor, J., ... & Fiehn, O. (2005). Hierarchical metabolomics demonstrates substantial compositional similarity between genetically modified and conventional potato crops. Proceedings of the National Academy of Sciences, 102(40), 14458-14462.

24- Bianco, G., Schmitt-Kopplin, P., Crescenzi, A., Comes, S., Kettrup, A., & Cataldi, T. R. (2003). Evaluation of glycoalkaloids in tubers of genetically modified virus Y-resistant potato plants (var. Désirée) by non-aqueous capillary electrophoresis coupled with electrospray ionization mass spectrometry (NACE–ESI–MS). Analytical and bioanalytical chemistry, 375(6), 799-804.

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1396.10.3.6.9]

Application of modern technologies in evaluation of genetically modified crops

Maryam Rashidifar[1], Masoud Tohidifar*[2]

1- PhD student of Biotechnology, Faculty of Energy Engineering and New Technology Shahid Beheshti University, Biotechnology Department, Tehran, Iran

2- Assistant Professor of Biotechnology, Faculty of Energy Engineering and New Technology Shahid Beheshti University, Tehran, Iran

maryam_rashidifar@yahoo.com

Abstract

Given this fact that conventional crop technology, lonely, cannot feed the immense growing number of world' population, the global scientific community agreed on a balanced and simultaneous consumption of both conventional and biotechnological (GM and non-GMtraits) crop. Although twenty years' commercialization of biotech crops has confirmed no negative impacts of GM plant on environment and living organisms, still risk assessments are required. Since the traditional analysis is able to recognize solely the intended effects, omics approaches are applied to determine the unintended effects. These non-targeted approaches have become more comprehensive in characterizing the composition and performance of GM crops and detecting the unintended effects. Therefore, Omics studies would provide important information for understanding changes in different biological levels after genetic modification and are important for evaluating biological safety of GM crops.

Keyword: genetically modified crops, biosafety, omics.

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1396.10.3.6.9]