مجله ایمنی زیستی
دوره ۹، شماره ۴، زمستان ۱۳۹۵

مهندسی ژنتیکی به مثابه ابزار توسعه تنوع زیستی

مهدی زهراوی
استادیار بانک ژن گیاهی ملی ایران، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر-بخش تحقیقات ژنتیک و بانک ژن گیاهی ملی ایران، کرج، البرز، ایران

mehdizahravi@yahoo.com

چکیده

تنوع زیستی، عامل کلیدی بقاء هر اکوسیستم می‌باشد. از بین سطوح تنوع زیستی، تنوع ژنتیکی به عنوان ماده خام اصلاح ژنتیکی، از بیشترین توجه در جوامع کشاورزی برخوردار بوده و وجود و دامنه آن، به عنوان شاخصی از پایداری تولید به شمار می‌رود. منابع ژنتیکی، اساس کشاورزی مدرن را تشکیل می‌دهند و برای حصول امنیت غذایی لازم می‌باشند. خطر نابودی منابع ژنتیکی از اواسط قرن بیستم مورد توجه دانشمندان قرار گرفت و متعاقب آن اقدامات جهانی در جهت حفاظت از این ذخایر گرانبها صورت پذیرفت. با این‌حال روش‌های اصلاح ژنتیکی، به‌نوبه خود منجر به محدود شدن پایه ژنتیکی و ایجاد آسیب‌پذیری در برابر عوامل نامساعد زیستی و محیطی شده است. از سوی دیگر ظرفیت عظیمی در خزانه‌های ژنتیکی به عنوان منبع بسیاری از خصوصیات ارزشمند، موجود است که به دلیل محدودیت‌های روش‌های سنتی، بلا استفاده مانده است. ورود مهندسی ژنتیک با قابلیت گذر از مرزهای محدودکننده، نوید بخش آزادسازی ظرفیت نهفته در منابع ژنتیکی و توسعه ژرم‌پلاسم می‌باشد. مهندسی ژنتیک با هدف قرار دادن آفات مضر و مهار اختصاصی آن‌ها، مانع از نابودی ارگانیسم‌های مفید می‌شود. همچنین در جلوگیری از فرسایش خاک نقش بسزایی داشته و بدین‌ترتیب سبب حفظ تنوع زیستی موجود در خاک شده است.

کلمات کلیدی: تراریخته، تغییریافته ژنتیکی، ژرم‌پلاسم، تنوع ژنتیکی، بانک ژن

مقدمه

بشر برای بقاء و بسیاری از ضروریات حیاتی خود، مانند غذا، سوخت، پوشاک و سرپناه، به منابع ژنتیکی گیاهی متکی است. نتایج مطالعه‌ای که توسط سازمان فائو انجام گرفت، نشان داد که گیاهان در تامین بخش عمده‌ای از غذای جهان خصوصا در کشورهای درحال توسعه نقش دارند. سهم گیاهان در تامین انرژی و پروتئین رژیم غذایی به ترتیب ۷۸ و ۶۳ درصد است در حالی‌که این میزان برای منابع حیوانی به ترتیب برابر با ۱۶ و ۷۳ درصد می‌باشد. طبق برآورد فائو، ۶۰ درصد کالری مصرفی بشر توسط پنج محصول برنج، گندم، ذرت، چغندر قند و نیشکر، تامین می‌شود. بسیاری از دانشمندان بر این باور هستند که منابع ژنتیکی گیاهی برای غذا و کشاورزی،

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

اساس کشاورزی مدرن را تشکیل می‌دهند و برای حصول امنیت غذایی لازم می‌باشند. به اعتقاد آن‌ها، بخش اعظم افزایش میزان تولید غذا در نیم قرن گذشته، حاصل نوآوری‌های اصلاح نباتات مبتنی بر تنوع ژنتیکی بوده است. با توسعه تکنیک‌های اصلاح نباتات مدرن که گزینش صفات مطلوب را تسهیل بخشیده است، اصلاح ژنتیکی سرعت گرفت. به‌نژادگران مواد والدینی متفاوت را تلاقی داده و به انتخاب صفات پرداختند تا به عملکرد و کیفیت بهتر برای انواع گیاهان زراعی دست پیدا کنند. در پی این تحولات، مهندسی ژنتیک با پتانسیلِ حل مشکلاتِ لاینحلِ اصلاح نباتات سنتی، مانند مقاومت به آفات و بیماری‌های کلیدی و تحمل به تنش‌های محیطی پا به عرصه گذاشت. اما مانند هر فناوری نوظهور دیگر، دامنه کاربرد و اثرات این فناوری بر موجودات و محیط پیرامون، مباحثات و مناقشاتی را برانگیخت. تاثیر گیاهان تراریخته بر اکوسیستم‌ها و تنوع زیستی، در زمره موضوعات این‌گونه مجادلات بوده است. در این مقاله قصد داریم جایگاه مهندسی ژنتیک و نقش و تاثیر آن را در حفظ و توسعه تنوع زیستی مورد بحث و بررسی قرار دهیم.

تنوع زیستی

تنوع زیستی به تعداد، انواع و تغییرات موجود بین گونه‌های گیاهان، جانوران، ریزسازواره‌ها و نظام‌های اکولوژیکی که در آن زیست می‌کنند اشاره دارد. تنوع در داخل یک اکوسیستم، بقاء و بهره‌وری از آن را میسر می‌سازد و در عین حال طیف وسیعی از محصولات و خدمات را برای استفاده بشر فراهم می‌کند. تنوع زیستی کشاورزی (Agrobiodiversity) از اهمیت اهمیت اکولوژیکی، اقتصادی و فرهنگی برخوردار است و پایداری و بهره‌وری از آن را تضمین می‌کند (۳۰).

کنوانسیون تنوع زیستی، تنوع زیستی را به سه سطح مستقل تقسیم نمود. تنوع اکوسیستمی به‌عنوان تغییرات بین جوامع، از لحاظ وابستگی متقابل گونه‌ها و محیط فیزیکی که در آن زندگی می‌کنند، تعریف می‌شود و به انواع ماوای زیستی مانند مراتع، تالاب‌ها و ... در داخل یک ناحیه اشاره دارد. اکوسیستم‌های کشاورزی طیف گسترده‌ای از جوامع متنوع را در مقیاس ملی و محلی در برمی‌گیرند که به نوبه خود در به حداکثر رساندن امنیت غذایی نقش داشته و فرصت‌های اشتغال و خودکفایی ملی یا محلی را افزایش می‌دهند. تنوع گونه‌ای به انواع و تعداد گونه‌ها در یک ناحیه اطلاق می‌شود. تنوع گیاهان زراعی و انواع گونه‌های جانوری در یک جامعه می‌تواند از طریق کاهش اتکا به یک جزء منفرد از اکوسیستم، سبب افزایش پایداری آن شود. چنین تنوعی استفاده کارآمد از منابع را میسر می‌سازد. تنوع گونه‌ای در سطح مزرعه، از قبیل کاشت ارقام مخلوط می‌تواند سبب ایجاد یک بافر در برابر شرایط ناسازگار محیطی و آفات و بیماری‌ها شود. تنوع ژنتیکی به ژن‌های متفاوت و تغییرات داخل یک گونه اطلاق می‌شود. این تنوع، نشان‌دهنده اطلاعات ژنتیکی در موجودات وابسته به یک گونه است که هر کدام از آن‌ها دربرگیرنده تجمعی منحصر به فرد از ژن‌ها می‌باشند و در مجموع، میراث تکاملی را تشکیل می‌دهند. این تنوع از سطح مولکولی، به‌صورت توالی‌هایی در کروموزوم‌ها موجود بوده و سبب سازگاری محیطی و درنهایت تکامل گونه‌ها می‌شوند. تنوع ژنتیکی، گونه‌ها را قادر می‌سازد که نسبت به اکوسیستم یا محیط‌های

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

جدید یا تغییرات رخ داده در محیط، ناشی از گزینش طبیعی یا مصنوعی، سازگار شوند. تنوع در داخل یک گونه، خطر نابودی در اثر بیماری یا آفات را کاهش داده و فرصت بهره‌برداری از محیط‌های گوناگون را از طریق ویژگی‌های متنوع مانند عادات رشدی و الگوی ریشه‌بندی متفاوت، فراهم می‌آورد. چنین عواملی می‌توانند هم در پایداری و هم در بهره‌وری بیشتر، نقش داشته باشند. در عین حال تنوع ژنتیکی، مخزنی از ژن‌ها برای اصلاح گیاه زراعی توسط کشاورزان یا به‌نژادگران فراهم می‌آورد (٥٤).

از بین سه سطح از تنوع که در مجموع تنوع زیستی را تشکیل می‌دهند، تنوع ژنتیکی از بیشترین توجه در جوامع کشاورزی برخوردار بوده است. وضعیت تنوع ژنتیکی به عنوان ماده خام در اصلاح ارقام و شاخص پایداری تولید کشاورزی، مورد بیشترین نگرانی برای تولید کشاورزی بوده است (٥٤).

فرسایش ژنتیکی

نگرانی پیرامون فرسایش ژنتیکی ذخایر ژنتیکی گیاهی، برای اولین بار توسط دانشمندان در اواسط قرن بیستم عنوان شد و از آن زمان به‌عنوان موضوعِ بخش مهمی از سیاست‌های ملی و معاهده‌های بین‌المللی قرار گرفته است. سه عامل عمده در زوال تنوع ژنتیکی نقش دارد که عبارت از نابودی رویشگاه‌های طبیعی، جایگزینی توده‌ها یا نژادهای محلی (Landraces) ایجاد شده توسط کشاورز با ارقام اصلاح شده، و یکنواختی ژنتیکی در ارقام صلاح شده می‌باشند.

تخریب رویشگاه‌های طبیعی مشکل ویژه کشورهای در حال توسعه می‌باشد. این کشورها برای تبدیل و تغییر کاربری اراضی طبیعی، تحت فشار بیشتری نسبت به کشورهای توسعه یافته می‌باشند. برآورد می‌شود از بین رفتن جنگل‌های بارانی نواحی گرمسیری با نرخ فعلی، منجر به حذف ١٠-٥ درصد گونه‌های جهان تا سال ٢٠٢٠ خواهد شد. با درنظر گرفتن حدود ١٠ میلیون گونه‌های موجود در جهان، این نرخ برابر با نابودی ٥٠٠٠٠-١٥٠٠٠ گونه در سال یا ١٥٠-٥٠ گونه در روز خواهد بود (٥).

تنوع ژنتیکی همچنین با جایگزینی نژادها یا جمعیت‌های محلی با ارقام اصلاح شده، کاهش یافته است. در فرآیند اصلاح نباتات مدرن، ارقام سنتی (نژادهای محلی) توسعه یافته توسط کشاورزان، با ارقام مدرن جایگزین می‌شوند. مطالعات نشان می‌دهند که نسبت به یک قرن گذشته مساحت بسیاری کمتری در جهان به کشت ارقام محلی، اختصاص یافته است. به عنوان مثال نتایج بررسی‌ها نشان داده است که در دهه ١٩٩٠، فقط ١٥ و ١٠ درصد از سطح کشت جهانی برنج و گندم، به نژادهای محلی اختصاص داشت (٩). بیش از ٩٥ درصد از ٨٠٠٠ رقم سیب که سابقا در آمریکا کشت می‌شد، اکنون موجود نمی‌باشند. فقط ٢٠ درصد از تیپ‌های ذرت که در ١٩٣٠ در مکزیک ثبت شده است هم اکنون موجود است. همچنین فقط ١٠ درصد از ١٠٠٠٠ رقم گندم کشت شده در چین در سال ١٩٤٩، هم اکنون باقی مانده است و ... این روند در تمام کشورها اعم از در حال توسعه و توسعه یافته ادامه دارد و متاسفانه برخی از غنی‌ترین مراکز ژنی اولیه و ثانویه چندین گیاه زراعی خوراکی مهم را در برمی‌گیرد (١١).

آسیب‌پذیری ژنتیکی

در فاصله سال‌های ١٨٤٥ الی ١٨٥٢، قحطی بزرگی

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

کشور ایرلند را فرا گرفت. در اثر این فاجعه، یک میلیون نفر از گرسنگی جان باختند و یک میلیون نفر مهاجرت کردند و درنتیجه، یک چهارم از جمعیت این کشور کاهش یافت. به اعتقاد برخی مورخین، این قحطی بزرگ نقطه عطفی در تاریخ ایرلند به شمار می‌رود، به‌طوری که این کشور حتی پس از اتمام قحطی، همچنان دچار کاهش جمعیت بود. بسیاری از جوانان ایرلندی آینده خود را در کشورهای دیگر مانند آمریکا می‌دیدند و این‌امر بر آینده ایرلند تاثیر گذاشت. زیرا بخشی از آحاد فعال و تاثیرگذار، در حال ترک کشور بودند. فرهنگ کشور نیز از این فاجعه بی‌تاثیر نماند و بلکه شدیدا متاثر شد. کاهش شدید محاوره به زبان گالیک مرتبط با حوادث اواخر دهه ۱۸٤۰ است. محاوره این زبان در انگلستان، اسکاتلند و آمریکا (کشورهای هدف مهاجران قحطی‌زده) جایی نداشت. این زبان در غرب ایرلند بیشترین رواج را داشت که اتفاقا مناطقی با بیشترین خسارت در اثر قحطی، هم به لحاظ تعداد جان باختگان و هم از نظر تعداد مهاجران، بودند. بروز قحطی ایرلند ناشی از اپیدمی گسترده بیماری بادزدگی (با عامل *phytophthora infestans*) و ایجاد خسارت به محصول سیب زمینی ناشی از فقدان تنوع ژنتیکی در برابر این بیماری بود. این فاجعه معمولا به عنوان یک مثال کلاسیک از آثار زیان‌بار آسیب‌پذیری ژنتیکی ذکر می‌شود، ولی نمونه‌های مشابه زیادی در تاریخ کشورهای مختلف وجود دارد که اهمیت آن را نشان می‌دهد.

آسیب‌پذیری ژنتیکی از شرایط مخاطره آمیز بالقوه است که از پایه ژنتیکی باریک ناشی می‌شود. در طی قرن گذشته، توسعه و کاربرد موفقیت‌آمیز روش‌های اصلاح نباتات، منجر به تولید ارقام پرمحصول شده است که اساس کشاورزی مدرن را تشکیل داده‌اند. افزایش تقاضا برای یکنواختی در عملکرد، کیفیت و خصوصیات زراعی مانند جوانه‌زنی سریع و یکنواخت بذر، گلدهی و رسیدن همزمان، ارتفاع یکسان جهت سهولت برداشت مکانیکی، یکنواختی طعم، عطر و ترکیبات شیمیایی، منجر به استفاده روز افزون از ارقام مدرن سازگار در فرآیند اصلاح ارقام جدید و درنتیجه خویشاوندی ژنتیکی نزدیک بین آن‌ها، شده است. به‌عبارت دیگر فرآیند اصلاح گیاهان خود، پایه ژنتیکی که بر آن استوار است را تهدید می‌کند. ارقام جدید معمولا حاصل تلاقی بین ارقام مدرن با خویشاوندی ژنتیکی می‌باشند، لذا اجداد وحشیِ اولیه که از لحاظ ژنتیکی متنوع، ولی کم محصول هستند، تقریبا از اکثر برنامه‌های اصلاحی حذف شده‌اند. سویا و گندم نمونه‌های بارزی از گیاهان زراعی با پایه ژنتیکی باریک می‌باشند. به‌طور مثال ارقام سویا در ایالات متحده آمریکا را می‌توان به چند نژاد محدود به ناحیه‌ای کوچک در شمال شرق چین ردیابی نمود. همچنین اکثر ارقام گندم قرمز سخت زمستانه در ایالات متحده آمریکا، صرفا از دو لاین وارد شده از لهستان و روسیه نشات گرفته‌اند (۱۲، ۲۵). در یک مطالعه توسط دیدلی (۱۰) مربوط به ارتباطات شجره‌ای در ۱٤۰ نمونه ژنتیکی برنج در آمریکا، مشخص شد که تمام ژرم‌پلاسم والدی در ارقام عمومی مورد استفاده در جنوب آمریکا را می‌توان در ۲۲ رقم معرفی شده در اوایل دهه ۱۹۰۰ ردیابی کرد و آن‌هایی که در کالیفرنیا کشت می‌شوند به ۲۳ رقم معرفی شده در سابق، قابل دریابی می‌باشند. نتایج یک بررسی نشان داد که تنوع ژنتیکی ارقام گندم بهاره اصلاح شده سیمیت طی سال‌های ۱۹۵۰ الی ۱۹۸۹

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

کاهش یافته است (٤٤). در جریان باریک شدن پایه ژنتیکی طی فرآیند اصلاحی، معمولا ارقام پرعملکرد به‌عنوان یکی از والدین در شجره ارقام اصلاح شده قرار می‌گیرند و این امر باعث ایجاد خویشاوندی ژنتیکی نزدیک در ارقامی است که در سطح دنیا بطور وسیع کشت شده‌اند. به‌همین دلیل هر از چندگاهی شاهد اپیدمی گسترده بیماری‌ها هستیم که حتی گسترش بین قارهای پیدا می‌کنند و بدین‌ترتیب همواره تهدیدهای جدیدی از آفات و بیماری‌ها در حال ظاهر شدن است. نمونه بارز آن، اپیدمی Ug99 است که از زمان پیدایش در دو دهه گذشته، به یک تهدید بین‌المللی برای تولید گندم تبدیل شده است. Ug99 نژادی از قارچ *Puccinia graminis tritici*، عامل بیماری زنگ سیاه در گندم می‌باشد که نخستین بار در سال ۱۹۹۸ در اوگاندا شناسایی شد. در مجموع هفت نژاد از این بیماری شناسایی شده است که تحت عنوان نژاد Ug99 نام برده می‌شوند. این نژادها به کشورهای مختلف که به کشت گندم مباردت دارند از جمله زیمباوه، آفریقای جنوبی، سودان، یمن و ایران گسترش پیدا کرده‌اند. براساس تحقیقات انجام شده، ۹۰ درصد ارقام گندم زیر کشت در دنیا نسبت به Ug99 حساس می‌باشند و از این‌رو این نژاد بیماری به عنوان یک تهدید عمده برای تولید گندم و امنیت غذایی مطرح شده است.

علاوه بر عوامل فوق‌الذکر، پدیده رانده شدن ژنتیکی و فشار انتخاب نیز سبب ایجاد فرسایش ژنتیکی تجمعی می‌شود که گاهی اوقات از فرسایش ژنتیکی که در مزرعه در حال وقوع است پیشی می‌گیرد (۱۵). این پدیده‌ها طی فرآیند اهلی شدن رخ داده است.

فرآیند اهلی شدن

امروزه کشاورزی مدرن و به نوعی بقاء بشر، متکی به چند گونه زراعی پربازده است. این گیاهان زراعی خوراکی حدود ۱۰۰۰۰ سال قبل توسط بشر در طی گذر از مرحله شکارچی-گردآورنده به زندگی اجتماعی، از گونه‌های وحشی، اهلی شده‌اند. با توجه به این‌که گیاهان گلدار حدود ۱۵۰ میلیون سال پیش تکامل یافته‌اند، قدمت این فرآیند اهلی شدن به لحاظ تاریخی به اندازه یک پلک به‌هم زدن به‌حساب می‌آید (۵۱).

اهلی شدن عبارت از فرآیند گزینش توسط بشراست که به منظور سازگار شدن گیاهان و حیوانات با شرایط کشت و پروش یا مصرف محصولات آن‌ها انجام شده است. رویداد اهلی شدن در پی عصر یخبندان در چندین نقطه متفاوت در جهان رخ داده است و کشاورزی از این مراکز به سایر نواحی مانند اروپا و شمال آمریکا گسترش یافته است.

گرچه مراحل دقیق اهلی شدن گیاهان نامشخص است، اما احتمال می‌رود فشار گزینشی شدیدی توسط بشر بر روی تنوع ژنتیکی موجود در گونه‌های وحشی اعمال شده، به‌نحوی که سبب تغییر سریع و شدید گونه‌های گیاهی شده باشد (۵۲). به‌عبارت دیگر گیاهان زراعی خود، حاصل تغییرات ژنتیکی (Genetic modifications) هستند که در دوره‌ای به طول تقریبی ۱۰۰۰۰ سال در چندین نقطه دنیا روی داده است. این تغییرات شامل فرآیند اهلی شدن و گزینش برای قابلیت کشت و تولید محصولات قابل مصرف توسط بشر می‌باشد (٤۸، ۲۵). برخی صفات مانند عدم ریزش بذرها، عادت رشد متراکم، یا حذف موانع جوانه زدن توسط اولین کشاورزان گزینش

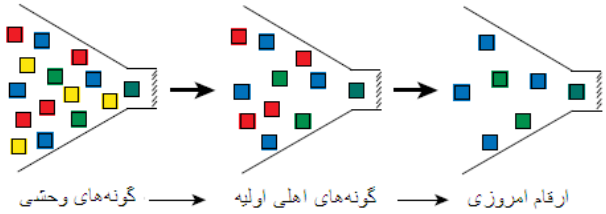
[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

شده‌اند (۲۸). همچنین گیاهان برای سازگاری به محیط‌های جدید نیز دستخوش تغییرات ژنتیکی بوده‌اند، چراکه همان‌طور که در فوق اشاره شد، گونه‌ها از خاستگاه اولیه‌اشان به سایر مناطق یا قاره‌های دیگر گسترش یافته‌اند (۱۸، ۱۹). به‌همین دلیل می‌توان گفت واژه موجودات تغییریافته ژنتیکی (Genetically modified organism) یا GMO برای اشاره به گیاهان مهندسی ژنتیک شده، اصطلاح بی مسمی و غلطی می‌باشد، زیرا به ذهن متبادر می‌کند که هیچ‌گونه تغییرات ژنتیکی قبل از مهندسی ژنتیک وجود نداشته است. از این لحاظ به نظر می‌رسد که اصطلاح موجودات مهندسی ژنتیک شده (Genetically engineered organism) یا تراریخته (Transgenic)، واژه مناسب‌تری بدین‌منظور باشد (۲۰).

همچنین یکی از موارد مورد مناقشه پیرامون فناوری مهندسی ژنتیک، عبارت از اثر تغییرات حاصل از افزودن ژن‌های تراریختی به گیاهان زراعی است. برخی اعتقاد دارند تغییرات جدید ایجاد شده در گیاهان تراریخته، برخلاف نظام طبیعت بوده، لذا ممکن است گیاه زراعی در اثر این تغییرات، از کنترل خارج شده به گونه مهاجم تبدیل شود. برای پاسخ به این ابهام، باید به الگوی گزینش صفات در فرآیند اهلی شدن توجه نمود. علیرغم توزیع جغرافیایی گسترده مراکز اهلی شدن، مجموعه صفات مشابهی را می‌توان در گیاهان زراعی متفاوت مشاهده نمود. این صفات حاصل جهش‌های خودبخودی هستند که در جمعیت‌های وحشی رخ داده و مورد گزینش واقع شده‌اند. بدین ترتیب بسیاری از صفات تحت فرآیند اهلی شدن، توسط بشر به تناسب نیاز یا به‌صورت دلخواه، گزینش یافته‌اند، درحالی که همین صفاتِ تغییر یافته، در حالت طبیعی (وحشی) زیان‌آور یا نامناسب، بوده‌اند. به دلیلِ همین تغییرات شدید، گیاهان زراعی که به‌طور کامل اهلی شده‌اند، بدون مداخله انسان در کاشت و داشت و برداشت، قادر به بقاء نخواهند بود. افزودن ژن‌های تراریختی به گیاهان زراعی بسیار اهلی شده، این اتکاء به انسان را حذف نخواهد کرد، زیرا وابستگی گیاهان زراعی به بشر برای بقاء، مربوط به خصوصیاتی است که ارتباطی با صفات ایجاد شده توسط ژن‌های تراریختی ندارد.

پدیده رانده شدن ژنتیکی در طی فرآیند اهلی شدن و تکثیر گزینشی لاین‌های دارای جهش‌های مطلوب، منجر به باریک شدن تصاعدی پایه ژنتیکی در نسل‌های آتی شده است (۵۱) (شکل ۱). لذا بخش کوچکی از تنوع ژنتیکی به درون گونه‌های اهلی راه یافته و بالعکس، خزانه ژنتیکی گسترده‌ای در گونه‌های اجدادی و خویشاوندان وحشیِ گیاه زراعی باقی مانده است.



شکل۱- گلوگاه‌های ژنتیکی اعمال شده بر گیاهان زراعی در طی فرآیند اهلی شدن و فعالیت‌های اصلاحی نوین. اشکال رنگی نشان‌دهنده تنوع آللی ژن‌ها در جمعیت وحشی اولیه می‌باشند که به‌تدریج در طی اهلی شدن و اصلاح نباتات حذف می‌شوند. احیاء آلل‌های حذف شده فقط از طریق بازگشت به گونه‌های اجدادی گیاهان زارعی مقدور می‌باشد (۵۱).

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]
[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

ذخایر ژنتیکی گیاهی و تعمیم مفهوم ژرم‌پلاسم با ظهور مهندسی ژنتیک

ژرم‌پلاسم را می‌توان به‌صورت مواد ژنتیکی موجود در موجودات زنده تعریف نمود. اصطلاح منابع ژنتیکی گیاهی یا ذخایر توارثی گیاهی، عموما به مجموع ژن‌ها، ترکیبات ژنی یا ژنوتیپ‌هایی اطلاق می‌شود است که برای هدف اصلاح گیاهان زراعی در دسترس می‌باشند. دخایر ژنتیکی گیاهی، یکی از مهمترین ابزار تحقیقات کشاورزی هستند و به‌منظور اصلاح بازدهی و پایداری سیستم‌های تولید در کشورهای در حال توسعه و توسعه یافته مورد استفاده قرار می‌گیرند. نقطه آغاز نظام بین‌المللی برای حفاظت از ژرم‌پلاسم گیاهی به کار پیشرو و درخشان، نیکلای واویلوف برمی‌گردد. او برای اولین بار در دهه ۱۹۲۰ به اهمیت و منافع بالقوه حاصل از جمع‌آوری ذخایر ژنتیکی از اطراف دنیا و ساماندهی آن‌ها به‌صورت کلکسیون پی برد. او توجه کرد که این عمل فقط به منظور جمع‌آوری گیاهان جهت برآوردن نیازمندی‌های اصلاحی در اتحاد جماهیر شوروی سابق نیست، بلکه برای حفاظت از بذرهای در معرض انقراض، ضروری می‌باشد. وی همچنین پی برد که نژادهای محلی ارقام مدرن، در حال جایگزین شدن با ارقام مدرن بوده و تحقیقات گیاهی در حال نابود کردن بنیان هستی خود و در نتیجه تهدید امنیت غذایی جهانی می‌باشد.

به‌طور کلی مفهوم تنوع ژنتیکی، پنج نوع از ذخایر ژنتیکی را در بر می‌گیرد (شکل ۲):

۱- گونه‌های وحشی یا خودرو: گیاهانی هستند که دارای جد مشترک با گیاه زراعی می‌باشند، ولی اهلی نشده‌اند. این گونه‌ها می‌توانند واجد صفات مطلوبی باشند. اما وارد کردن این صفات در رقم زراعی نهایی ممکن است مشکل باشد.

۲- نژادهای (توده‌ها یا جمعیت‌ها) محلی: ارقامی از گیاهان زراعی هستند که توسط کشاورزان در طی نسل‌های متعدد بدون استفاده از تکنیک‌های اصلاح مدرن، به‌وجود آمده‌اند. این ارقام اکثرا از لحاظ تغییرات درون گونه‌ای بسیار متنوع هستند، زیرا هرکدام از آن‌ها به یک محیط ویژه سازگار می‌باشند.

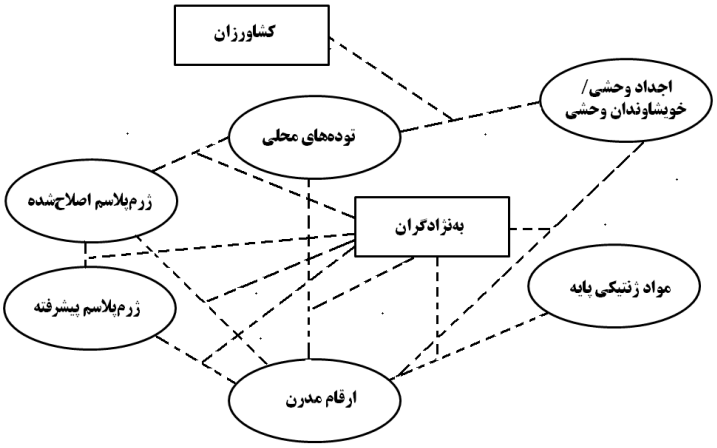
۳- ژرم‌پلاسم اصلاح شده: عبارت از هرگونه ماده گیاهی حاوی یک یا چند صفت مطلوب که تحت گزینش به روش علمی یا با انجام تلاقی برنامه‌ریزی شده، قرار گرفته باشد.

٤- ژرم‌پلاسم پیشرفته (الیت): شامل ارقامی است که برای کشت توسط کشاورزان مناسب می‌باشند و مواد اصلاحی پیشرفته‌ای هستند که به‌نژادگران آن‌ها را برای ایجاد ارقام جدید ترکیب می‌کنند.

۵- مواد پایه ژنتیکی پایه: شامل موتانت‌ها یا انواع ژرم‌پلاسم با نقایص کروموزمی است و می‌تواند توسط به‌نژادگران برای تحقیقات پایه مورد استفاده قرار گیرد.

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]



شکل ۲ – ذخایر ژنتیکی گیاهی و ارتباط با کشاورزان و به‌نژادگران

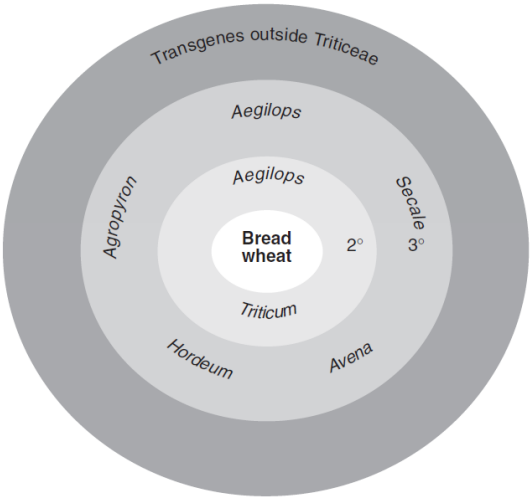
در پی پیشنهاد هارلن و دی‌وت (۲۷) منابع ژنتیکی گیاهی براساس درجه سختی انجام تلاقی جنسی و بدست آوردن نتایج زنده و بارور، به سه خزانه ژنی تقسیم شدند (شکل ۳).

خزانه ژنی (Gene pool) اولیه، شامل خود گونه زراعی و جد وحشی آن می‌باشد. تلاقی در خزانه ژنی اولیه به آسانی صورت می‌گیرد و نتاج حاصل، زنده و بارور می‌باشند. این خزانه ژنی ارتباط نزدیکی با مفهوم بیولوژیکی گونه دارد. خزانه ژنی ثانوی و ثالث شامل سایر گونه‌ها هستند که خویشاوندی کمتری نسبت به گونه زراعی مربوطه دارند. تلاقی بین خزانه‌های ژنی اولی و ثانوی امکان‌پذیر است، گرچه حصول آن مشکل‌تر می‌باشد، نتاج کمتر زنده مانده و کاهش باروری نشان می‌دهند. در نهایت تلاقی بین خزانه ژنتیکی اولیه و ثالث، از همه مشکل‌تر است. تکنیک‌های خاصی مانند کشت بافت و نجات جنین برای بدست آوردن نتاج از این تلاقی‌ها لازم است. نتاج اغلب کاهش شدید در باروری و بقاء نشان می‌دهند.

تعریف هارلن و دی‌وت (۲۷)، در عمل بسیار مفید بوده است زیرا مبتنی بر واقعیات فرآیندهای اصلاحی و معرفی تنوع ژنتیکی جدید به جمعیت اصلاحی از طریق هیبریداسیون جنسی بود (۲۱). اما با ورود فناوری مهندسی ژنتیک، تقسیم‌بندی خزانه‌های ژنی، نیازمند بازتعریف شد (شکل ۳). در حقیقت تکنیک‌های تراریختی گیاهی، دسترسی اصلاح نباتات را به فراتر از محدودیت‌های ناشی از تلاقی‌پذیری، گسترش داده است و لذا خزانه ژنتیکی چهارمی را، مشتمل بر تمام موجودات زنده، به عنوان منبع بالقوه تنوع ژنتیکی، در برمی‌گیرد.

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]



شکل ۳ – خزانه‌های ژنی گندم نان (۱۴).

به‌همین ترتیب، ژرم‌پلاسم در معنای کلاسیک براساس سیستم‌های تولید مثلی تعریف می‌شود که شامل بذر در گیاهانِ دارایِ تکثیر جنسی و تمام انواع بافت‌ها مانند ریشه، ساقه و سایر اندام‌هایی دخیل در تولید مثل غیرجنسی، می‌باشد. بنابراین ژرم‌پلاسم بطور سنتی عبارت از اشیاء بیولوژیکی هستند که از لحاظ مورفولوژیکی متمایز می‌باشند. در گیاهان دارای تکثیر جنسی، بذرها حامل اصلی ژرم‌پلاسم هستند و در اکثر گونه‌های گیاهی ژرم‌پلاسم، را می‌توان از طریق جمع‌آوری و بازرایی بذر، نگهداری و تکثیر نمود. بذرها از اهمیت ویژه‌ای در فرآیند مدیریت ژرم‌پلاسم برخوردار می‌باشند و جمع‌آوری، نگهداری و بازتولید می‌شوند. ارزیابی و بهره‌برداری از ژرم‌پلاسم متکی به بذر یا سایر اندام‌های مفید مانند ریشه، ساقه و برگ‌ها است که بتوانند گیاه را بازتولید کنند. با توسعه زیست‌شناسی مولکولی، مفهوم ژرمپلاسم تعیم‌یافته‌تر و گسترده‌تر شده است. ژرم‌پلاسم به عنوان حامل مواد ژنتیکی می‌تواند هرچیزی باشد که حاوی اطلاعات ژنتیکی مورد نیاز برای بازسازی موجود زنده باشد که مواردی همچون ژن‌ها و همسانه‌های آنها، قطعات کروموزوم و حتی قطعاتی از توالی‌های عملکردی DNA را دربر می‌گیرد.

ظرفیت ژنتیکی عظیم در گونه‌های وحشی و نقش مهندسی ژنتیک در بهره‌برداری کارآمد از آن

الف- سهم منابع ژنتیکی وحشی در رهاسازی ارقام امروزی

خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی که شامل اجداد گیاهان زراعی و سایر گونه‌های دارای خویشاوندی کم و بیش با آن‌ها می‌باشند، بی‌تردید در کشاورزی مدرن نقش داشته و خزانه وسیعی از منابع ژنتیکی بالقوه مفید را برای به‌نژادگران فراهم آورده‌اند. سهم خویشاوندان وحشی در عملکرد و کیفیت گیاهان زراعی کشت شده یا وارد شده در ایالات متحده آمریکا، به میزان ۳٤۰ میلیارد دلار در سال برآورد شده است (٤۲). استفاده از خویشاوندان وحشی در ۳۰ سال گذشته از لحاظ تعداد ارقام زراعی آزاد شده با ژن‌های دریافتی از منابع وحشی، انواع گونه‌های وحشی مورد استفاده به عنوان منبع دهنده ژن‌ها و

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

طیفِ صفات گرفته شده از خویشاوندان وحشی، رو به افزایش بوده است. طبق تحقیقات انجام شده، بیش از ٦٠ گونه خویشاوندان وحشی در اصلاح و توسعه ارقام ۱۳ گونه زراعی اصلی با ایجاد بیش از ۱۰۰ صفت نقش داشته‌اند (٢٤).

کمیته بین‌المللی ذخایر توارثی در گزارش سال ۱۹۸۳ تأکید ویژه‌ای بر جمع‌آوری گونه‌های وحشی در مأموریت‌های جمع‌آوری منابع ژنتیکی داشت (۳۲). از آن موقع، تعداد نمونه‌های ژنتیکی مربوط به گونه‌های وحشی در بانک‌های ژن دنیا افزایش پیدا کرده است. عمده‌ترین استفاده از خویشاوندان وحشی تاکنون به عنوان منبع مقاومت به آفات و بیماری‌ها بوده است گرچه مثال‌های زیادی نیز از معرفی ژن‌هایی از خویشاوندان وحشی برای سایر خصوصیات مهم مانند تحمل به خشکی و شوری و بهبود کیفیت و نرعقیمی وجود دارد. اکتشاف ژن‌های جدید مقاومت در گونه‌های وحشی و استفاده از آنها، از اوسط دهه ۱۹۸۰ به بعد در حال افزایش بوده است. انواع مقاومت شناسایی شده در خویشاوندان وحشی گوجه فرنگی از سال ۱۹۸۳، رشدی با نرخ یک ژن در حال هر سال داشته است، به‌نحوی که هم اکنون تمام ژن‌های مقاومت در ارقام تجاری فعلی گوجه‌فرنگی از منابع ژنتیکی وحشی حاصل شده‌اند. بیش از ٤٠ ژن مقاومت از *Lycopersicon peruvianum*، *L. cheesmanii*، *L. pennellii* و چندین خویشاوندان وحشی دیگر گرفته شده است (٤٥). مقاومت قوی و گسترده در برابر ویروس کوتولگی چمنی (grassy stunt) در میلیون‌ها هکتار از مزارع برنج در جنوب و شرق آسیا، از گونه وحشی *Oryza nivara* گرفته شده است (۳) و مقاومت به حداقل شش بیماری اصلی دیگر نیز از گونه‌های وحشی بدست آمده است (٥).

در سیب زمینی، علاوه‌بر چندین منبع مقاومت جدید از خویشاوندان وحشی، مقاومت گرفته شده از *Solanum demissum* و *S. stoloniferum*، همچنان در برخی مناطق مؤثر است و در حال حاضر ٤٠ درصد از کل سطح کشتِ محبوب‌ترین ارقام سیب زمینی، گونه *S. demissum* در آمریکا را در شجره‌اشان دارند (٤٠)، که افزایش قابل توجه ۱۱ درصدی از ۱۹۸٦ داشته است. علاوه بر این، گونه‌های خویشاوند وحشی *S. chacoense*، *S. acaule*، *S. vernei* و *S. spegazzinii* مقاومت به چندین ویروس و آفت را فراهم کرده‌اند (۳۹، ٤٦). جداسازی و معرفی ژن‌ها از خویشاوندان وحشی گندم برای مقاومت به زنگ برگ و ساقه (٢٤، ۳۱)، ویروس کوتولگی زرد، نماتد زخم ریشه (٢٤)، سفیدک پودری و ویروس موزائیک نواری گندم (۳۱) ادامه دارد. همچنین لاین‌های گندم بهاره اشتقاق یافته از *Aegilops tauschii* با مقاومت به مگس کاه (Hessian fly) که یک آفت حشره‌ای مهم بوده و سبب چند میلیون دلار خسارت در آمریکا می‌شود، ایجاد شده است (٥٠).

در مورد برخی از بیماری‌ها، ذخایر ژنتیکی وحشی، تنها منبع تأمین کننده مقاومت می‌باشند. اکثر قریب به اتفاق ارقام کاهو از خویشاوندان وحشی منتفع شده‌اند. تمام ژن‌های مقاومت به سفیدک دروغین (*Bremia lactucae*) و شته کاهو (*Nasonovia spp.*) از خویشاوندان وحشی گرفته شده است (۷، ۱۳). در مورد سفیدک دروغین، ارقام دارای مقاومت دریافتی از ژرم‌پلاسم وحشی، بطور مستمر از دهه ۱۹۸۰ به بعد در حال رهاسازی بوده‌اند. قارچ‌کش‌ها کارایی محدودی در برابر این بیماری دارند، لذا بدون معرفی

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

این ژن‌ها از خویشاوندان وحشی کشت کاهو در اروپا غیرممکن می‌بود. اما این مقاومت در معرض شکسته شدن بوده و به‌نژادگران برای یافتن ژن‌های مقاومت جدید بطور پیوسته به ژرم‌پلاسم وحشی مراجعه می‌کنند (۷).

گرچه موارد معدودی از سهم خویشاوندان وحشی در مقاومت به تنش‌های غیرزیستی در گیاهان زراعی به مرحله ازادسازی رقم رسیده است، اما بسیاری از خویشاوندان وحشی با این ظرفیت وجود دارند (مانند ٤٧). پیشرفت مهم اخیر در این زمینه، رقمی از نخود با ژن‌های دریافتی از منابع وحشی در سال ٢٠٠٤ است. این رقم BG1103 نام دارد و توسط مؤسسه تحقیقات کشاورزی هندوستان توسعه یافت. رقم BG1103 دارای تحمل به خشکی و گرما از *Cicer reticulatum* بوده و رقمی پیشتاز در شمال هندوستان می‌باشد (٢٤). همچنین در سال ٢٠٠٤، شش رقم جو با تحمل به خشکی برگرفته از *Hordeum spontaneum* توسط مرکز تحقیقات بین‌المللی ایکاردا (ICARDA) برای کشت در سوریه آزادسازی شد (٢٤). ژن‌های *Oryza rufipogon* برای مقاومت به خاک‌های دارای محتوای اسیدیک-سولفات بالا در ویتنام (٤١) و ژن‌های *O. longistaminata* که در فیلیپین امکان تولید برنج در زمین‌های غیرقابل استفاده را فراهم می‌کند (٤) را نیز به عنوان نقش خویشاوندان وحشی در تحمل ارقام زراعی به تنش‌های غیرزیستی می‌توان نام برد. در گوجه‌فرنگی، ژن‌های *L. chilense* و *L.pennellii* برای افزایش تحمل به خشکی و شوری مورد استفاده قرار گرفته‌اند (٤٥).

خویشاوندان وحشی تظاهر زراعی ضعیفی دارند و بنابراین عجیب نیست که موارد معدودی از ژن‌های وحشی برای افزایش عملکرد ارقام مدرن وجود داشته باشد. معمولا بهبود عملکرد در ارقام با سایر صفات مفید شامل تحمل به تنش‌های زیستی و غیرزیستی که توسط خویشاوندان وحشی فراهم شده است مرتبط می‌باشد. مثلاً رقم BG1103 از نخود، تقریبا ٤٠ درصد بیشتر از ارقام رقیب محصول می‌دهد، اما این افزایش بدلیل ژن‌های متحمل به خشکی و گرما، انتقال یافته از خویشاوندان وحشی است (٢٤).

یک مثال از رقم رهاسازی شده با استفاده از ژرم‌پلاسم وحشی، صرفا برای افزایش عملکرد، رقم NSICRc112 برنج است. این رقم در سال ٢٠٠٢ در فیلیپین از تلاقی بین *Oryza sativa* و *O. longistaminata* رهاسازی شد و به عنوان رقمی پرعملکرد شناخته می‌شود (٤). تعداد روبه افزایشی از اشتقاق یافته‌های پرعملکرد حاصل از هیبریداسیون با خویشاوندان وحشی وجود دارد. گندم‌های مصنوعی هگزاپلوئید تولید شده توسط مرکز تحقیقات بین‌المللی سیمیت (CIMMYT)، مثال خوبی در این رابطه می‌باشند. گندم‌های مصنوعی از تلاقی بین گندم دوروم با *Aegilops tauschii* حاصل می‌شوند که با مضاعف شدن مصنوعی کروموزم‌ها، هگزاپلوئیدهای دارای ژنوم‌های A، B و D را تولید می‌کنند (٣٩). این لاین‌ها سپس با ارقام گندم نان الیت تلاقی برگشتی داده می‌شوند تا گندم‌هایی با کیفیت، مقاوم به بیماری و پرعملکرد ایجاد کنند. در سال ٢٠٠٣، رقم Chuanmai 42 در چین آزاد شد که حاصلِ تلاقی یک گندم مصنوعی و یک رقم محلی است و ٣٥-٢٠ درصد عملکرد بیشتر تولید می‌کند. خویشاوندان وحشی سورگوم دارای ظرفیت افزایش عملکرد در این گیاه می‌باشند (٥٣). ثابت شده است که گونه

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

Sorghum arundinaceum و سایر گونه‌های وحشی سورگوم، منبع ژن‌های مفیدی در افزایش عملکرد سورگوم هیبرید دانه‌ای می‌باشند (۳۳) و کار در دانشگاه A&M روی ارقام سورگوم مشتق از *S. propinquum*، منجر به تولید ارقام زودرس با عملکرد خوب شده است (۲٤). در یک مطالعه اخیر، هرمی سازی سه ناحیه ژنومی مستقل معرفی شده از یک خویشاوند وحشی گوجه فرنگی با میوه‌های سبز رنگ (*Solanum pennellii*) منجر به تولید هیبریدهایی با ۵۰ درصد افزایش عملکرد نسبت به رقم پیشتاز شده است (۲۳).

ب- تنگناهای بهره‌برداری از منابع ژنتیکی وحشی و نقش مهندسی ژنتیک

علیرغم تحقیقات فراوانی که پیرامون صفات مطلوب در خویشاوندان وحشی و اهمیت آن‌ها در توسعه خزانه‌های ژنی گیاهان زراعی صورت گرفته است، تعداد معدودی از ارقام زراعی از این گونه‌ها، اشتقاق یافته و آزاد شده‌اند. به عنوان مثال علیرغم وجود ۳۰۰ مرجع مربوط به تحقیقات جو وحشی در فاصله سال‌های ۱۹۷٤ تا ۲۰۰۷، فقط یک رقم موفق اشتقاق یافته از خویشاوندان وحشی توسط CGIAR آزادسازی شده است. بطور مشابه جستجو برای مقالات سویای وحشی، ده‌ها مورد از یافته‌های تحقیقاتی را نشان می‌دهد، اما هیچکدام از ژن‌های خویشاوندان وحشی در ارقام آزاد شده برجسته نمی‌باشند. با در نظر گرفتن حجم نمونه‌های ژنتیکی گونه‌های وحشی جمع‌آوری شده در بانک‌های ژن دنیا، بنظر نمی‌رسد که تأمین مواد ژنتیکی وحشی عامل محدود کننده‌ی استفاده از این گونه‌ها باشد. حتی خویشاوندان وحشی گیاهانی مانند جو و لوبیا در بانک‌های ژن دنیا به وفور موجود می‌باشند و تعداد نمونه ژنتیکی برای هریک از آن‌ها به بیش از هزار می‌رسد. با این وجود تعداد انگشت‌شماری از ارقام حاوی صفات دریافتی از خویشاوندان وحشی تاکنون رهاسازی شده است. این نتایج نشان می‌دهد که تحقیق در مورد صفات مطلوب در خویشاوندان وحشی بخودی خود، برای افزایش استفاده از این گونه‌ها کافی نیست، بلکه به سایر موانع نیز باید پرداخته شود که عبارت از مشکلات تلاقی و مشکلات زراعی مرتبط می‌باشد.

به لحاظ تاریخی، عامل محدود کننده اصلی، تلاقی‌پذیری بین گونه‌ای بوده است. با استفاده از نجات جنین و سایر تکنیک‌ها برای غلبه بر موانع تلاقی بین گونه‌ای، هم اکنون ترکیبات هیبرید جدید مشتمل بر گونه‌های متفاوت و انتقال بسیاری از صفات از این طریق، میسر شده است. نتایج تحقیق نشان می‌دهد که بهبود تکنیک‌های تلاقی بین گونه‌ای منجر به افزایش استفاده از خزانه‌های ژنی ثانوی و ثالث در ۳۰ سال گذشته شده است. اما موانع بیولوژیکی هنوز راه استفاده موفقیت آمیز از خویشاوندان وحشی در تعدادی از گیاهان زراعی را سد کرده‌اند، بنحوی که در این گیاهان بر موانع انجام هیبریداسیون و عقیمی هیبریدها غلبه نشده است. مشکلات تلاقی، دلیل اصلی رایج نشدن خویشاوندان وحشی نخود در ارقام مدرن است چرا که فقط دو گونه *C. echinospermum* و *C. reticulatum*، براحتی با این گونه زراعی می‌یابند (٤۳). تلاقی بین سویا و گونه‌های *Glycine* در دهه ۱۹۷۰ غیرممکن بود (۳٤) و با ۱۷ سال کار آزمایشگاهی هیبریداسیون موفقیت‌آمیز بین *Glycine tomentella* و ارقام سویا

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

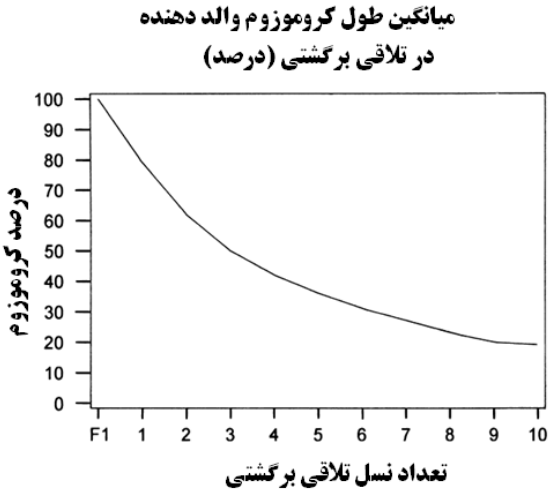
امکان‌پذیر شد. تلاقی‌های ناموفق با *Vigna vexillata*، کار با خویشاوندان وحشی cowpea را مشکل نموده است (۱٦).

اکثر منابع مقاومت به بیماری شناسایی شده در گونه‌های وحشی خویشاوند سیب زمینی را نمی‌توان از طریق تلاقی در مزرعه به ارقام سیب‌زمینی منتقل کرد. برای اینکار لازم است از تلاقی‌های واسط (bridge-crosses) استفاده شود که زمان‌بر و مشکل می‌باشد. از طرفی ارقام سیب زمینی دارای ماهیت تتراپلوید هتروزیگوس می‌باشند و این خود سبب بروز اشکال دیگری می‌شود. بعبارتی هنگامی که یک سیب زمینی با ترکیبی از خصوصیات مطلوب با سیب زمینی دیگر تلاقی می‌یابد، بازیابی همان ترکیب آلل‌های سودمند والدی در نتاج، بسیار مشکل است. همین امر سبب شده است که اصلاح برای صفاتی نظیر مقاومت به بیماری، بدون قربانی کردن ترکیبات آللی مطلوب در سایر مکان‌های ژنی، مشکل باشد. به عنوان مثال می‌توان به ارقام سیب زمینی Bionica و Toluca اشاره کرد، که ژن *Rpi-blb2* با مقاومت پایدار به سفیدک دروغی از گونه*Solanum bulbocastanum* به آنها معرفی شد، اما فرآیند تلاقی و انتخاب تا دسترسی به محصول نهایی بیش از ۳۰ سال به‌طول انجامید (۲۹). لذا روش ژنتیکی که بتواند بدون بهم ریختن ترکیب مطلوب آلل‌ها، مقاومت به بیماری را در ارقام خوب سیب زمینی، اصلاح کند، از ارزش زیادی برخوردار خواهد بود و فناوری مهندسی ژنتیک دارای این پتانسیل می‌باشد. مهندسی ژنتیک با غلبه بر موانع تلاقی بین گونه‌هایی که به لحاظ تولید مثل جنسی تلاقی‌پذیر نیستند، معرفی صفات جدید را امکانپذیر ساخته است و انتظار می‌رود این روش استفاده از خویشاوندان وحشی را افزایش دهد (۳٦).

فارغ از مشکل تلاقی‌پذری، حذف صفات نامطلوب زراعی به عنوان یک محدویت تکنیکی دیگر برای استفاده از ژرم‌پلاسم وحشی به شمار میرود. تلاقی با خویشاوندان وحشی معمولا لاین‌هایی با تظاهر زراعی ضعیف ایجاد می‌کند و اغلب صفات نامطلوب را نمی‌توان حذف کرد. تلاش برای کاهش اثرات نامطلوب از طریق تلاقی برگشتی، زمان‌بر و گاهی غیرممکن بوده و سرعت آزادسازی رقم یا امکان آن را تحت تأثیر قرار خواهد داد. هنگامی که یک ژن از طریق تلاقی برگشتی معرفی می‌شود، نواحی مجاور آن بواسطه پدیده کشش لینکاژی (linkage drag) نیز انتقال می‌یابد. این نواحی اغلب حامل ژن‌های اضافی و اکثراً ناشناخته هستند. ژن‌های ناخواسته منتقل شده در اثر کشش لینکاژی ممکن است بطور بالقوه، ایجاد کننده صفات نامطلوب یا مضر باشند. به عنوان مثال این ژن‌ها ممکن است سبب عملکرد پایین یا حساسیت به بیماری شوند. گرچه بسته به فاصله لینکاژی می‌توان اندازه نواحی مجاور ژن مورد نظر را از طریق تلاقی‌های برگشتی مکرر کاهش داد، اما بدین طریق نمی‌توان کنترلی بر اندازه این ناحیه یا نقاط شکست نوترکیبی داشت. از طرف دیگر مطالعات نشان داده است که حتی بعد از انجام ده نسل تلاقی برگشتی هنوز درصد زیادی از ماده ژنتیکی بیگانه در گونه زراعی باقی می‌ماند (شکل ؟). حتی در برخی موارد ژن مورد نظر، از چنان پیوستگی با ژن‌های نامطلوب برخوردار بوده است که منجر به صرف نظر از آن شده است (٦، ٤۹).

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]



شکل ۴- کشش لیکاژی. متوسط مقدار کرموزوم باقیمانده در اطراف یک ژن منتخب در پی نسل‌های مختلف از تلاقی برگشتی (۶).

وجود این مشکلات، بهره‌برداری از منابع ژنتیکی را با محدودیت جدی مواجه ساخته است. به عنوان مثال تلاقی لوبیای زراعی با *Vigna unguiculata*، موفقیت‌آمیز نبوده و منجر به تولید لاین‌های اصلاحی با تظاهر زراعی بالا یا صفات کیفیت بهتر نشد. لاین‌های با مقاومت به spider mite دریافتی از رازکهای وحشی که به دلیل کرکی بودن بیش از حد برگها و میوه نامناسب از جمعیت اصلاحی کنار گذاشته شدند و لاین‌های اصلاحی chickpea ایجاد شده از تلاقی بین *C. arietinum* و *C. reticulatum* که به دلیل عملکرد ضعیف به آزمایش‌های پیشرفته ارزیابی ارقام نرسیدند (۲٤).

از طرف دیگر با انجام تلاقی با خویشاوندان وحشی به روش اصلاح کلاسیک، ترکیبات سمی که در طی اهلی شدن علیه آن گزینش انجام گرفته است ممکن است مجددا وارد نتاج شود. از آنجا که گیاهان تحرک (جابجایی بر روی زمین) ندارند برای رهایی از مواجه یا تهاجم موجودات دیگر، ترکیباتی سمی را به عنوان سلاح دفاعی در طول تکامل در خود ایجاد کرده‌اند. در طی فرآیند اهلی شدن علیه این مواد گزینش انجام شده است و لذا ترکیبات سمی در گیاهان زراعی فعلی حذف شده یا مقدار آن بطور معنی‌داری کاهش پیدا کرده است.

یکی از مزایای مهندسی ژنتیک نسبت به روش‌های اصلاح نباتات کلاسیک اشراف و دانش پیرامون به ژن مورد انتقال است. در روش‌های اصلاح سنتی چنین دانشی وجود ندارد و لذا در جریان انتقالِ این ژن‌ها به روش کلاسیک، احتمال ورود ژن‌های ناخواسته‌یِ همراه نیز، وجود دارد. لذا وجود چنین دانشی فناوری در مهندسی ژنتیک، از معرفیِ ناخواسته‌یِ ژن‌های نامطلوب به گیاه هدف، جلوگیری می‌کند.

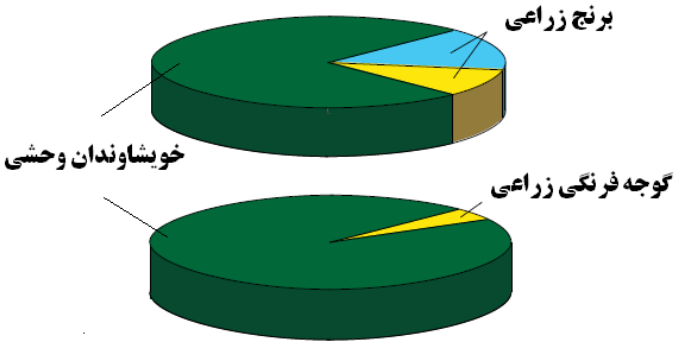
ضرورت رویکرد مدیریتی زیست فناورانه بر منابع ژنتیکی گیاهی

در جهان بیش از ۷۰۰ کلکسیون بذری مستند با مجموع ۲/۵ میلیون رکورد وجود دارد که بخش اعظمی از آن را نمونه گونه‌های وحشی تشکیل می‌دهد. ایالات متحده به تنهایی سالانه ۲۰ میلیون دلار برای اکتساب و حفاظت از ژرم‌پلاسم صرف می‌کند.

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

با این‌که جمع‌آوری و حفاظت از تنوع ژنتیکی از اهمیت برخوردار است، اما این فعالیت‌ها برای تضمین بهره‌وری آینده در کشاورزی کافی نیست. تشکیل و نگهداری بانکهای ژرم‌پلاسم باید همراه با توانایی در بهره‌برداری فعالانه از این مواد باشد. روش‌های متفاوتی برای حفاظت و بهره‌برداری از منابع ژنتیکی گیاهی و در دسترس قرار دادن آن‌ها برای اصلاح نباتات، توسعه یافته است. اما پیشرفت‌های انجام شده در این زمینه بسیار عقب‌تر از انتظارات است. درواقع علیرغم باور عمومی مبنی بر وجود ژن‌های مفید برای اصلاح گیاهان زراعی در بانک‌های ژرمپلاسم، تلاش‌های انجام شده در شناسایی و استخراج این ژن‌ها ناموفق بوده‌اند. همان‌طور که اشاره شد، اکثر نمونه‌های ژنتیکی در بانک‌های ژن هیچ‌گونه سهمی در ارقام زراعی خصوصا در ارتباط با صفات پیچیده‌ای مانند عملکرد و کیفیت غذایی ندارند. در نتیجه، اصلاح گیاهان زراعی هنوز بر روی پایه ژنتیکی باریکی انجام می‌شود. مقایسه تنوع ژنتیکی مبتنی بر DNA بین ارقام زراعی و خویشاوندان وحشی موجود در بانک‌های ژن، نشان‌دهنده این وضعیت است (شکل ۵).



شکل ۵- نسبت تنوع ژنتیکی (ارزیابی شده توسط پلی‌مورفیسم DNA) موجود در ارقام زراعی برنج (Oryza sativa spp. indica و O. sativa spp. japonica) و گوجه فرنگی (*Lycopersicon esculentum*) در مقایسه با خویشاوندان وحشی آنها (شامل آنهایی که به آسانی با همتای زراعی‌شان قابل تلاقی می‌باشند) (۵۱).

همان‌طور که ذکر شد در پی اهلی شدن گونه‌های زراعی و افزایش فراواین آلل‌های مفید، به‌نژادگران به انجام تلاقی بین ارقام پرمحصول با خویشاوندی نزدیک ادامه دادند و جستجو برای ژن‌های افزایش دهنده عملکرد در اجداد وحشیِ کم‌محصول، توجیهی نداشت. با اینحال با توجه به تعدد ژن‌های تأثیرگذار بر عملکرد، غیرمحتمل است که ارقام مدرن دارای بهترین آلل‌های بهبود دهنده در تمام مکان‌های ژنی مرتبط با عملکرد باشند. بدون تردید بسیاری از آلل‌های سودمند بدلیل تنگنای تحمیلی از اهلی شدن و در ادامه آن، ناشی از سال‌ها اصلاح مدرن و گزینش در داخل خزانه ژنی سازگار، به داخل ژرمپلاسم مدرن راه نیافته‌اند. بنابراین گرچه براساس بررسی فنوتیپی به نظر میرسد که ژرم‌پلاسم وحشی برای بسیاری از صفات ضعیف است، ولی کاملا احتمال دارد که برخی ژن‌های (آلل‌های) مطلوب در بین هزاران نمونه ژنتیکی موجود در بانک‌های ژن مدفون باشند و چنانچه بتوان بتوان این ژن‌ها را یافت، ارزش زیادی در اصلاح گیاهان زراعی خواهند داشت. اتخاذ راهبردهایی برای شناسایی و کاربرد این ژن‌ها نیازمند

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]
[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

تغییر جهت اساسی در الگوی استفاده از منابع ژنتیکی است (۵۱).

نقش مهندسی ژنتیک در توسعه ژرم‌پلاسم

مهندسی ژنتیک می‌تواند نقش ویژه‌ای در ایجاد تنوع ژنتیکی ایفاء کند. برخی از صفات، حتی با انجام جستجوی گسترده، در خزانه ژنتیکی اهلی یا خویشاوندان وحشی گیاه زراعی قابل شناسایی نیستند زیر اساسا وجود ندارند. دراین موارد، مهندسی ژنتیک تنها راهکارِ ایجاد خصوصیت مورد نیاز است. بدین ترتیب مهندسی ژنتیک با ایجاد منبع جدیدی از صفات نوظهور، خزانه ژنی گیاه زراعی را به فراتر از گونه‌های خویشاوند آن، توسعه می‌دهد. مثال بارز در این زمینه برنج طلایی با محتوای بالای پیش‌ماده ویتامین A می‌باشد. کمبود ویتامین A در رژیم غذایی از دلایل اصلی نابینایی در کشورهای در حال توسعه است. با اینکه عنوان شده تولید این برنج تراریخته اولین مرحله از مسیر صعب‌العبور در راه رسیدن به رقمی پرمحصول و بازارپسند با خاصیت تغذیه‌ای مورد هدف است، ولی باید در نظر داشت علاوه بر حل مشکل تغذیه‌ای توسط یک ابزار ژنتیکی، این موفقیت بخودی خود، گام بزرگی در راستای ایجاد مسیرهای بیوشمیایی جدید در گیاه و توسعه تنوع ژنتیکی به‌شمار می‌رود.

همچنین در این راستا می‌توان مقاومت به بیماری شیت بلایت برنج را نام برد که با عامل *Rhizoctonia solani*، یکی از سه بیماری مهم برنج است که به شدت به عملکرد و کیفیت برنج خسارت می‌زند. بیمارگر *R. solani* یک قارچ ساپروفیت اتفاقی، با دامنه میزبانی گسترده است. تاکنون هیچ رقمی از برنج با مقاومت کامل به این قارچ شناسایی نشده است هرچند که کارهای قابل توجهی برای مکانیسم‌های مسؤل مقاومت ناقص برنج انجام گرفته، ولی تا کنون هیچ‌گونه نتایج واضح و قطعی در برنداشته است (۵۵). در این راستا محققان موفق شده‌اند با استفاده از مهندسی ژنتیک، ژن کیتناز (class-I chitinase) را به برنج انتقال دهند. نتایج این تحقیق نشان داد که گیاهان تراریخته توانستند رشد بیمارگر را محدود سازند (۸، ۳۵).

به عنوان یک مثال دیگر می‌توان به ویروس *Papaya ringspotvirus* (PRSV) در پاپایا اشاره کرد که منبع مقاومت طبیعی در برابر آن در خزانه ژنتیکی گونه مربوطه وجود ندارد و مهندسی ژنتیک به عنوان تنها ابزار ایجاد صفت (در اینجا مقاومت)، قابلیت کاربرد دارد (۳۷). از سوی دیگر گاهی اوقات، مانند مقامت به کرم ساقه خوار اروپایی (*Ostrinia nubilalis*) در ذرت، مهندسی ژنتیک به عنوان روشِ جایگزینِ بسیار موثرتری نسبت به شیوه‌های رایج فعلی در کنترل آفات و بیماری‌ها می‌باشد (۲۰).

حفظ حشرات و میکروارگانیسم‌های مفید با به کاربردن گیاهان زراعی تراریخته

بیمارگران مهمی از قارچ‌ها، پروکاریوت‌ها، ویروس‌ها، ویروئیدها، میکوپلاسماها و نماتدها، همچنین حشرات زیان‌آوری مثل سن گندم، ملخ‌ها، شته‌ها، کنه‌ها و علف‌های هرز، وجود دارند که خسارت شدیدی را به محصولات کشاورزی وارد می‌آورند. لذا کنترل مؤثر این عوامل همیشه به‌عنوان یکی از دغدغه‌ها مطرح بوده است زیرا در غیر اینصورت تولید، غیراقتصادی و با شکست همراه خواهد بود. از سوی دیگر سموم شیمیایی علیه این بیمارگران علاوه بر این‌که به شدت محیط زیست را آلوده می‌کنند، تهدیدی جدی بر

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

سکنه‌های طبیعی خاک، و آب و هوا شامل میکروبیوتا، فون و پوشش گیاهی طبیعی، در محیط زیست به شمار می‌روند. در این خصوص مثال‌های شاخص و شناخته شده‌ای از قارچ‌های هم‌زیست ریشه، قارچ‌های آنتاگونیست، حشرات مفید مثل زنبورهای پارازیتوئید، شکارگرها و ده‌ها مثال دیگر وجود دارد که در صورت استفاده از سموم شیمایی، این موجودات مفید نیز به همراه آفات، از بین خواهند رفت. هرچند در حال حاضر مواد شیمیایی (علف‌کش‌ها، بیمارگرکش‌ها، حشره‌کش‌ها و کنه‌کش‌ها) با مکانیسم اثر تخصصی نیز وجود دارند ولی بسیاری از این سموم ، دارای طیف اثر وسیع هستند بدین معنی که تأثیر آنها فقط به آفت هدف محدود نمی‌شود، بلکه دامنه‌ای از ارگانیسم‌های مفید و مضر را هم از بین می‌برند. همچنین سموم شیمایی جمعیت‌های آفت مهاجم را بطور کامل ازبین نمی‌برند. مثلاً هیچ قارچ‌کشی سبب مرگ ۱۰۰ درصد قارچ بیمارگر نمی‌شود. در چنین حالتی، جمعیت عامل بیماری‌زای باقیمانده به سرعت به سطح اولیه افزایش می‌یابد. برخی از سموم شیمایی برای اینکه در کنترل عامل مهاجم مؤثر واقع شود لازم است طی چرخه زندگی گیاه زراعی، به دفعات بسیار زیادی مورد استفاده قرار گیرند. در چنین شرایطی حجم آلودگی ایجاد شده و تخریب محیط زیست غیرقابل تصور می‌باشد. از سوی دیگر مقاوم شدن عوامل بیماری‌زا در برابر سموم شیمایی، پدیده‌ای رایج و عمومی می‌باشد و گزارشات زیادی در این زمینه موجود است. به عنوان مثال در تحقیقی، حدود ۷۲ گونه از عوامل بیماری‌زای قارچی مقاوم به ٦٢ ترکیب قارچکش در سراسر جهان گزارش شد (۱۷).

در این راستا مهندسی ژنتیک موفقیت‌های چشمگیری در مهار آفات داشته است. وجه متمایز این فناوری این است که صفت انتقال یافته کاملا اختصاصی عمل کرده و بطور موثر، فقط ارگانیسم هدف را مهار می‌کند بدون اینکه هیچ‌گونه آلودگی محیطی در برداشته باشد. به عنوان مثال می‌توان از گیاهان تراریخته Bt نام برد که پروتئین‌های بسیار اختصاصیِ Bt را بیان کرده و فرصت ارزشمندی را برای جایگزین شدن بجای حشره‌کش‌های دارای دامنه اثر وسیع، فراهم آورده‌اند. طیف اثر پروتئین‌هایِ ضد حشره‌یِ Bt، بیان شده در گیاهانی مانند ذرت و پنبه آنقدر باریک است که هیچ اثری بر روی موجودات زده غیر هدف ندارد یا اثر بسیار کمی دارد (۲). به‌علاوه، این مواد سمی در درون بافت گیاه تولید می‌شود و لذا بدین ترتیب جانورانی که از گیاه تغذیه نمی‌کنند، در معرض این مواد قرار نمی‌گیرند. در این راستا مطالعات میدانی زیادی انجام گرفته است و نتایج این تحقیقات نشان داده است که ساختار جمعیت یا فراوانی گونه‌های منفرد حشرات در مزرعه تحت کشت گیاه Bt، با مزرعه‌ای که گیاه زراعی معمولی (غیر Bt) کشت شده و حشره‌کشی در آن استفاده نشده، هیچگونه تفاوتی نداشته یا تفاوت اندکی داشته است و تنها گونه‌های دارای فراوانی متفاوت در این دو مزرعه، همان آفت مورد هدفِ گیاه Bt و انگل‌های اختصاصی آنها بوده است. درحالیکه وقتی مزرعه گیاه زراعی معمولی (غیر Bt) برای آفت‌های هدف، سمپاشی می‌شود (امری که بطور معمول در اغلب سیستم‌های زراعی انجام می‌گیرد) مشاهده شده است که بسیاری از گونه‌های غیرهدف نیز از آن تاثیر می‌پذیرند و جمعیت آن‌ها کاهش می‌یابد. بدین ترتیب مهندسی ژنتیک در حفظ فون

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

حشرات منطقه نقش بسزایی ایفاء می‌کند (۲).

حفظ تنوع زیستی خاک با به کاربردن گیاهان زراعی تراریخته

خاک قشر سطحی و حیاتی زمین است که موجودات حیاتی در آن رشد و نمو می‌کنند و بقای بشر متکی به آن است. از نظر کشاورزی، یک خاک خوب شرایط کافی برای حداکثر رشد و نمو و تولید بیشترین محصول را فراهم می‌آورد (۱). در بسیاری از کشورهای توسعه یافته و درحال توسعه، خاک‌ورزی هنوز ابزار ضروری برای کنترل علف‌های هرز به شمار می‌رود. متأسفانه عملیات خاک‌ورزی می‌تواند منجر به فرسایش خاک، کاهش کیفت خاک و خسارت به تنوع زیستی موجود در آن شود. در کشاورزی حفاظتی، سعی می‌شود از طریق پوشش دادن بیش از ۳۰ درصد از سطح خاک با بقایای محصول، از فرسایش خاک توسط آب جلوگیری شود. علیرغم ارزش شناخته شدهِ کاهش عملیات خاک‌ورزی، کنترل علف‌های هرز در این روش، مسأله‌ساز است و گاهی سبب جلوگیری از اتخاذ راهبرد خاک‌ورزی حفاظتی توسط کشاورزان می‌شود. از زمان معرفیِ علف‌کش‌های مؤثر در نیمه دوم قرن بیستم، کشاورزان قادر شدند که از اتکاء خود به خاک‌ورزی بکاهند. بدین ترتیب ارقام زراعی مقاوم به علف‌کش ابزار جدید برای کنترل علف‌های هرز مهیا کرده، اتخاذ سیستم خاک‌ورزی حفاظتی و حتی بی‌خاک‌ورزی را گسترش داده و بدین ترتیب نقش مهمی در جلوگیری از فرسایش خاک و در نتیجه، حفظ تنوع زیستی موجود در خاک داشته است (۲).

سخن آخر

جمعیت جهان در ۳۵ سال آینده از مرز نه میلیارد نفر عبور خواهد کرد. استفاده از روش‌های نوین در تولید محصولات کشاورزی به منظور تامین غذا برای چنین جمعیتی، اجتناب ناپذیر است. در گذشته این تقاضا از طریق ترکیبی از روش‌های اصلاح ژنتیکی، مصرف بیشتر نهاده‌های کشاورزی (کود، سم، آب) و افزایش سطح کشت تأمین شده است. با کاهش منابع آب شیرین، کاهش منابع نفتی (که تولید کودها و سموم متکی به آن است) و افزایش مشکلات آلودگی ناشی از کشاورزی بدین شیوه، به سختی می‌توان امکان افزایش و یا حتی حفظ نهاده‌ها را در سطح فعلی (به منظور افزایش تولید) انتظار داشت (۵۱). به‌طور مشابه اکثر اراضی کشاورزی فعلی در حال قربانی شدن توسعه شهری هستند و لذا ایجاد زمین های زراعی جدید در آینده نیز غیرمحتمل است. از این‌رو صرفا از طریق اصلاح ژنتیکی گیاهان زراعی، به عنوان پایاترین رویکرد، می‌توان تولید کشاورزی را همگام با رشد پیش‌بینی شده جمعیت انسانی افزایش داد. برای موفقیت در این مسیر لازم است ثروت تنوع ژنتیکی که توسط طبیعت مهیا شده است را در اختیار بگیریم. با اینکه در روش‌های اصلاح کلاسیک، تلاش در جهت بهره‌گیری از این ذخایر ارزشمند صورت گرفته است، اما این روند بطئی بوده و نتوانسته قابلیت موجود را بنحو شایسته‌ای مورد استفاده قرار دهد. یافته‌های جدید نشان‌دهنده وجود ظرفیت عظیمی در منابع ژنتیکی است که تاکنون محبوس مانده و آزادسازی آن به‌صورت بهینه، تنها به روش نوین مهندسی ژنتیک امکان‌پذیر است. مخزن عظیم تنوع ژنتیکی که توسط طبیعت در طی صدها میلیون سال، ایجاد و گزینش شده است هم اکنون در بانک‌های ژرمپلاسم بصورت نمونه‌های ژنتیکی وحشی موجود

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

می‌باشد. با ورود فناوری‌های نوین در پیمایش ژنوم گونه‌های وحشی برای شناسایی ژن‌های مفید و انتقال آن توسط مهندسی ژنتیک، می‌توانیم قفل حبس این ظرفیت ژنتیکی را بگشاییم. نقطه شروع هر برنامه اصلاحی استفاده از تنوع ژنتیکی است و مهندسی ژنتیک ابزار قدرتمندی در حفظ و ایجاد تنوع ژنتیکی محسوب می‌شود.

فهرست منابع

References

۱- مظاهری، د. و مجنون حسینی، ن. ۱۳۸۰. مبانی زراعت عمومی. انتشارات دانشگاه تهران.

2- Ammann, K. 2005. Effects of biotechnology on biodiversity: herbicide-tolerant and insect-resistant GM crops. Trends in Biotechnology, 23(8):388-394.

3- Barclay, A. 2004. Feral play: Crop scientists use wide crosses to breed into cultivated rice varieties the hardiness of their wild kin, Rice Today, January 2004, pp 14–19.

4- Brar, D. 2005. Broadening the genepool and exploiting heterosis in cultivated rice, In: Rice is life: scientific perspectives for the 21st Century. In: Toriyama, K., Heong, K.L., Hardy, B. (eds.) Proceedings of the World Rice Research Conference, Tokyo and Tsukuba, Japan, 4–7 November 2004.

5- Brar, D.S. and Khush, G.S. 1997. Alien introgression in rice. In: Oryza: From Molecule to Plant (pp. 35-47). Springer Netherlands.

6- Callow, J.A., Ford-Lloyd, B.V. and Newbury, H.J. 1997. Biotechnology and plant genetic resources: conservation and use. CAB International.

7- Crute, I.R. 1992. From breeding to cloning (and back again?): a case study with lettuce downy mildew. Annu. Rev. Phytopathol. 30:485–506.

8- Datta, K., Koukolikova-Nicola, Z., Baisakh, N., Oliva, N. and Datta, S.K., 2000. Agrobacterium-mediated engineering for sheath blight resistance of indica rice cultivars from different ecosystems. Theoretical and Applied Genetics, 100(6): 832-839.

9- Day Rubenstein, K., Heisey, P., Shoemaker, R., Sullivan, J. and Frisvold, G. 2005. Economic Information Bulletin No. (EIE2), p. 47. Available at:

http://www.ers.usda.gov/publications/eib2/ (accessed 17 November 2009).

10- Dilday, R.H. 1990. Contribution of ancestral lines in the development of new cultivars of rice. Crop Science, 30: 905–911.

11- Dodds, J.H. 1991. Introduction: conservation of plant genetic resources – the need for tissue culture. In: Dodds, J.H. (ed.) In Vitro Methods for Conservation of Plant Genetic Resources. Chapman & Hall, London, pp. 1–9.

12- Duvick, D.N. 1977. Major USA crops in 1976. Annals of the New York Academy of Sciences 287: 86–96.

13- Eenink, A.H., Groenwold, R. and Dieleman, F.L. 1982. Resistance of lettuce (Lactuca) to the leaf aphid Nasonovia ribisnigri 1 Transfer of resistance from L. virosa to L. sativa by interspecific crosses and selection of resistant breeding lines. Euphytica, 31:291–300.

14- Engels, J.M.M., Rao, V.R., Brown, A.H.D. and Jackson, M. 2002. Managing plant genetic diversity. CABI.

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

15- Esquinas-Alcazar, J.T. 1993. Plant genetic resources. In: Hayward, M.D., Bosemark, N.O. and Romagosa, I. (eds) Plant Breeding: Principles and Prospects. Chapman & Hall, London, pp. 33–51.

16- Fatokun, C. 2002. Breeding cowpea for resistance to insect pests: attempted crosses between cowpea and *Vigna vexillata*, Challenges and Opportunities for Enhancing Sustainable Cowpea Production, International Institute of Tropical Agriculture.

17- Gangawane, L. V. 1997. Management of fungicide resistance in plant pathogens. Indian Phytopathology, 50(3): 305-315.

18- Gepts, P. 1999. A phylogenetic and genomic analysis of crop germplasm: A necessary condition for its rational conservation and utilization. p. 163–181. In Gustafson, J. (ed.) Proc. Stadler sympo sium. Plenum, New York.

19- Gepts, P. 2001. Origins of plant agriculture and major crop plants. p.629–637. In: Tolba, M. (ed.) Our fragile world: Challenges and opportunities for sustainable development. EOLSS Publishers,Ox ford, UK.

20- Gepts, P. 2002. A Comparison between Crop Domestication, Classical Plant Breeding, and Genetic Engineering. Crop Sci. 42:1780–1790.

21- Gepts, P. 2006. Plant genetic resources conservation and utilization: the accomplishments and future of a societal insurance policy. Crop Science, 46:2278–2292.

22- Gepts, P., Papa, R., Gonza lez Mejıa, A., Acosta Gallegos, J. and Delgado Salinas, A. 1999. Human effects on *Phaseolus vulgaris* adap tation during and after domestication. p. 161–181. In: van Raams donk, L. and J. den Nijs (eds.) Proc. VIIth IOPB symposium, Evolution in man-made habitats. Hugo de Vries Laboratory, University of Amsterdam, Amsterdam.

23- Gur, A. and Zamir, D. 2004. Unused natural variation can lift yield barriers in plant breeding. PLOS Biol 2:1610–1615.

24- Hajjar, R. and Hodgkin, T. 2007. The use of wild relatives in crop improvement: A survey of developments over the last 20 years. Euphytica, 156:1–13.

25- Harlan, J.R. 1987. Gene centers and gene utilization in American agriculture. In: Yeatman, C.W., Kafton, D. and Wilkes, G. (eds.) Plant Genetic Resources: a Conservation Imperative. Westview Press, Boulder, Colorado, pp. 111–129.

26- Harlan, J.R. 1992. Crops and man. 2nd ed. ASA, Madison, WI.

27- Harlan, J.R. and de Wet, J.M.J. 1971. Toward a rational classification of cultivated plants. Taxon. 20: 509–517.

28- Harlan, J.R., 1975. Crops and man. American Society of Agronomy.

29- Haverkort, A.J., Struik, P.C., Visser, R.G. and Jacobsen, E. 2009. Applied biotechnology to combat late blight in potato caused by *Phytophthora infestans*. Potato Res. 52, 249–264.

30- Hawtin, G. 1998. Conservation of agrobiodiversity for tropical agriculture. In: Chopra, V.L., Singh, R.B and Varma, A. (eds.) Crop Productivity and Sustainability – Shaping the Future, Proceedings of the 2nd International Crop Science Congress. Oxford & IBH Publishing Co., New Delhi, pp. 917–925.

31- Hoisington, D., Khairallah, M., Reeves, T., Ribaut, J.M., Skovmand, B., Taba, S. and Warburton M. 1999. Plant genetic resources: what can they contribute towards increased crop productivity? PNAS, 96: 5937–5943.

32- IBPGR 1983. IBPGR Advisory Committee on *in vitro* Storage, Report of the First Meeting, Rome, International Board for Plant Genetic Resources.

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

33- Jordan, J., Butler, D., Henzell, B., Drenth, J. and McIntyre, L. 2004. Diversification of Australian sorghum using wild relatives, New Directions for a Diverse Planet: Proceedings of the 4th International Crop Science Congress, Brisbane, Australia, 26 Sep-1 Oct 2004.

34- Ladizinsky, G., Newell, C. and Hymowitz, T. 1979. Wide crosses in soybeans: Prospects and limitations. Euphytica, 28:421–423.

35- Lin, W., Anuratha, C.S., Datta, K., Potrykus, I., Muthukrishnan, S. and Datta, S.K. 1995. Genetic engineering of rice for resistance to sheath blight. Nature Biotechnology, 13(7): 686-691.

36- Lee, N.L. and Rush M.C. 1983. Rice sheath blight: a major disease. Plant Disease, 67:829-832.

37- Lius, S., Manshardt, R., Fitch, M., Slightom, J., Sanford, J. and Gonsalves, D. 1997. Pathogen-derived resistance provides papayawith effective protection against papaya ringspot virus. Mol. Breed. 3: 161–168.

38- Love, S. 1999. Founding clones, major contributing ancestors, and exotic progenitors of prominent North American potato cultivars. Am. J. Potato Res. 76:263–272.

39- Mujeeb-Kazi, A., Rosas, V. and Roldan, S. 1996. Conservation of the genetic variation of *Triticum tauschii* (Coss.) Schmalh (*Aegilops squarrosa* auct. non. L) in synthetic hexaploid wheats (*T. turgidum* L. s. lat. x *T. tauschii*; 2n = 6x = 42, AABBDD) and its potential utilization for wheat improvement. Genet. Resour. Crop Evol. 43:129–134.

40- National Potato Council. 2003. Potato Statistics: Seed Certification, Approved Acreage, Varieties Planted, and Production.

41- Nguyen, B., Brar, D., Bui, B., Nguyen, T., Pham, L. and Nguyen, H. 2003. Identification and mapping of the QTL for aluminum tolerance introgressed from the new source, *Oryza rufipogo*n Griff, into indica rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 106:583–593.

42- Prescott-Allen, C. and Prescott-Allen, R. 1986. The first resource. Wild species in the North American economy. Yale University Press.

43- Rao, N., Reddy, L. and Bramel, P. 2003. Potential of wild species for genetic enhancement of some semi-arid food crops. Genet. Resour. Crop Evol. 50:707–721.

44- Reif, J.C., Zhang, P., Dreisigacker, S., Warburton, M.L., van Ginkel, M., Hoisington, D., Bohn, M. and Melchinger, A.E. 2005. Wheat genetic diversity trends during domestication and breeding. Theor. Appl. Genet. 110 (5):859-864.

45- Rick C. and Chetelat, R. 1995. Utilization of related wild species for tomato improvement, First International Symposium on Solanacea for Fresh Market. Acta Hortic. 412:21–38.

46- Ross, H. 1986. Potato breeding-problems and perspectives, Advances in Plant Breeding. 132 pp.

47- Shannon, M.C. 1997. Adaptation of Plants. Adv. Agron. 60:75–120.

48- Smith, B. 1995. The emergence of agriculture. Scientific American Library, New York.

49- Stam, P. and Zeven, A.C. 1981. The theoretical proportion of the donor genome in near isogenic lines of self-fertilisers bred by backcrossing. Euphytica, 30:227–238.

50- Suszkiw, J. 2005. Hessian Fly-Resistant Wheat Germplasm. Available Agricultural Research Service, News and Events, United States Department of Agriculture.

51- Tanksley, S.D. and McCouch, S.R., 1997. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. Science, 277(5329):1063-1066.

52- Vavilov, N.I. 1940. In The New Systematics. J. Huxley, (ed.) Clarendon, Oxford, pp. 549–566.

53- Wayne Smith, C. and Fredericksen, R. 2000. Sorghum: Origin, History, Technology and Production. John Wiley and Sons, 824 pp.

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]

54- Xu, Y. 2010. Molecular Plant Breeding. Cabi.

55- Zou, J.H., Pan, X.B., Chen, Z.X., Xu, J.Y., Lu, J.F., Zhai, W.X. and Zhu, L.H. 2000. Mapping quantitative trait loci controlling sheath blight resistance in two rice cultivars (*Oryza sativa* L.). Theoretical and Applied Genetics, 101(4): 569-573.

Genetic engineering as a tool for biodiversity enhancement

Mehdi Zahravi
Assistant professor National Plant Gene Bank of Iran, Department of Genetics and National Plant Gene Bank of Iran, Seed and Plant Improvement Research Institute, Karaj, Alborz, Iran

mehdizahravi@yahoo.com

Abstract
Biodiversity ensures the existence of every ecosystem. Among the levels of biodiversity, genetic diversity, as raw material for breeding, has gained more attention in agricultural societies, scope of which is considered as a durability index of productivity. Genetic resources constitute the foundation of modern agriculture and are necessary for attaining food security. The hazard of loss of genetic resources first came into the attention of scientists in middle of twentieth century, followed by universal implements to protect these valuable reservoirs. However, breeding methods per se restrict genetic base and cause genetic vulnerability against unfavorable environmental conditions and biotic stresses. On the other hand, high potential existing in genetic resources, as repository of precious characteristics, has remained unutilized. The advent of genetic engineering has the capacity to pass the limiting borders, this technology is promising to make concealed potential of genetic resources free and enhance germplasm. Genetic engineering also targets and harnesses harmful pests, conserving the useful organisms. This technology has prevented the soil erosion and leading to biodiversity conservation of the soil.
Keywords: Transgenic, Genetically Modified Organism, Germplasm, Genetic diversity, Gene Bank

[Downloaded from journalofbiosafety.ir on 2026-02-20]

[DOR: 20.1001.1.27170632.1395.9.4.2.0]