مهندس مصطفی حق پناه
کارشناس مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر
شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

ژنتیک مولکولی کاربردی در اصلاح گیاهان

ویرایش ژنوم

قسمت دوم

تکنیک‌های ویرایش ژنوم به‌طورکلی از دو بخش اصلی شکستن مولکول DNA (ایجاد جهش) و به دنبال آن ترمیم ناحیه شکسته شده، تشکیل شده‌اند. در شماره قبل نحوه تعمیر مولکول DNA پس از ایجاد شکستگی بررسی شد در این شماره سعی می‌گردد تا تکنیک‌های ایجاد جهش (برش ناحیه خاص DNA) که مهم‌ترین بخش ویرایش ژنوم می‌باشد عنوان گردد.

اولین آنزیم‌های شناخته شده در ویرایش ژنوم، مگانوکلئازها بودند. این دسته آنزیم‌ها در طبیعت یافت شده و بخشی از سیستم دفاعی برخی از باکتری‌ها در برابر ویروس‌ها می‌باشند. این آنزیم‌ها توالی بلندی از DNA به طول ۱۴ تا ۴۰ جفت باز را شناسایی کرده و برش می‌دهند. طول بلند محل شناسایی سبب می‌گردد تا این آنزیم بسیار تخصصی، ناحیه خاصی از ژنوم را برش دهد اما همین نقطه قوت سبب گردید تا احتمال وجود یک جایگاه شناسایی برای یک آنزیم بسیار محدود شود و از این رو این تکنیک برای بسیاری از مطالعات قابل استفاده نباشد. یکی دیگر از محدودیت‌های این آنزیم‌ها در مطالعات ویرایش ژنوم وجود شبکه‌ای پیچیده از برهمکنش مگانوکلئاز و DNA است که تاکنون به‌طور کامل شناخته نشده است. وجود اثرات اپی‌ژنتیک نظیر متیله شدن DNA کارایی این آنزیم‌ها را کاهش می‌دهد. مهندسی مگانوکلئازها قسمتی از معایب یاد شده را پوشش می‌دهد ولی با پیدایش تکنیک‌های نوین ویرایش ژنوم استفاده از تکنیک‌های مگانوکلئازها کاهش یافته است.

از مگانوکلئازها در هدف‌گیری ژن‌های بسیاری از سلول‌ها و ارگانیسم‌ها استفاده شده است. مگانوکلئاز I-Icre اولین مگانوکلئازی بود که در مطالعات ژنوم انسان به‌طور موفقیت آمیزی استفاده شد. این مگانوکلئاز مبنایی شد برای طراحی واریانت‌های مختلف مگانوکلئاز جهت مورد هدف قرار دادن ژن‌های معیوب *RAG1* و *XP* در انسان.

گروه علمی بایر (Bayer CropScience) از این تکنیک جهت ویرایش ژنوم پنبه استفاده کردند و موفق به تولید پنبه‌های مقاوم به علفکش شدند. به دلیل عدم استفاده از تکنیک‌های رایج انتقال ژن که با مخالفت‌هایی روبرو است (مخالفت‌های عموماً غیرعلمی و متأسفانه سودجویانه) گیاهان حاصل از این تکنیک جزء گیاهان GMO قرار نمی‌گیرند.

ادامه دارد