



# ارقام مشتق شده تقابل معافیت به نژادگران با عواقب استفاده از ارقام گیاهی مورد حمایت

سید حسین جمالی / عضو هیئت علمی مؤسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال

## مقدمه

کنوانسیون UPOV در عین حال که "معافیت به نژادگر"<sup>۵</sup> را به رسمیت می شناسد، "ارقام مشتق شده و برخی ارقام دیگر"<sup>۶</sup> را در حیطه شمول امتیاز حق به نژادگر می داند و از جنبه حقوقی رقم مشتق شده<sup>۷</sup> را به رقم اولیه وابسته می داند. بدین معنی که اعمال تجاری نظیر عرضه، تکثیر، فروش و نظایر آن باید با کسب مجوز از مالک رقم اولیه صورت گیرد. بدین معنی که اگر یک رقم جدید گیاهی به عنوان مشتق شده از یک رقم مورد حمایت شناسایی گردد، مالک رقم حمایت شده می تواند خود را در بهره برداری از امتیاز رقم مشتق شده ذینفع بداند. در این خصوص، یک رقم مشتق شده باید بدون واسطه از آن یا رقمی که خود از رقم اولیه مشتق شده است، مشتق شده باشد. از این رو آشکار اشتقاق<sup>۸</sup> امکان پذیر می باشد. از سویی دیگر، هر رقم مشتق شده باید فقط به یک رقم اولیه مورد حمایت وابستگی داشته باشد؛ بنابراین آشکار وابستگی<sup>۹</sup> نمی تواند وجود داشته باشد. بنابراین امتیاز حقوق به نژادگر از یک رقم مشتق شده به رقم مشتق شده دیگر تعمیم نمی یابد (شکل ۱).

به رسمیت شناختن حقوق به نژادگر<sup>۱</sup> برای ۱۶۱ کشور عضو پیمان تعرفه و تجارت<sup>۲</sup> سازمان تجارت جهانی (WTO) الزامی بوده و کشورها موظفند مطابق موافقتنامه جنبه های تجاری حقوق مالکیت فکری از نظام ثبت اختراع یا یک نظام ویژه مؤثر<sup>۳</sup> یا از هر دو آنها به طور مرکب از مالکیت فکری به نژادگران ارقام جدید گیاهی حمایت نمایند. در این خصوص، ۷۳ کشور به علاوه اتحادیه اروپا و سازمان مالکیت فکری آفریقا<sup>۴</sup> تا پایان سال ۲۰۱۷ عضو کنوانسیون اتحادیه بین المللی حمایت از ارقام جدید گیاهی به عنوان یکی از نظام های ویژه شناخته شده و معتبر در سطح بین الملل شده اند. از سویی دیگر امکان ثبت ارقام جدید گیاهی تحت عنوان اختراع در سه کشور آمریکا، ژاپن و استرالیا نیز وجود دارد. یکی از اساسی ترین تفاوت های نظام حمایت از ارقام گیاهی و ثبت اختراع، معافیت و ممنوعیت اشخاص دیگر به ترتیب برای استفاده از ارقام مورد حمایت یا ثبت اختراع شده برای به نژادی دیگر ارقام گیاهی است. در این خصوص، نسخه اخیر (۱۹۹۱)

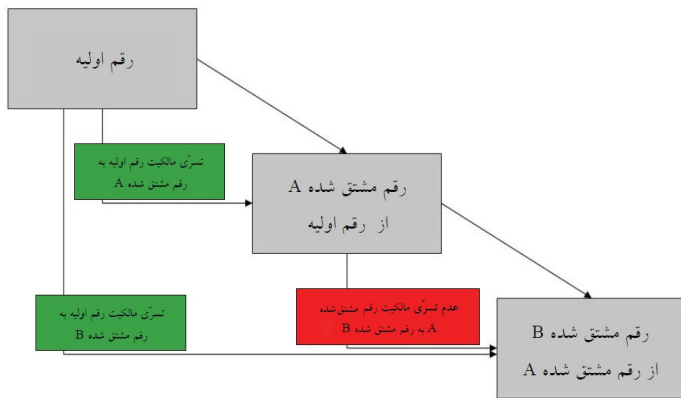
این موضوع که در ماده ۱۵ کنوانسیون بدان اشاره شده است، در واقع بر گرفته از مقوله‌ای است که در نظام ثبت اختراع به عنوان "بهبود اختراع"<sup>۱۰</sup> شناخته می‌شود: "افزودن تکنولوژی به ثبت اختراع پیشین". در خیلی از موارد، بهبود اختراع بدون اجازه مالک ثبت اختراع قبلی نمی‌تواند ایجاد، استفاده یا عرضه شود. به عنوان مثال انتقال ژن مقاومت به یک بیماری از هر یک از روش‌های کلاسیک یا مدرن به‌نژادی به یک رقم ثبت اختراع شده مجاز نمی‌باشد. به طور مشابه، افزودن یک صفت متمایز کننده به یک رقم اولیه مورد حمایت در نظام حمایت از ارقام گیاهی یک بهبود تلقی گردیده اگرچه بر خلاف نظام ثبت اختراع، اشتقاق فیزیکی<sup>۱۱</sup> و وجود سهم مشترکی از مواد ژنتیکی بین رقم اولیه و بهبود یافته از الزامات آن است.

### تعریف رقم مشتق شده

در متن کنوانسیون به روش‌هایی اشاره شده است که می‌توانند منجر به ایجاد ارقام مشتق شده گردند. روش‌های ذکر شده عبارتند از: گزینش یک جهش طبیعی یا القایی، یا تنوع سوماکلونی<sup>۱۲</sup>، گزینش یک فرد تغییر یافته از جامعه رقم اولیه، تلاقی برگشتی و مهندسی ژنتیک. طبق تعریف کنوانسیون یک رقم زمانی مشتق شده از یک رقم دیگر (رقم اولیه) محسوب می‌شود که: "الف) آن رقم یا عمدتاً از یک رقم اولیه مشتق شده باشد، یا از رقمی که خود به طور عمده از یک رقم اولیه مشتق شده است مشتق شده باشد (شکل ۱)، در حالی که

اولیه بدون اینکه منجر به یک رقم مشتق شده گردد برای اکثر گیاهان مشخص نگردیده و مقایسه دقیق تمام این روش‌ها تاکنون صورت نگرفته است. با این وجود، ادعا گردیده که این روش‌ها موجب تقلیل ارزش هدف اصلی سیستم حمایت از رقم گیاهی یعنی حمایت از به‌نژادی کلاسیک و خلاق شده و امکان سوء استفاده از ارقام مورد حمایت بدون جبران زیان و خسارت به‌نژادگر ارقام اولیه را فراهم می‌نماید.

صرف نظر از گنگ بودن تعریفی که کنوانسیون از رقم مشتق شده ارائه می‌کند، "تمایز" و "تطابق" دو رکن این مقوله می‌باشند. این موضوع را می‌توان با اصل "این همانی"<sup>۱۴</sup> به عنوان یک اصل مهم در ارزیابی زیست ایمنی گیاهان تراریخته مشابه دانست که مطابق



شکل ۱- قوانین مرتبط با آبشار اشتقاق و وابستگی. با وجود امکان اشتقاق رقم مشتق شده B از رقم مشتق شده A که خود از رقم اولیه حاصل شده است (آبشار اشتقاق)، مالکیت رقم اولیه به هر دو رقم مشتق شده تسری می‌یابد؛ در حالیکه هیچگونه وابستگی بین دو رقم مشتق شده نمی‌تواند وجود داشته باشد.

آن، رقم تراریخته باید به‌جز ژنی که به رقم اولیه منتقل شده با آن همانند باشد. در این خصوص نیز به‌نژادگر رقم اولیه ادعا می‌کند که رقم مشتق شده "همان" رقم من است و تنها یک تغییر جزئی<sup>۱۵</sup> از طریق به اصطلاح به‌نژادی تزیینی<sup>۱۶</sup> (روش‌های اشاره شده در بالا) در آن ایجاد گردیده است. به نظر می‌رسد، در عین حال که تمایز بین رقم مشتق شده و رقم اولیه به سادگی می‌تواند احراز گردد، ارزیابی تطابق آنها یا اینکه تا چه اندازه از نظر فنوتیپی به یکدیگر شبیه می‌باشند در موارد بسیاری کار مشکلی است.

### ادعای عمل اشتقاق

تنها پس از ادعای مالک رقم اولیه مبنی بر این که عمل اشتقاق صورت گرفته، فرآیند مصالحه و در نهایت اثبات آن در دادگاه آغاز می‌گردد. بنابراین از آنجا که این یک دعوی حقوقی بین به‌نژادگران

بروز صفات اساسی حاصل از ژنوتیپ یا ترکیب ژنوتیپی رقم اولیه را حفظ نموده است، (ب) آن رقم به وضوح از رقم اولیه قابل تمایز باشد و (ج) به جز تفاوت‌هایی که از عملیات اشتقاق ناشی می‌شوند، آن رقم در بروز صفات اساسی ناشی از ژنوتیپ یا ترکیب ژنوتیپ‌های رقم اولیه، با آن منطبق باشد".

طبق نظر فدراسیون بین‌المللی بذر<sup>۱۳</sup>، روش‌های به‌نژادی که منجر به ایجاد یک رقم مشتق شده می‌گردند ممکن است از گونه‌ای به گونه دیگر یا حتی در سطح گونه متفاوت باشد. از این رو تعیین میزان تطابق یا وابستگی ژنتیکی بین رقم اولیه و مشتق شده باید در نظر گرفتن این موارد صورت گیرد. به‌علاوه به‌نژادگران بر سر روش‌های مورد قبول یا غیر قابل قبولی که به ترتیب منجر به ایجاد ارقام مشتق شده مستقل یا ارقام مشتق شده می‌گردند، به اتفاق نظر نرسیده‌اند. به ویژه، تعداد قابل قبول از تلاقی‌های برگشتی با رقم

می‌باشد، مراجع ثبت ارقام مسئولیتی در خصوص شناسایی یا اثبات مشتق شده بودن یک رقم ندارند. بدیهی است که یک رقم مشتق شده مانند دیگر ارقام گیاهی پس از احراز جدید بودن و سه شرط فنی تمایز، یکنواختی و پایداری<sup>۱۶</sup> (DUS) می‌تواند مورد حمایت قرار گیرد. به طور استثنا، قانون حقوق به‌نژادگر استرالیا مرجع ملی ثبت ارقام را مسئول تعریف "صفات اساسی" و شناسایی ارقام مشتق شده پیش از شروع فرآیند دادگاه تعیین نموده و در این خصوص مسئولیت پاسخگویی به ادعای مالک رقم اولیه را بر دوش به‌نژادگر رقم مشتق شده نهاده است. مطابق این قانون، صفات اساسی صفات موروثی هستند که در بروز ویژگی‌های اصلی، عملکرد یا ارزش یک رقم دخیل می‌باشند. این ویژگی‌ها می‌توانند بسته به گیاه و ارزش تجاری آن متفاوت باشند. به‌عنوان مثال، رنگ آنتوسیانین ریشک گندم در حالی که متمایز کننده می‌باشد، هیچ نقشی در برتری تجاری رقم ندارد. در حالی که رنگ متفاوت گلها کارکرد تجاری بسیار مهمی برای آنها محسوب می‌گردد، همچنین کوتاه‌تر بودن میانگرمه یک رقم اصلاح شده گیاه چمنی از رقم اولیه (وجه تمایز)، می‌تواند آن را از ادعای مشتق شده رهایی ببخشد، چرا که این صفت موجب افزایش پاخوری آن و مقاومت در برابر شکستگی (ارزش زراعی و مصرف) می‌گردد.

### روش‌های شناسایی ارقام مشتق شده

از نظر تئوری، فواصل ژنتیکی به دست آمده از نشانگرهای مولکولی، صفات مورفولوژیکی مورد استفاده در آزمون تمایز، ضریب هم‌نسبی و دیگر دیسکریپتورها نظیر هتروزیس یا قابلیت ترکیب‌پذیری از آنجا که اطلاعاتی درباره وابستگی بین ارقام می‌دهند، می‌توانند برای شناسایی ارقام مشتق شده مورد استفاده قرار گیرند. نظیر کاربرد مؤثری که انگشت‌نگاری DNA در علم جرم شناسی دارد، نشانگرهای مولکولی ابزاری مناسب در شناسایی مواردی چون استفاده غیر قانونی از ژرم‌پلاسم می‌باشند. از این رو این نشانگرها به دفعات به عنوان ابزاری مناسب برای شناسایی عمل اشتقاق در بیشتر گیاهان زراعی پیشنهاد شده‌اند، چرا که اندازه مستقیمی از وابستگی دو رقم را ارائه می‌دهند. در تمام مطالعات مولکولی صورت گرفته در ارقام گیاهان زراعی، وجود همبستگی معنی‌داری بین ضریب هم‌نسبی و فواصل ژنتیک محقق شده که در نتیجه برای آشکار نمودن روابط شجره‌ای بین ارقام سودمند بودند. درحالی‌که، موافقان استفاده از داده‌های فنوتیپی ادعا می‌کنند که عبارت "مطابق صفات اساسی ژنوتیپ یا ترکیب ژنوتیپ‌های رقم اولیه" که برای تعریف ارقام مشتق شده در متن کنوانسیون آمده است، دلالت بر استفاده از داده‌های فنوتیپی داشته و هیچ اشاره‌ای به داده‌های مولکولی ندارد. همچنین از آنجا که اطلاعات فنوتیپی اساس حمایت از ارقام گیاهی می‌باشد پس بنابراین

باید برای شناسایی ارقام مشتق شده نیز مورد استفاده قرار گیرند. در عوض، مخالفان استفاده از داده‌های فنوتیپی بیان می‌دارند که حتی صفات فنوتیپی با وراثت‌پذیری بالا تخمینی نادرست از وابستگی بین دو رقم را نشان می‌دهند.

دلایل مزیت استفاده از فواصل ژنتیکی مبتنی بر نشانگرهای مولکولی برای شناسایی ارقام مشتق شده چنین عنوان گردیده است: داده‌های مولکولی از آنجا که تحت تأثیر عوامل محیطی قرار نمی‌گیرند تخمین مستقیمی از وابستگی واقعی دو ژنوتیپ را ارائه می‌دهند. این داده‌ها منعکس کننده درصد ژنوم مشترک بین رقم اولیه و رقم مشتق شده مفروض بوده درحالی‌که تظاهر صفات مورفولوژیکی معین در محیط‌های مختلف متفاوت می‌باشد. همچنین تعداد زیادی از نشانگرها برای تعیین ژنوتیپ ارقام کلیه گیاهان زراعی در دسترس بوده در صورتیکه تعداد محدودی از صفات مورفولوژیکی که دشواری ارزیابی و هزینه‌های زیادی را نیز در بردارند، باید مشاهده گردند. در تظاهر صفات مورفولوژیکی تنها قسمت کوچکی از ژنوم نقش دارد در حالی که نشانگرها می‌توانند طوری انتخاب شوند که به طور یکنواخت ژنوم را پوشش دهند. در نهایت اینکه امتیازدهی داده‌های مولکولی می‌تواند تا اندازه زیادی اتوماتیک شده درحالی‌که داده‌های مورفولوژیکی بسته به امتیازدهی افراد ممکن است متفاوت باشد.

با این وجود، ضرورت استفاده از روش‌های قابل اعتماد علمی جهت تشخیص ارقام مشتق شده از ارقام مشتق شده مستقل و ارقام اولیه، به‌نژادگران را بر آن داشت تا نسبت به تعیین فاصله‌های ژنتیکی و شاخص‌هایی منصفانه تحقیق کرده که در حقیقت بتوانند قلمرو مالکیت رقم اصلاح شده را مشخص نمایند. محدوده این قلمرو می‌بایست به اندازه‌ای وسیع تعیین گردد که موجب تضییع حقوق به‌نژادگر رقم اولیه نگشته و درعین حال به اندازه‌ای کوچک باشد که از ارقام مورد حمایت بتوان بدون نگرانی در برنامه‌های اصلاحی کلاسیک و مدرن استفاده کرد.

تاکنون، فدراسیون بین‌المللی بذر عمدتاً بر روی آستانه‌هایی مبتنی بر فواصل اندازه‌گیری شده با نشانگرهای مولکولی تحقیق کرده و دستورالعمل‌هایی را برای شناسایی ارقام مشتق شده در گیاهانی چون ذرت، پنبه، کلزای روغنی، علف چاودار چندساله، کاهو و قارچ دکمه‌ای منتشر کرده است. در این خصوص، آستانه‌های ژنتیکی به صورت زیر تعریف می‌گردند:

**آستانه اول:** پایین‌تر از این حد تطابق ژنتیکی، یک رقم مفروض به عنوان یک رقم غیر مشتق شده (رقم مشتق شده مستقل) در نظر گرفته می‌شود.

**آستانه دوم:** بالاتر از این حد، رقم مفروض به عنوان یک رقم مشتق شده تعیین می‌گردد مگر اینکه به‌نژادگر آن با مدارک مستند اثبات نماید که شروع فرآیند به‌نژادی او از ژرم‌پلاسم مستقل بوده است.

برای درک بیشتر موضوع، آستانه‌های مذکور را می‌توان چنین ترسیم نمود (شکل ۲). در ناحیه اول (ناحیه سبز) به‌نژادگران آزادی عمل داشته از این رو می‌توان آن را ناحیه عدم اشتقاق یا استقلال نامید. در ناحیه سوم (ناحیه قرمز) به وضوح رقم جدید به‌نژادگر یک رقم مشتق شده بوده و با رقم اولیه وابستگی دارد. این ناحیه را می‌توان ناحیه عدم تمایز یا اشتقاق بی‌چون و چرنا نامید. ناحیه دوم (ناحیه نارنجی)

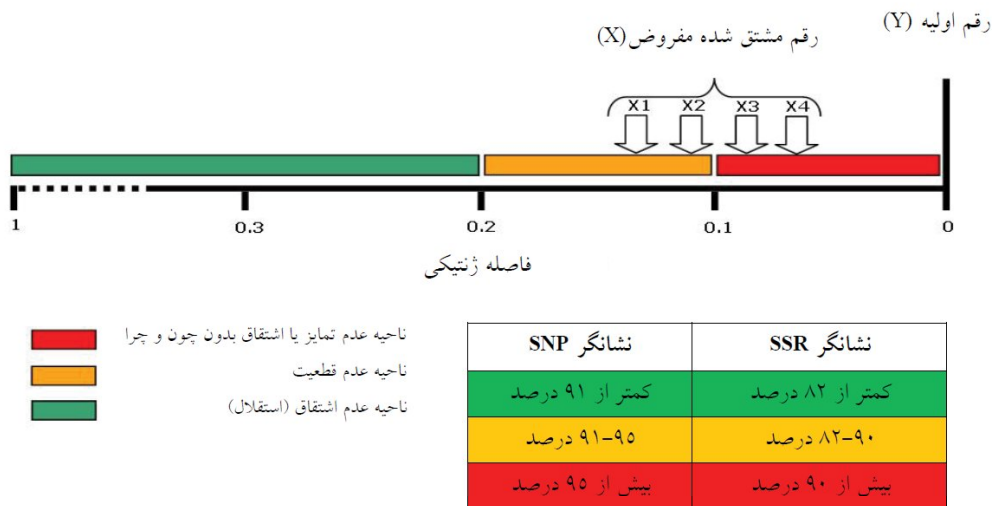
ناحیه‌ایست که عدم قطعیت در مورد رقم مشتق شده مفروض وجود دارد. در این خصوص به‌نژادگر رقم مشتق شده باید مدارک مربوط به شجره و روش اصلاحی رقم خود را جهت اثبات مستقل بودن رقم به دادگاه ارائه نماید.

با پیشرفت شگرف در روش‌های توالی‌یابی ژنوم و خوانش چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی<sup>۱۸</sup> (SNP)،

این نشانگرها به علت فراوانی بسیار بیشتر جایگزین دیگر نشانگرهای مولکولی برای ارزیابی تطابق ارقام شده‌اند. به عنوان مثال، پیرو تحقیق مشترکی که بین اتحادیه تجارت بذر آمریکا<sup>۱۹</sup> و دانشگاه فلوریدا جنوبی صورت گرفت، فدراسیون بین‌المللی بذر آستانه‌های نواحی سبز، نارنجی و قرمز در گیاه ذرت که بیشتر بر پایه نشانگرهای ریزماهواره<sup>۲۰</sup> تعیین گردیده بود را با ۳۰۷۲ نشانگر SNP در سال ۲۰۱۴ بروز رسانی کرد. در این خصوص، رقمی که شباهت ژنتیکی آن با رقم اولیه بیش از ۹۵ درصد باشد به عنوان رقم مشتق شده محسوب می‌گردد (شکل ۲).

برخی منتقدان بر وابسته‌بودن تعیین میزان آستانه‌ها به تک ژنی یا چند ژنی بودن صفت مورد اصلاحی تأکید نموده و رهیافت کنوانسیون را در برخورد یکسان با ماهیت متفاوت این صفات غیر عملی می‌دانند.

در این خصوص، در نظر گرفتن میزان بالای آستانه (به طور مثال ۹۰ درصد) برای صفات پیچیده کمی می‌تواند انگیزه‌ای برای اصلاح تزیینی بوجود آورد. از این رو با توجه به اختصاص سهم قابل توجهی از ماده ژنتیکی در انتقال این گونه صفات نیاز به تعیین آستانه پایین‌تری (به طور مثال ۷۰ درصد) در مقایسه با صفات گسسته کیفی می‌باشد. در مقابل از آنجا که در انتقال صفات کیفی سهم کوچکی از ماده ژنتیکی منتقل می‌گردد، باید این میزان را بسیار بالا تعیین نمود و یا تنها با توجه به بیان صفت مورد تمایز رقم اولیه در یک رقم مشتق شده از آن صرف نظر نمود.



شکل ۲- آستانه‌های مبتنی بر فاصله ژنتیکی که مرز تطابق رقم مشتق شده از رقم اولیه را در نواحی سبز (عدم تمایز)، نارنجی (عدم قطعیت) و سبز (عدم اشتقاق یا استقلال) مشخص می‌سازند. در این خصوص، اگر فاصله ژنتیکی یک رقم ذرت مفروض (X) از رقم اولیه (Y) که توسط ۳۰۷۲ نشانگر SNP تعیین می‌گردد کمتر از ۵ درصد باشد، بدون چون و چرنا به عنوان مشتق شده محسوب می‌گردد. این آستانه قبل از سال ۲۰۱۴ با نشانگرهای SSR در مرز ۱۰ درصد تعیین گردیده بود (جدول) (برگرفته از Heckenberger et al. 2002).

### اطلاع‌رسانی از وضعیت ارقام

علیرغم اینکه استفاده از ارقام مورد حمایت در اصلاح دیگر ارقام گیاهی آزاد می‌باشد (اصل معافیت به‌نژادگر)، سهم خواهی از مالکیت رقم مشتق شده توسط مالک رقم اولیه یکی از نگرانی‌های عمده به‌نژادگران می‌باشد.

فدراسیون بین‌المللی بذر حتی نظر خود در خصوص عمل اشتقاق از رقمی که مورد حمایت نبوده ولی در آینده مالک آن تقاضای حمایت آن را می‌دهد، چنین ابراز داشته است. در صورتی که عمل اشتقاق طی دو دوره جدید بودن (مطابق ماده ۶ کنوانسیون فاصله زمانی بین فروش رقم یا در دسترس دیگران قرار گرفتن آن تا تاریخ تقاضا) و حمایت موقتی رقم اولیه (مطابق ماده ۱۳ کنوانسیون فاصله

زمانی بین تاریخ تقاضا تا زمان اعطای حق امتیاز بهره‌برداری (رقم) صورت پذیرد، وابستگی رقم مشتق شده از زمان اعطای امتیاز به مالک رقم اولیه شروع می‌گردد. همچنین دسترسی به رقم اولیه پیش از زمان فروش یا در دسترس قرار گرفتن آن، ممکن است جدید بودن رقم اولیه مفروض را مخدوش نماید.

لزوم آگاهی داشتن به‌نژادگران از وضعیت ارقام گیاهی (مورد حمایت بودن یا ثبت اختراع شده) نهادهای مسئول را بر آن داشته است تا نسبت به این موضوع اطلاع‌رسانی نمایند. در این خصوص، پایگاه داده PLUTO که توسط اتحادیه UPOV مدیریت و به‌روزرسانی می‌گردد، اطلاعات بسیار جامعی از وضعیت ارقام گیاهی در خصوص تاریخ اعطا و انقضای مدت حمایت و ثبت اختراع را در بر دارد. بر خلاف سیستم حمایت از ارقام گیاهی که در آن ارقام واجد شرایط برخوردار از حمایت باید با یک نام معرفی شوند، اطلاعات ارائه شده در تقاضای ثبت اختراع معمولاً نام رقم را شامل نمی‌گردد. به‌منظور ایجاد رابطی بین این دو نظام حمایتی، پایگاه داده PINTO که دو بار در سال توسط اتحادیه بذر اروپا<sup>۲۱</sup> به‌روزرسانی می‌شود، اطلاعاتی از نام رقمی که ثبت اختراع شده است را در دسترس عموم به‌ویژه به‌نژادگران ارقام گیاهی قرار داده است.

### آینده به‌نژادی و ثبت ارقام گیاهی

به‌طور کلی نظام حمایت از ارقام گیاهی را می‌توان مشوق به‌نژادی کلاسیک و "خلاق" دانست. به نظر می‌رسد منظور از این عبارت، روش‌های به‌نژادی مرسوم بوده که انتخاب ترکیبات ژنتیکی جدید (ارقام) از نتایج حاصل از تلاقی دو والد (یا حتی چند والد) در نسل‌های متامدی حاصل می‌گردند. این روش‌ها به نوعی متمایز بودن ارقام حاصل از ارقام ثبت شده قبلی را به نوعی تضمین می‌نمایند. در مقابل، روش‌های به‌نژادی نظیر جهش‌زایی (موتاسیون)، انتقال ژن و ویرایش ژنوم را می‌توان در گروه روش‌های به‌نژادی تزئینی قرار داد که موجب تغییرات اندک و جزئی در ارقام و در نتیجه محدود شدن فاصله ژنتیکی و تطابق بیشتر آنها با یکدیگر می‌گردند. بنابراین، این روش‌ها مشروط بر اینکه بر روی یک رقم اولیه مورد حمایت صورت پذیرند، مستعد ایجاد رقم مشتق شده نیز می‌باشند.

پیشرفت‌های اخیر در به‌نژادی، به‌ویژه روش‌هایی که منجر به ویرایش ژنوم می‌گردد، امکان بهبود صفات ارقام گیاهی را در مقایسه با روش‌های کلاسیک (که به‌عنوان مثال اصلاح یک رقم تا ۱۵ سال طول می‌کشد) تسهیل و سرعت بخشیده‌اند. این روش‌ها همچنین باعث ایجاد صفاتی نوین در ارقام گردیده که پیشتر وجود نداشتند. ذرت‌هایی که میزان فایبیت آنها کاهش یافته، سویاهایی با میزان

روغن ترانس کاهش یافته، قارچ‌ها و سیب‌زمینی‌هایی که در فضای باز، قهوه‌ای (اکسیده) نمی‌شوند و سیب‌زمینی‌هایی که سولانین آنها به میزان قابل توجهی کاهش یافته مثال‌هایی از گیاهانی هستند که با استفاده از نوکلئازهای هدفمند<sup>۲۲</sup> ایجاد گردیده یا تحقیقات آنها در حال انجام است. در نظر بگیرید با تغییر تنها دو نوکلئوتید در ژن EPSPS می‌توان یک رقم گندم یا ذرت متحمل به علف‌کش گلایفوسیت<sup>۲۳</sup> ایجاد کرد. بدیهی است تمایل پژوهشگران بر ایجاد چنین تغییراتی (اصلاح) بر روی ارقام جدید و برتر که مقبول کشاورزان می‌باشند بسیار بیشتر از ارقام قدیمی است.

نگرانی از عواقب استفاده از ارقام مورد حمایت و تقابل آن با اصل معافیت به‌نژادگر که ارقام را به‌عنوان یک منبع ژرمپلاسم آزاد برای پیشرفت مداوم برنامه‌های اصلاحی می‌داند، با چالشی جدی مواجه نموده است. این تقابل به‌طور جدی می‌تواند وقفه‌ای در فرآیند ایجاد ارقام جدید از بهترین ارقام موجود که در مالکیت دیگران می‌باشد ایجاد نماید یا به‌نژادگران را به استفاده از مواد اصلاحی خود برای ایجاد ارقام جدید ترغیب نماید. حال با گذشت ۲۵ سال از معرفی اصل اشتقاق در کنوانسیون، بسیاری آن را ناکارآمد و غیرعملی می‌دانند. به‌عنوان یکی از موارد قابل ذکر، نبود انگیزه در انتقال اولیه یک صفت (مثلاً مقاومت به بیماری) از یک خویشاوند وحشی یا رقمی با خصوصیات زراعی پایین‌تر به یک رقم اصلاح شده بوده که صرف هزینه و زمان زیادی را در بر دارد. چرا که رقبای به‌نژادگر اولیه با ریسک و صرف زمان به‌طور قابل ملاحظه کمتری قادر به انتقال صفت مزبور به ارقام خود می‌باشند. از این رو به خاطر نبود انگیزه‌های مالی، عمده این گونه فعالیت‌های تحقیقاتی منحصر به به‌نژادگر بخش دولتی گردیده است. به نظر می‌رسد برون رفت از چالش تقابل اصل معافیت به‌نژادگر و اشتقاق راهی جز بازنگری در متن کنوانسیون نداشته باشد. در این خصوص آیا راهکاری مشابه قانون حقوق به‌نژادگر استرالیا که برای حل و فصل دعوی حقوقی بین به‌نژادگران تبیین شده است (یک رقم تا زمانی که صفت متمایز کننده آن از رقم اولیه ارزش افزوده برای رقم داشته باشد را نمی‌توان مشتق شده محسوب نمود) می‌تواند راهگشا باشد. آیا دشوار و هزینه‌بر بودن ارزیابی تطابق ارقام و فرآیند اثبات آن در دادگاه نقشی در به‌روی آوردن به‌نژادگران به نظام ثبت اختراع دارد؟ نظامی که در آن بر خلاف نظام حمایت از ارقام گیاهی اعمال محدودیت برای استفاده از ارقام برای ایجاد دیگر ارقام معمول می‌باشد. انتظار می‌رود در آینده نزدیک با رفع احتمالی ممنوعیت ثبت اختراع ارقام گیاهی در اروپا که به روش کلاسیک ایجاد شده‌اند، با رشد فزاینده تقاضا برای ثبت اختراع در مقایسه با نظام حمایت از ارقام گیاهی باشیم. در این خصوص، دستکم در ارقام گروه سبزی و صیفی

- 15- Minor modification
- 16- Cosmetic breeding
- 17- DUS, Distinctness, Uniformity, and Stability
- 18- SNPs, Single Nucleotide Polymorphisms
- 19- ASTA, American Seed Trade Association
- 20- microsatellite
- 21- European Seed Association
- 22- SDN, Site-directed nuclease

فهرست منتشر شده توسط نهاد ILP Vegetables به به‌زادگران در خصوص عواقب استفاده از آنها در مواد اصلاحی خود هشدار لازم داده شده است. اگرچه با وجود عدم مشارکت شرکت Monsanto در این فهرست نمی‌توان آن را کامل دانست و انتظار می‌رود با اکتساب کامل سهام این شرکت توسط شرکت Bayer آلمان در ژوئن ۲۰۱۸ روند تکمیل اطلاعات این پایگاه به زودی آغاز گردد.

### منابع

-UPOV (International Union for the Protection of New Varieties of Plants). 1991. International convention for the protection of new varieties of plants, Publication No. 221 (E), March 19, Geneva.

-ISF (International Seed Federation). 2012. ISF View on Intellectual Property. Available at: [http://www.worldseed.org/wp-content/uploads/2015/10/View\\_on\\_Intellectual\\_Property\\_2012.pdf](http://www.worldseed.org/wp-content/uploads/2015/10/View_on_Intellectual_Property_2012.pdf)

-ISF (International Seed Federation). 2014. Guidelines for the handling of a dispute on essential derivation in maize lines. Available at: [http://www.worldseed.org/wp-content/uploads/2015/10/ISF\\_Guidelines\\_Disputes\\_EDV\\_Maize\\_2014.pdf](http://www.worldseed.org/wp-content/uploads/2015/10/ISF_Guidelines_Disputes_EDV_Maize_2014.pdf)

-Heckenberger M, Bohn M, Ziegler JS, Joe LK, Hauser JD, Hutton M, Melchinger AE. (2002). Variation of DNA fingerprints among accessions within maize inbred lines and implications for identification of essentially derived varieties. *Molecular Breeding* 10:181-191

### پی‌نوشت

- 1- PBRs, Plant Breeder's Rights
- 2- GATT, General Agreement on Tariffs and Trade
- 3- sui generis effective system
- 4- AIPO, African Intellectual Property Organization
- 5- Breeder's Exemption
- 6- Essentially derived and certain other varieties
- 7- EDVs, Essentially Derived Varieties
- 8- cascade of derivation
- 9- cascade of dependence
- 10- Improvement patent
- 11- physical derivation
- 12- somaclonal variant
- 13- ISF, International Seed Federation
- 14- Substantial equivalence

