วัตถุประสงค์ของวิทยานิพนธ์นี้เพื่อศึกษาความเป็นไปในการปนพันธุ์ถั่วเหลืองจำลองพันธุ์สู่ระบบการปลูก และศึกษาผลกระทบของพืชจำลองพันธุ์ต่อสิ่งแวดล้อมบางประการในพื้นที่ศึกษาเขตภาคกลางตอนบนและภาคเหนือของประเทศไทย(จ. เพชรบูรณ์ นครสวรรค์ สุโขทัย เลย เชียงใหม่) โดยอาศัยแนวคิดนำชุดตรวจสอบอย่างง่ายบนพื้นฐานของการตรวจยีนในบริเวณแกนหลักของ CaMV 35S โปรโมเตอร์ มาประยุกต์ใช้ในการสำหรับใช้ตรวจสอบการไหลเวียนของยีนจากพืชจำลองพันธุ์ไปสู่พืชตระกูลถั่วชนิดที่พบในแปลงปลูก ทดสอบการแพร่กระจาย ตลอดจนอายุของละอองเรณูที่สามารถมีชีวิตอยู่ได้ในสภาพแวดล้อม การไหลเวียนของยีนจากพืชจำลองพันธุ์ไปสู่จุลชีพในลำไส้ผึ้งและแมลงในกลุ่ม Pollinator อื่นๆ การไหลเวียนของยีนจากพืชจำลองพันธุ์ไปสู่จุลินทรีย์ในดินและเชื้อไรโซเบียมในระบบพึ่งพาอาศัยในปมราก ตลอดจนความคงตัวอยู่ของพลาสมิด DNA ในชุดดินตัวแทน 5 ชุดดิน ได้แก่ ชุดดินกำแพงแสน ชุดดินทรายบางบอน ชุดดินรังสิต ชุดดินวาริน และชุดดินชัยบาดาล ภายใต้สภาพแวดล้อมกึ่งปิด

เมื่อนำเทคนิคการทดสอบชิ้นส่วนดีเอ็นเอ ณ. บริเวณ 35S โปรโมเตอร์มาประยุกต์ใช้ พบถั่วเหลืองที่จำหน่ายในท้องตลาดในกรุงเทพฯ เป็นถั่วเหลืองนำเข้าและเป็นถั่วเหลืองจำลองพันธุ์ที่มีอัตราการงอกแปรผันอยู่ระหว่าง 20.8-70.8% จึงมีโอกาสปนพันธุ์สู่ระบบผลิต การตรวจสอบการปนพันธุ์ถั่วเหลืองในพื้นที่ปลูกในเขตภาคกลางตอนบนและภาคเหนือตอนล่างพบการปนพันธุ์ผลการศึกษาพบว่าชุดตรวจสอบอย่างง่ายในการศึกษาพัฒนาขึ้นเพื่อตรวจสอบแกนหลักของยีนจากพืชจำลองพันธุ์สามารถตรวจสอบได้เป็นอย่างดีและเมื่อนำชุดตรวจสอบมาใช้ทดสอบตัวอย่างถั่วเหลือง ในเขตภาคกลางตอนบนและภาคเหนือพบว่าปัจจุบันถั่วจำลองพันธุ์มีการกระจายตัวไปสู่มือเกษตรกรทั้งในรูปผลผลิตและเมล็ดพันธุ์ พบถั่วเหลืองจำลองพันธุ์มีการปนเปื้อนอยู่ในตลาดเมล็ดพันธุ์และแปลงปลูกของเกษตรกรจำนวน 25 ตัวอย่างจาก 38 ตัวอย่าง โดยถั่วเหลืองดังกล่าวมีอัตราการงอกสูงสามารถใช้หมุนเวียนในระบบการผลิตได้ ในเบื้องต้นพบความเป็นไปได้ที่จะเกิดการปนพันธุ์โดยคนและแมลงผสมเกสรจำพวกผึ้ง การศึกษาการไหลเวียนของยีน พบว่าชิ้นส่วนดีเอ็นเอจากถั่วเหลืองจำลองพันธุ์สามารถถ่ายทอดไปสู่แบคทีเรียในดิน แบคทีเรียในปมราก ในลำไส้ผึ้งที่เลี้ยงด้วยอาหารผงถั่วเหลืองจำลองพันธุ์บดละเอียด และสามารถตรวจสอบการคงสภาพของดีเอ็นเอในชุดดินทั้ง 5 ชุด (ชุดดินทรายมาบบอน ชุดดินชัยบาดาล ชุดดินวาริน ชุดดินกำแพงเพชร ชุดดินรังสิต) เป็นเวลาอย่างน้อย 84 วัน

193183

The studies on the feasibility of mingling of soybean seeds and grain with genetically modified soybean, the integration of those soybeans with the soybean production system and the effect of genetically modified soybean to environment were carried out at sites located in upper central part and northern part of Thailand (Petchaboon, Nakornsawan, Sukhothai, Loei and Cheangmai). These were done based on the application of a simple PCR technique of detecting of DNA element in cauliflower mosaic virus 35S promoter for the monitoring of the gene flow from genetically modified soybeans to plant and legume and their pollen and pollen distribution, to bacteria in digestive tract of some insect pollinators, to soil bacteria and the symbionts, and to the stability of DNA molecule in 5 representative soils, Khampaengsaen, Bangborn, Rungsit Varin and Chaibadan in plastic pots

When the DNA detection technique was applied, results showed that soybean grain from markets were imported one and were mingling with genetically modified soybean with their germination ratio varied from 20.8 to 70.8%. This indicated the feasibility of these grain integrating into the agricultural system. The investigation of soybean seeds and grain from planting area in upper central and northern part revealed the mingling of genetically modified one of 25 samples from 38 samples with their high germination ratio enough to be circulated within the soybean production system. It was possible that the mingling of the genetically modified soybean was due to the inappropriate handling by human or the natural crossing among varieties by insect pollinators. In gene flow studies, the DNA bands corresponding with 35S DNA fragment were identified in soil bacteria, in nodule bacteria, in bacteria living in digestive tract of bee fed with the genetically modified soybean powder. DNA bands were also remained in the representative soil series at 84 days after application.