

ปารวี ธิกาศ : เครื่องหมายทางพันธุกรรมของข้าว *Oryza sativa* L. พันธุ์เหลืองประทิวสายพันธุ์ทนเค็มที่ตรวจสอบโดยวิธีอาร์เอพีดี (GENETIC MARKERS OF THE SALT TOLERANT LINE OF RICE *Oryza sativa* L. CULTIVAR LEUNG PRATEW DETECED BY RAPD METHOD) อ. ที่ปรึกษา : ผศ. ดร. ศุภจิตรา ชัชวาลย์, อ. ที่ปรึกษา
ร่วม : ศ. กิตติคุณ มณฑานติ วัชรภักย์, 117 หน้า. ISBN 974-17-3782-3

เมื่อทดสอบความสามารถในการทนแล้งของข้าวพันธุ์เหลืองประทิวสายพันธุ์ทนเค็ม (LPT123-TC171) ที่เกิดจาก somaclonal variation ในหลอดทดลองและผ่านการคัดเลือกภายใต้ภาวะเค็ม 10 ชั่วโมง พบว่า LPT123-TC171 มีความสูง น้ำหนักสดและน้ำหนักแห้งของต้นและรากสูงกว่าข้าวสายพันธุ์เดิมอย่างมีนัยสำคัญ เมื่อปลูกในสารละลายธาตุอาหารที่มี PEG 6000 ความเข้มข้น 200 g/l เป็นเวลา 6 สัปดาห์ จากความสามารถในการทนแล้งของข้าวสายพันธุ์ทนเค็มนี้ทำให้คาดว่ายีนบางยีนที่เกี่ยวกับความสามารถในการทนแล้งและทนเค็มน่าจะมีความเกี่ยวข้องกันหรืออาจจะเป็นยีนในกลุ่มเดียวกัน และเมื่อนำข้าว LPT123-TC171 มาคัดเลือกภายใต้ภาวะแล้งต่ออีกหนึ่งชั่วโมง พบว่าข้าว LPT123-TC171 รุ่นที่ 11 มีความทนทานต่อภาวะแล้งได้ดีขึ้น เมื่อเปรียบเทียบกับข้าวสายพันธุ์ดังกล่าวในรุ่นที่ 10

การใช้ RAPD ศึกษาการแปรทางพันธุกรรมของข้าว LPT123-TC171 เปรียบเทียบกับข้าวสายพันธุ์เดิม พบรูปแบบของแถบ DNA ที่แตกต่างกันในข้าวทั้งสองสายพันธุ์ ซึ่งแสดงว่าข้าวทั้งสองสายพันธุ์มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรมในระดับโมเลกุล เมื่อทำการโคลนชิ้นส่วน DNA ที่แตกต่างกันระหว่างข้าวทั้งสองสายพันธุ์ คือ 171_A_13, 123_B_18 และ 123_UBC_80 เพื่อใช้เป็น probe ในการทำ Southern blot analysis ผลพบความแตกต่างกันของแบบแผนจีโนมระหว่างข้าวทั้งสองสายพันธุ์ ซึ่งแสดงว่ามีการแปรทางพันธุกรรมเกิดขึ้นในระดับ DNA ในข้าว LPT123-TC171 และเกิดขึ้นหลายตำแหน่ง การทำ hybridization ใน genomic DNA ของข้าวทั้งสองสายพันธุ์ โดยใช้ 171_A_13 และ 123_B_18 เป็น probe แสดงรูปแบบของ repeated sequence hybridization และเมื่อใช้ 123_UBC_80 เป็น probe พบว่า 123_UBC_80 อาจเป็นส่วนหนึ่งของ small gene family เมื่อศึกษาการแสดงออกของยีนโดยใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรมที่โคลนได้เป็น probe ในการทำ Northern blot analysis ไม่พบสัญญาณ mRNA ในทุกการทดลอง ซึ่งอาจเป็นผลมาจากการแสดงออกของยีนมีระดับต่ำจนไม่สามารถตรวจสอบได้หรือเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่โคลนได้เป็นบริเวณที่ไม่ใช่ coding sequence ซึ่งควรทำการศึกษาความเกี่ยวข้องของเครื่องหมายทางพันธุกรรมกับความสามารถในการทนต่อภาวะเครียดต่อไป

KEY WORDS : RICE/ *Oryza sativa* L./ DROUGHT STRESS/ RAPD

PARAWEE THIKART : GENETIC MARKERS OF THE SALT TOLERANT LINE OF RICE *Oryza sativa* L. CULTIVAR LEUNG PRATEW DETECED BY RAPD METHOD

THESIS ADVISOR : ASSIST. PROF. DR. SUPACHITRA CHADCHAWAN, THESIS

CO-ADVISOR : PROF. MONTAKAN VAJRABHAYA, 117 pp. ISBN 974-17-3782-3

Drought-tolerant ability of salt-tolerant Leung Pratew (LPT123) rice line, LPT123-TC171, *in vitro* selected from somaclonal variegated LPT123 rice line under salt stress pressure with additional selection under salt stress condition for 10 generations, was determined by growth comparison between the original and the resistant rice lines, when they were grown in WP nutrient solution, containing 200 g/l PEG 6000 for 6 weeks. The significant higher shoot and root dry weights, including shoot height, were detected in LPT123-TC171 rice line. These suggested the overlapping between salt and drought resistant genes in rice. After selection under drought stress condition, LPT123-TC171 in the 11th generation showed the relatively higher drought tolerant ability compared to LPT123-TC171 in the 10th generation.

Genetic variation between the original and the stress-resistant lines, detected by RAPD method indicated the difference between these two lines at molecular level. The different RAPD fragments between the resistant and the original lines were cloned, and named 171_A_13, 123_B_18 and 123_UBC_80 respectively. Then they were used as probes for the Southern blot analysis to distinguish the genomic patterns between the two rice lines. The different genomic patterns were found which suggested the differences between these two lines at DNA level. Genomic DNA hybridization using 171_A_13 and 123_B_18 fragments as probes reflected the patterns of the repeated sequence hybridization, while the hybridization using 123_UBC_80 fragment as a probe suggested that this fragment might be a part of a small gene family in rice. Northern blot analysis using genetic markers as probes revealed that the gene expression might be too low to be detected in all samples analyzed, or the obtained fragments were not the coding region. Further analysis for the association between the genetic markers and stress tolerant ability is required.