การศึกษาโครงสร้างของชุมชนแบคทีเรียตรึงไนโตรเจนเอนโดไฟท์ในแต่ละส่วนของต้นข้าว และช่วงการเจริญเติบโตของข้าวขาวดอกมะลิ 105 ในดินแบบต่างๆ พบว่ามีจำนวนประชากรระหว่าง 10^3 - 10^6 CFU ต่อกรัมน้ำหนักสดเนื้อเยื่อข้าว จากเชื้อที่แยกได้คิดเป็นกลุ่มที่ตรึงไนโตรเจนได้เป็น 56% ของประชากรทั้งหมด เมื่อแยกเป็นไอโซเลทเดี่ยวจากแต่ละชุมชนของเชื้อ พบว่าแต่ละไอโซเลทมีคุณสมบัติทั้งยับยั้ง และส่งเสริมการตรึงไนโตรเจนซึ่งกันและกัน เมื่อวิเคราะห์ถึงระดับสายพันธุ์ด้วยวิธีเปรียบเทียบลำดับเบสของยีน 16S rDNA พบว่าแบคทีเรียตรึงไนโตรเจนเอนโดไฟท์กลุ่มดังกล่าวได้แก่ *Enterobacter dissolvens, Brevundimonas aurantiaca, Pantoea agglomerans, Pseudomonas* spp. และ *Enterobacteriaceae bacterium* นอกจากนี้ได้ศึกษาความสามารถในการใช้แหล่งคาร์บอน, การผลิต indole-3-acetic acid หรือ IAA และการผลิตเอนไซม์ pectinase และ cellulase ตรวจสอบตำแหน่งการอยู่อาศัยของแบคทีเรียในเนื้อเยื่อข้าวโดยวิธียีนรายงาน (GUS gene reporter) พบว่ามีการอาศัยที่บริเวณราก ต้น และใบ โดยพบมากที่รากขนอ่อนและรากแขนง จากนั้นวิเคราะห์ชุมชนแบคทีเรียในเนื้อเยื่อข้าวด้วยวิธี PCR-DGGE โดยตรงจากต้นข้าวด้วย 16S rRNA primer สามารถวิเคราะห์ชุมชนจุลินทรีย์เอนโดไฟท์ได้ โดยแบคทีเรียสายพันธุ์หลักในชุมชนจุลินทรีย์นี้ได้แก่ *E. dissolvense, B. aurantiaca, P. agglomerans,* และ *Pseudomonas* spp. ในขณะที่ชุมชนของแบคทีเรียเอนโดไฟท์ตรึงไนโตรเจนสามารถแสดงให้เห็นโดยเทคนิค nested PCR-DGGE ร่วมกับ *nifH* primer การแสดงออกของยีนที่เกี่ยวข้องกับการตรึงไนโตรเจนของแบคทีเรียตรึงไนโตรเจนเอนโดไฟท์สามารถวิเคราะห์ได้โดยวิธี RT-PCR ด้วย *nifH* primer สามารถพบความแตกต่างได้ในส่วนต่างๆ ของต้นข้าว ในแต่ละช่วงการเจริญเติบโต

The aims of this study were to determine the community structure and the *nifH* gene expression of endophytic diazotroph bacteria within each part and growing stage of cultivated rice in different soil conditions. The total population of the viable endophytic bacteria in cultivated rice (*Oryza sativa* L. cultivar KDML-105) was in the range between 10^3 to 10^6 CFU g^{-1} fresh weight of rice tissue. The fifty-six percent from the total isolates was most likely diazotroph. The interaction between a single isolate from each diazotrophic consortium was observed. Both the inhibition and promotion of N_2-fixation from each diazotrophic consortium were found. Some chosen isolates were identified at the species level, based on the nearly full sequence analysis of the 16S rRNA gene. The results showed that they are closely related to *Enterobacter dissolvens, Brevundimonas aurantiaca, Pantoea agglomerans, Pseudomonas* spp., and *Enterobacteriaceae bacterium*. The carbon sources utilization, and production of indole-3-acetic acid, pectinase and cellulase were also determined. The bacterial localization in the rice tissue was detected in roots, stems and leaves. The most intense color on some of the root hair and younger lateral roots were observed on the basis of GUS reporter gene. The PCR-DGGE analysis conducted directly from the rice tissue using 16S rRNA primer could elucidate the endophytic bacterial communities. The major bacterial strains in this community belong to *E. dissolvense, B. aurantiaca, P. agglomerans,* and *Pseudomonas* spp. In addition, the community of diazotrophic bacteria inside the rice tissue was demonstrated using nested PCR-DGGE analysis with *nifH* primer. In order to detect the bacterial nitrogen fixing activity in the rice tissue, RT-PCR approach was carried out. The results displayed that the *nifH* gene expression could be detected in different parts and growing stages of rice plants.