

การแสดงออกของยีนในเนื้อเยื่อใบข้าว (*Oryza sativa* L.) พันธุ์เหลืองประทิว 123 สายพันธุ์เดิม (LPT123) และสายพันธุ์ทนเค็ม (LPT123-TC171) อายุ 2 สัปดาห์ ที่เจริญในภาวะปกติ และได้รับโซเดียมคลอไรด์ที่ความเข้มข้น 0.5 เปอร์เซ็นต์ (w/v) เป็นเวลา 48 ชั่วโมง ที่เปรียบเทียบด้วยวิธี differential display โดยใช้คู่ไพรเมอร์ที่เป็น poly T oligonucleotide primer จำนวน 8 ชนิด และไพรเมอร์สุ่มจำนวน 20 ชนิด พบแถบ cDNA แตกต่างกันจำนวน 108 แถบ ซึ่งชิ้นส่วน cDNA จำนวน 36 ชิ้น ถูกโคลน และวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์โดยใช้ Blast algorithm ของ EMBL โดยในจำนวนนี้มี cDNA จำนวน 27 โคลน ที่มีความคล้ายคลึงกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนสร้างโปรตีนที่รู้หน้าที่แล้ว ในขณะที่โคลนอีก 9 โคลน มีความคล้ายคลึงกับยีนสร้างโปรตีนที่ยังไม่มีการศึกษาหน้าที่ สำหรับการทำให้ northern blot analysis โดยใช้ cDNA จำนวน 8 โคลน ซึ่งมี derived amino acid sequence คล้ายคลึงกับโปรตีนของข้าวมากที่สุด และอีก 1 โคลน ที่มีความคล้ายคลึงกับยีนสร้างโปรตีนของ *Klebsiella aerogenes* มาทำเป็น probe พบว่ามีเพียง 4 โคลน คือ OsD1B16-1, OsD1B15-5, OsD1B18-18 และ OsD2B15-2 ซึ่งมีความคล้ายคลึงกับ RIM2 protein putative 6-phosphofructo-2-kinase/ fructose-2, 6-bisphosphate 2-phosphatase hypothetical protein และ NAD(P) H-quinone oxidoreductase ตามลำดับ ที่สามารถจับกับ total RNA ที่สกัดจากข้าวได้ ซึ่งการชักนำการแสดงออกของยีนเหล่านี้พบ หลังจากได้รับภาวะเค็มเป็นเวลา 48 ชั่วโมง โดยคาดว่ายีนดังกล่าวอาจมีความเกี่ยวข้องกับความสามารถในการทนเค็ม

4572624023 : MAJOR GENETICS

KEY WORDS : RICE/ *Oryza sativa* L./ GENE EXPRESSION/ DIFFERENTIAL DISPLAY/
SALT STRESS

SOMPORN MANEEPRASOBSUK : COMPARISON OF GENE EXPRESSION
BETWEEN THE ORIGINAL RICE *Oryza sativa* L. cv. LEUNG PRATEW 123 AND
THE SALT-TOLERANT LINES IN SALT-STRESSED CONDITION , THESIS
ADVISOR: ASSIST. PROF. DR. SUPACHITRA CHADCHAWAN, THESIS
COADVISOR: DR. EAKAPHUN BANGYEEKHUN, 92 pp. ISBN 947-17-6548-7

The foliar gene expression of 2 week-old rice (*Oryza sativa* L.) cv. Leung Pratew 123, the original cultivar (LPT123) and the salt-tolerant line (LPT123-TC171), grown in the normal condition and treated with 0.5% (w/v) NaCl for 48 hours was compared using the differential display method. Reverse-transcription polymerase chain reaction using combination of 8 poly T oligonucleotide and 20 arbitrary primers showed 108 different cDNA bands. Thirty-six cDNA fragments were cloned and sequence analysis was performed using Blast algorithm of EMBL. Twenty-seven of them were similar to the nucleotide sequences encoding with known function proteins whereas the others showed the homology with the uncharacterized proteins. For northern blot analysis, 8 cDNA clones whose derived amino acid sequences showing the highest similarity to the rice proteins and one cDNA clone whose derived amino acid sequence was similar to protein of *Klebsiella aerogenes* were used as probes. Only four clones, OsD1B16-11, OsD1B15-5, OsD1B18-18 and OsD2B15-2, that had the similarity with RIM2 protein, putative 6-phosphofructo-2-kinase/ fructose-2, 6-bisphosphate 2-phosphatase, hypothetical protein, and NAD(P) H-quinone oxidoreductase, respectively, could hybridize with total RNA extracted from rice seedlings. The salt-stress induction of these genes was detected after 48 hours of the salt treatment. Possibly, these genes were related to salt-tolerance of the plant.