

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: GRB_BSS_65_57_53_06

ชื่อโครงการ: การค้นหายีนที่ควบคุมโดยโปรตีนคัลมอดูลินในการตอบสนองต่อสภาวะความเครียดจากสิ่งแวดล้อมของข้าว *Oryza sativa* L.

ชื่อนักวิจัย: รองศาสตราจารย์ ดร. อีรพงษ์ บัวบูชา
 อาจารย์ ดร. ศุภอรจร ศิริกันทรมาศ
 ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. นุชนาถ วุฒิประดิษฐกุล
 ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

Email Address: Teerapong.B@Chula.ac.th

ระยะเวลาดำเนินการ: 1 ตุลาคม 2556 – 30 กันยายน 2557

การวิเคราะห์โปรตีโอมิกส์เชิงเปรียบเทียบของข้าว (*Oryza sativa* L.) ทรานส์เจนิคสายพันธุ์ข้าวดอกมะลิ 105 ที่มีการแสดงออกของยีน *OsCam1-1* เกินปกติซึ่งแสดงลักษณะทนเค็ม สามารถระบุโปรตีนที่แสดงออกแตกต่างกับข้าว wild-type จำนวน 77 ชนิด ผลการวิเคราะห์ระดับการแสดงออกทรานสคริปของยีน *LOC_Os02g11820* ที่สร้าง GTPase-activating protein ซึ่งเป็นหนึ่งในโปรตีนที่แสดงออกแตกต่างกันด้วยวิธี real-time RT-PCR พบว่าข้าวทรานส์เจนิคมีระดับทรานสคริปสูงกว่าข้าว wild-type การวิเคราะห์การแสดงออกร่วมชี้ให้เห็นว่ายีน *LOC_Os02g11820* มีการแสดงออกร่วมเชิงบวกกับยีนสร้างเอนไซม์ peroxidase หลายยีน และมีการแสดงออกร่วมเชิงลบกับยีนสร้างเอนไซม์ glutathione transferase หลายยีน ภายใต้ความเครียดจากความเค็ม (150 mM NaCl) พบว่าแอกติวิตีของ guaiacol peroxidase ในข้าวที่มีการแสดงออกของยีน *OsCam1-1* เกินปกติถูกกระตุ้นให้มีระดับสูงกว่าข้าว wild-type และข้าวทรานส์เจนิคควบคุม แต่ข้าวที่มีการแสดงออกของยีน *OsCam1-1* เกินปกติมีการชักนำแอกติวิตีของ glutathione transferase ที่ต่ำกว่าและช้ากว่า ผลการทดลองเหล่านี้แสดงให้เห็นว่าการแสดงออกเกินปกติของยีน *OsCam1-1* อาจส่งผลต่อระบบเอนไซม์ต้านออกซิเดชันของข้าวทรานส์เจนิคภายใต้ภาวะความเครียดจากความเค็ม

คำสำคัญ โปรตีโอมิกส์; คัลมอดูลิน; เพอร์ออกซิเดส; กลูตาไทโอนทรานสเฟอเรส; ความเครียดจากความเค็ม

Abstract

Project Code: GRB_BSS_65_57_53_06
Project Title: Identification of genes regulated by calmodulin protein in response to environmental stress of rice *Oryza sativa* L.
Investigator: Teerapong Buaboocha, Ph.D.
Supaart Sirikantaramas, Ph.D.
Nuchanat Wuttiapraditkul, Ph.D.
Department of Biochemistry, Faculty of Science
Chulalongkorn University
Email Address: Teerapong.B@Chula.ac.th
Project Period: 1 ตุลาคม 2555 – 30 กันยายน 2556

Comparative proteomic analysis of the salt tolerant transgenic rice *Oryza sativa* L. ‘KDML105’ overexpressing a calmodulin gene (*OsCam1-1*) identified 77 differentially expressed proteins compared to the wild-type. Real-time RT-PCR verified that the transcript expression level of *LOC_Os02g11820*, which encodes a GTPase-activating protein, one of the differentially expressed proteins, was expressed at a higher level in the transgenic rice. Co-expression analysis revealed that *LOC_Os02g11820* was positively coexpressed with several genes encoding peroxidases and negatively coexpressed with several genes encoding glutathione transferases. Under salt stress (150 mM NaCl), activity of guaiacol peroxidase in the *OsCam1-1* overexpressing rice was induced to higher levels when compared with those in the wild-type and the control transgenic rice. On the contrary, the *OsCam1-1* overexpressing rice exhibited lower and delayed induction of glutathione transferase activity. These results suggest that the *OsCam1-1* overexpression possibly affects the antioxidative enzymatic system of the transgenic rice grown under salt stress.

Key words: proteomics; calmodulin; peroxidase; glutathione transferase; salt stress