

ارزیابی علل بروز چند شاخگی در لاین مادری هیبرید آذرگل آفتابگردان (*Helianthus annus* L.)  
Assessment of branching phenomenon in the female parental inbred line of  
hybrid sunflower (*Helianthus annus* L.) cv. Azargol

سیده منیره سجادی<sup>۱</sup>، مسعود سلطانی نجف آبادی<sup>۲</sup> و بهرام ملکی زنجانی<sup>۳</sup>

چکیده

سجادی. س.م.، م. سلطانی نجف آبادی و ب. ملکی زنجانی. ۱۳۹۶. ارزیابی علل بروز چند شاخگی در لاین مادری هیبرید آذرگل آفتابگردان (*Helianthus annus* L.). مجله علوم زراعی ایران. ۱۹(۳): ۲۶۹-۲۵۵.

حفظ خلوص ژنتیکی والدین ارقام هیبرید، از ضرورت‌های تجاری سازی این ارقام است، معهداً تولید فنوتیپ‌های جدید، باعث ایجاد شبهه از بین رفتن خلوص ژنتیکی این والدین شده و تولید بذره‌های یکنواخت ارقام هیبرید را با چالش مواجه می‌سازد. بروز انواع چندشاخه در لاین مادری هیبرید آذرگل آفتابگردان از جمله این موارد چالش برانگیز محسوب می‌شود. این آزمایش در چند مرحله شامل ۱- مرحله ژنتیکی مشتمل بر انواع تلاقی‌ها بین بوته‌های تک‌شاخه، دوشاخه و سه‌شاخه (بوته‌های مشکوک) طی سال‌های ۱۳۹۲ تا ۱۳۹۴ در موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر انجام شده و نتایج حاصله با والد تک‌شاخه تلاقی برگشتی داده شدند، ۲- مرحله مولکولی که طی آن نشانگرهای مولکولی مربوط به چندشاخگی که قبلاً شناسایی شده بودند روی بوته‌هایی از والد مذکور و نیز ژنوتیپ‌های تک‌شاخه و چندشاخه واقعی آفتابگردان آزمون شدند و ۳- مرحله بیوانفورماتیک که طی آن وجود عناصر سیس مرتبط با پاسخ ژن به عوامل محیطی در پروموتور ژن‌های عامل چندشاخگی که در سایر گونه‌های گیاهی شناسایی شده بودند، مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج تجزیه و تحلیل ژنتیکی نشان داد که در تمام تلاقی‌ها، کلیه نتایج (۲۳۹ بوته) تک‌شاخه بودند. در ارزیابی مولکولی، الگوی نواربندی بوته‌های مشکوک با الگوی نواربندی لاین‌های تک‌شاخه واقعی کاملاً مشابه بود و هر دوی آنها متفاوت از الگوی نواربندی لاین‌های چندشاخه واقعی بودند. در بررسی‌های بیوانفورماتیک مشخص شد که پروموتور ژن‌های عامل شاخه دهی سایر گونه‌های گیاهی واجد حداقل یک عنصر سیس مرتبط با پاسخ به عوامل محیطی نظیر سرما و خشکی بودند. بر اساس نتایج مراحل مختلف این تحقیق، دلایل کافی جهت دخالت عوامل ژنتیکی در بروز پدیده چندشاخگی در لاین مورد بررسی بدست نیامد.

واژه‌های کلیدی: آفتابگردان، چندشاخگی، عناصر سیس و نشانگرهای مولکولی.

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۳/۱۰ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۰۷/۱۹ این مقاله مستخرج از طرح تحقیقاتی شماره ۹۱۲۰۰-۰۳-۰۳-۰۰ مصوب سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی می‌باشد.  
۱- دانشجوی سابق کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان  
۲- عضو هیات علمی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (مکاتبه کننده)  
(پست الکترونیک: m.soltanioil@yahoo.com)  
۳- استادیار دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان

## مقدمه

آفتابگردان زراعی (*Helianthus annuus* L.) پس از سویا (*Glycine max* L.)، کلزا (*Brassica campestris* and *B. napus* L.) و چهارمین گیاه زراعی یکساله (*Arachis hypogea* L.) در جهان است که بخاطر روغن خوراکی آن کشت می‌شود (FAO 2014). کشت آفتابگردان عمدتاً به دو صورت؛ کشت ارقام آزاد کرده افشان و کشت ارقام هیبرید صورت می‌گیرد. برای تولید موفقیت آمیز یک هیبرید و تداوم کشت آن، یکنواختی هیبرید در درجه اول اهمیت قرار دارد. خلوص ژنتیکی والدین از اصول اولیه و مهم تولید بذور هیبرید می‌باشد. این خلوص باید همواره توسط دارندگان هسته اولیه والدین هیبرید حفظ شود و از سوی نهادهای مسئول کنترل شود. در کشور ایران، موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال متصدی این کنترل می‌باشد.

ارقام آفتابگردان زراعی که به منظور استخراج روغن کشت می‌شوند، در طی تکامل و اهلی‌سازی از فرم وحشی چندشاخه و بوته‌ای به فرم تک‌شاخه تبدیل شده‌اند (Mandel et al., 2014). شاخه‌دهی در آفتابگردان وحشی اغلب توسط ژن‌های غالب کنترل می‌شود (Heiser 1954; Shull, 1908). در این خصوص یک تک ژن غالب (*Br*) توسط پوت (Putt, 1940) شناسایی شد. وی دو دهه بعد وجود یک آلل مغلوب *b1* در لوکوسی دیگر (غیر از *Br*) را گزارش نمود که کنترل کننده شاخه‌دهی فراوان در آفتابگردان است (Putt, 1964). آلل *b1* که مسئول شاخه‌دهی انتهایی است در تولید بذر هیبرید به طور گسترده‌ای به کار گرفته شده است (Fick and Miller 1997). کواچیک و اسکالود (Skaloud and Kovacik, 1990) وجود دو آلل *b1* و *b2* را در آفتابگردان مورد بررسی قرار دادند که در صورت هموزیگوس مغلوب بودن گیاهان شاخه‌دار را تولید نموده و بوجود آورنده نسبت تفکیک ۷:۹ (بدون شاخه: شاخه دهنده) بودند. این محققان وجود

یک کنترل مغلوب الیگوزنتیکی با تأثیر متقابل تکمیلی را پیشنهاد کردند. نتایج تحقیقات دیگری نیز نشان دادند که شاخه‌دهی ساقه توسط آلل‌های نهفته کنترل می‌شود. این آلل‌ها در یک لوکوس قرار دارند و این نشان دهنده وجود یک سری آلل‌های چندگانه است. به نظر می‌رسد که این آلل‌ها موتانت‌هایی از انواع وحشی‌شان هستند (Sanda et al., 1999). بورک و همکاران (Burke et al., 2002) عنوان کردند که اساس ژنتیکی کنترل شاخه‌دهی در آفتابگردان بر وجود چندین لوکوس کنترل کننده صفت کمی (QTL) با اثرات کوچک که در سراسر ژنوم گیاه توزیع شده است، قرار دارد. گزارش شده است که انواع شاخه‌دهی به وجود ژن‌های مختلف (*Br1-Br3*) و تعامل میان آنها بستگی دارد. آلل‌های نهفته (*b1-b3*) نیز می‌توانند شاخه‌دهی را کنترل کنند. این لوکوس‌ها اغلب وارد لاین‌های برگشت‌دهنده باروری می‌شوند تا این لاین‌ها واجد شاخه‌های فرعی فراوانی شوند (Terzic et al., 2006). تاکنون توالی ژنی و یا اطلاعات مولکولی در خصوص ژن‌های مسئول شاخه‌دهی در آفتابگردان گزارش نشده است. تنها گزارش موجود به استفاده از نشانگر TRAP توسط روجاس-باروس و همکاران (Rojas-Barros et al., 2008) مربوط می‌شود. این محققان با استفاده از هم‌ردیفی توالی ژن‌های عامل چندشاخگی در گیاهان گوناگون نظیر نخود فرنگی، توتون و ذرت، آغازگرهای ثابت طراحی نمودند و سپس در ترکیب با چندین آغازگر تصادفی، موفق به تمایز ژنوتیپ‌های چندشاخه از تک‌شاخه شدند.

تغییر اقلیم که پیامد نخست آن گرم شدن کره زمین است، بر بسیاری از فرایندهای رشد و نمو گیاهان تاثیر می‌گذارد (Franks and Hoffmann, 2012). این اثرات اغلب با اثرات اپی‌ژنتیکی ترکیب شده و باعث بروز تغییرات ناهمسان در ریخته‌های ارثی مشابه می‌شود (Liu, 2013). لاین‌های اینبرد بواسطه چندین نسل متمادی خویش‌آمیزی دچار پس‌روی ناشی از

هیبرید مربوطه به صورت تک شاخه (تک طبق) گزارش گردید. علاوه بر لاین یاد شده، سه نوع ماده ژنتیکی دیگر در این تحقیق مورد استفاده قرار گرفتند که عبارت بودند از: لاین اینبرد تک شاخه A-1221، لاین های اینبرد چندشاخه (RF154، R39 و R14)، و تک بوته های دو یا سه شاخه که در مزرعه تکثیر لاین A-19 مشاهده شدند و به شکل زیر نامگذاری شدند: #2 (سه شاخه)، #3 (دو شاخه)، #6 (دو شاخه)، #7 (دو شاخه)، #8 (سه شاخه)، #9 (سه شاخه)، #13 (بیش از سه شاخه) و #16 (دو شاخه) (جدول ۱). از آنجا که موضوع اصلی این تحقیق در خصوص بررسی علت چندشاخگی در بوته های اخیر بود، در پژوهش حاضر این بوته ها در مجموع "بوته های مشکوک" نامیده شدند.

این تحقیق در مزرعه تکثیر لاین A-19 موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در سال ۱۳۹۲ شروع شد. در این مزرعه خطوط نرعیق (A-line) و نگهدارنده (B-line) مربوط به لاین نرعیق به نسبت شش خط نرعیق و دو خط نگهدارنده کاشته شدند و تعدادی از بوته های مشکوک در خطوط نرعیق و نگهدارنده با پوشاندن طبق، نشانه گذاری شدند. بوته های دو شاخه و سه شاخه ای که در بین خطوط لاین نگهدارنده دیده شدند به عنوان والد پدری در تلاقی ها استفاده شدند (جدول ۱). بذر لاین های اینبرد تک شاخه A-1221 و لاین های اینبرد چندشاخه RF154، R39 و R14 (از مجموعه ژرم پلاسم آفتابگردان موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر) در پاییز ۱۳۹۲ در گلخانه کشت شده و از برگ آنها برای تجزیه های مولکولی استفاده شد.

نتایج حاصل از تلاقی ها در سال دوم (۱۳۹۳) در مزرعه موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر و نیز در گلخانه های موسسه یاد شده کشت شده و فنوتیپ آنها از نظر شاخه دهی ثبت گردید. با توجه به اینکه همه

خویش آمیزی شده (Fehr et al., 1987) و مستعد پاسخ به تغییرات محیطی ناشی از تغییر اقلیم و تغییرات اپی ژنتیکی می باشند.

نشانه گر مولکولی (TRAP Target Region Amplification Polymorphism) زمانی که اطلاعات توالی برای همه گونه ها در دسترس نمی باشد، نشانه گر مناسبی برای شناسایی حضور و یا عدم حضور توالی خاصی در بین گونه های مختلف است. در این شرایط، ترکیب یک جفت آغازگر ثابت و تصادفی مورد استفاده قرار می گیرد. آغازگر ثابت بر اساس نواحی حفاظت شده ژن مورد نظر بین چندین گونه طراحی می شود و آغازگر تصادفی صرفاً برای افزایش امکان اتصال به DNA الگو و بالا بردن احتمال تکثیر به همراه آغازگر ثابت به کار می رود. از این سیستم نشانه گری برای شناسایی ژن های آنالوگ مقاومت در ژرم پلاسم تربچه استفاده شده است (Cheng et al., 2013). بعلاوه برای متمایز کردن لاین چند شاخه از تک شاخه در آفتابگردان، سیستم نشانه گری TRAP کارآیی خوبی نشان داده است (Rojas-Barros et al., 2008).

در سال های اخیر وقوع پدیده چندشاخگی در لاین والد مادری هیبرید آذر گل به موضوع چالش برانگیز تولید بذر این هیبرید در کشور تبدیل شده است، به گونه ای که تایید مزارع تولید بذر این هیبرید توسط موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال کشور اغلب مقدور نبوده و به احتمال اختلاط ژنتیکی داده شده است. هدف این پژوهش، ارزیابی عوامل بروز چند شاخگی در این لاین آفتابگردان بوده است.

## مواد و روش ها

ماده ژنتیکی مورد استفاده در این پژوهش، لاین مادری هیبرید آذر گل آفتابگردان (*Helianthus annuus* L.) یعنی A-19 بود. این هیبرید در سال ۱۳۷۱ توسط موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر معرفی شده است. این لاین در زمان معرفی

جدول ۱- مشخصات مواد ژنتیکی آفتابگردان مورد ارزیابی و انواع تلاقی‌های انجام شده

Table1. Characterization of the sunflower genetic materials and the of crosses

والد پدری Paternal line	والد مادری Maternal line	ناتج نسل اول First generation (F <sub>1</sub> )	ناتج تلاقی F <sub>1</sub> با والد نگهدارنده تک شاخه Progeny of crossing F <sub>1</sub> with single head maintainer parent	اندازه جمعیت ناتج Population size of progenies
تک شاخه SH <sup>†</sup>	تک شاخه SH	تک شاخه SH	تک شاخه SH	18
تک شاخه SH	#3 (دو شاخه) (TH)	تک شاخه SH	تک شاخه SH	13
تک شاخه SH	#6 (دو شاخه) (TH)	تک شاخه SH	تک شاخه SH	14
دو شاخه §TH	#6 (دو شاخه) (TH)	تک شاخه SH	تک شاخه SH	16
دو شاخه TH	#16 (دو شاخه) (TH)	تک شاخه SH	تک شاخه SH	18
دو شاخه TH	تک شاخه SH	تک شاخه SH	تک شاخه SH	17
دو شاخه TH	تک شاخه SH	تک شاخه SH	تک شاخه SH	22
سه شاخه ThH <sup>£</sup>	تک شاخه SH	تک شاخه SH	تک شاخه SH	14
سه شاخه ThH	تک شاخه SH	تک شاخه SH	تک شاخه SH	21
سه شاخه ThH	#6 (دو شاخه) (TH)	تک شاخه SH	تک شاخه SH	31
سه شاخه ThH	#16 (دو شاخه) (TH)	تک شاخه SH	تک شاخه SH	18
سه شاخه ThH	#2 (سه شاخه) (ThH)	تک شاخه SH	تک شاخه SH	26
سه شاخه ThH	#8 (سه شاخه) (ThH)	تک شاخه SH	تک شاخه SH	11

\*: SH: Single head, §TH: Two heads, £ThH: Three heads

*RNaseI*، غلظت DNA به روش اسپکتروفتومتری با قرائت در طول موج‌های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر تعیین شد. کیفیت و سلامت DNA تیمار شده با *RNaseI* با بارگیری روی ژل آگارز یک درصد مورد ارزیابی قرار گرفت. (منظور از DNA، در واقع DNA تیمار شده با *RNaseI* می‌باشد). حذف RNA از محیط DNA، امکان غلظت سنجی دقیق برای تشکیل بالک‌های DNA را فراهم می‌سازد. مقدار ۳۰ نانوگرم از DNA هر یک از لاین‌های اینبرد تک‌شاخه A-1221 و A-19 با یکدیگر مخلوط شده و بالک تک‌شاخه تشکیل داده شد. مخلوط ۳۰ نانوگرم DNA هر یک از لاین‌های اینبرد چندشاخه (RF154 و R39) نیز تشکیل بالک چندشاخه‌ها را داد. تشکیل این بالک‌ها باعث کاهش تعداد واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) گردید. با توجه به اینکه اطلاعات مولکولی و توالی برای ژن‌های عامل چند شاخگی در آفتابگردان منتشر نشده است، برای انجام PCR از سیستم نشانگری TRAP مورد استفاده توسط روجاس - باروس و همکاران (Rojas-Barros et al., 2008) استفاده شد. آغازگرهای ثابت بر مبنای توالی ژن‌های عامل چندشاخگی

ناتج نرعیتم بودند، برای ادامه تلاقی‌ها و ایجاد نسل در حال تفرق، ناتج همه تلاقی‌ها به عنوان پایه مادری با لاین نگهدارنده تک‌شاخه به عنوان والد پدری تلاقی داده شدند و ناتج آن تلاقی‌ها در سال سوم (۱۳۹۴) در مزرعه موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کشت شده و فنوتیپ آن‌ها از نظر تعداد طبق ثبت گردید (جدول ۱).

آزمایش مزرعه‌ای در سال اول (۱۳۹۲)، سال دوم (۱۳۹۳) و سال سوم (۱۳۹۴) با فاصله روی ردیف کاشت ۲۵ و بین ردیف ۶۰ سانتی‌متر انجام شد. آبیاری با دور ۱۰ روز یک بار و به صورت نشتی انجام گرفت. در کشت گلخانه‌ای شرایط دمایی روز ۳۲ و شب ۲۵ درجه سانتی‌گراد بود. برای استخراج DNA ژنومی، جوان‌ترین برگ بوته‌ها برداشت شده و سریعاً به فریزر -۷۰ درجه سانتی‌گراد انتقال داده شد.

استخراج DNA ژنومی به روش لی و همکاران (Li et al., 2007) و بر پایه روش CTAB انجام گرفت. برای حذف RNA موجود در نمونه‌ها، از تیمار با *RNaseI* (ساخت شرکت Thermo Fisher Scientific) مطابق دستورالعمل شرکت سازنده استفاده شد. بعد از تیمار با

در برنج، باقلا، نخود و آراییدوپسیس طراحی شده‌اند (Rojas-Barros *et al.*, 2008). مشخصات آغازگرهای مورد استفاده (ثابت و تصادفی) در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای مورد استفاده در آزمایش (Rojas-Barros *et al.*, 2008)

Table 2. Characteristics for primers used in this experiment (Rojas-Barros *et al.*, 2008)

نام آغازگر Primer name	توالی آغازگر (5'---3') Primer sequence (5'---3')	نوع آغازگر Primer type	توصیف Description
MOC1R3	CTAACTAGAGATCGAGTAGC	ثابت Fixed	بر اساس ژن <i>MOC1</i> از برنج According to <i>MOC1</i> in rice
Ga5	GGAACCAAACACATGAAGA	تصادفی Arbitrary	-
CTG5177L	TGGCACTTTCCTAACAAAGAG	ثابت Fixed	مشابه ژن‌های شاخه‌دهی <i>MAX3</i> , <i>MAX4</i> , <i>RMS1</i> Similar to branching genes <i>MAX3</i> , <i>MAX4</i> , <i>RMS1</i>
Odd26	CTATCTCTCGGGACCAAAC	تصادفی Arbitrary	-

آگارز ۱/۵ درصد بارگیری و از یکدیگر تفکیک شدند. پس از آن ژل در محلول معرف safestain رنگ آمیزی و DNA زیر نور ماوراء بنفش آشکار سازی شد.

با توجه به اینکه اطلاعات مولکولی و توالی ژن‌های عامل چند شاخگی در آفتابگردان منتشر نشده بود، از اطلاعات گونه آراییدوپسیس به عنوان گیاه مدل استفاده شد. با استفاده از واژه کلیدی "Branching genes" در بانک اطلاعاتی NCBI، ژن‌های عامل شاخه‌دهی آراییدوپسیس و ID مربوط به هر ژن استخراج شد (جدول ۳) و توالی پرموتری آن‌ها (۳۰۰۰ جفت باز بالادست ژن) از سایت <http://www.arabidopsis.org> (TAIR) استخراج شد. آنگاه عناصر سیس شناخته شده در توالی پرموتری مذکور با استفاده از پایگاه اینترنتی PLACE (<http://www.dna.affrc.go.jp/PLACE/>) استخراج شدند.

### نتایج و بحث

نتاج  $F_1$  حاصل از کلیه تلاقی‌ها در گلخانه و مزرعه دارای یک طبق بودند (جدول ۱). نتاج حاصل

ترکیب‌های آغازگری CTG5177L/Odd26، MOC1R3/Ga5 و CTG5177L/Odd26 بررسی‌های مولکولی مورد استفاده قرار گرفت. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با استفاده از دستگاه بایوراد در حجم نهایی ۱۵ میکرولیتر شامل اجزای زیر بود: ۱۰-۲۰ نانوگرم DNA (مربوط به یک نمونه و یا از بالک DNA)، ۱/۵ میکرولیتر از بافر 10X PCR، یک میکرولیتر از محلول ۲۵ میلی مولار  $MgCl_2$ ، یک میکرولیتر مخلوط پنج میلی مولار dNTPs، ۰/۳ پیکومول از هر آغازگر در مخلوط آغازگر تصادفی و ثابت و ۱/۵ واحد *Taq DNA polymerase* (سینا کلون). نیمرخ حرارتی واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز عبارت بود از؛ واسرشته سازی اولیه DNA در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت سه دقیقه، و سپس پنج چرخه دمای ۹۴ سانتی‌گراد برای ۳۰ ثانیه، ۳۷ سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه و ۷۲ سانتی‌گراد به مدت ۴۰ ثانیه، آنگاه ۳۳ چرخه دمای ۹۴ سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، ۵۵ درجه به مدت ۴۵ ثانیه و ۷۲ سانتی‌گراد به مدت ۴۰ ثانیه و سرانجام ۷۲ سانتی‌گراد به مدت پنج دقیقه. پس از انجام واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز، محصولات PCR روی ژل

جدول ۳- اسامی ژن‌های مورد مطالعه و ID آن‌ها (پایگاه اطلاعات NCBI)

Table 3. Name of genes and their IDs in the experiment (NCBI)

نام ژن	نام اختصاری	ID ژن	ویژگی
<i>AUXIN RESISTANT 1</i>	<i>AXR1</i>	<i>At1g05180</i>	پروتئین وابسته به E1 E1 associated protein
<i>LEAFY</i>	<i>LAS</i>	<i>At1g55580</i>	فاکتور رونویسی GRAS GRAS transcription factor
<i>LATERAL SUPPRESSOR</i>	<i>LFY</i>	<i>At5g61850</i>	فاکتور رونویسی Transcription factor
<i>MORE AXILLARY GROWTH 1</i>	<i>MAX1</i>	<i>At2g26170</i>	سیتوکروم P450 (CYP711A) Cytochrome P450 (CYP711A)
<i>MORE AXILLARY GROWTH 2</i>	<i>MAX2</i>	<i>At2g42620</i>	پروتئین F-box F-box protein
<i>MORE AXILLARY GROWTH 3</i>	<i>MAX3</i>	<i>At2g44990</i>	دی‌اکسیژناز شکاف‌دهنده کاروتنوئید ۷ (CCD7) Carotenoid cleavage dioxygenase 7 (CCD7)
<i>MORE AXILLARY GROWTH 4</i>	<i>MAX4</i>	<i>At4g32810</i>	دی‌اکسیژناز شکاف‌دهنده کاروتنوئید ۸ (CCD8) Carotenoid cleavage dioxygenase 8 (CCD8)
<i>PINFORMED 1</i>	<i>PIN1</i>	<i>At1g73590</i>	پروتئین حامل جریان اکسین Auxin efflux carrier family
<i>REGULATOR OF AXILLARYMERISTEMS 1</i>	<i>RAX1</i>	<i>At5g23000</i>	فاکتور رونویسی Myb37 Myb37 transcription factor
<i>REGULATOR OF AXILLARY MERISTEMS 2</i>	<i>RAX2</i>	<i>At2g36890</i>	فاکتور رونویسی Myb38 Myb38 transcription factor
<i>REGULATOR OF AXILLARY MERISTEMS 3</i>	<i>RAX3</i>	<i>At3g49690</i>	فاکتور رونویسی Myb84 Myb84 transcription factor
<i>REVOLUTA</i>	<i>REV</i>	<i>At5g60690</i>	پروتئین زیپ‌دار لیوسین Homeodomain Leucine Homeobox -leucine zipper protein
<i>SUPERSHOOT 1</i>	<i>SPS1</i>	<i>At1g16410</i>	سیتوکروم p450 (CYP79F1) Cytochrome p450 (CYP79F1)
<i>SHOOT MERISTEMLESS</i>	<i>STM</i>	<i>At1g62360</i>	پروتئین Homeodomain Knotted-like homeodomain protein
<i>TERMINAL FLOWER 1</i>	<i>TFL1</i>	<i>At5g03840</i>	پروتئین تعیین‌کننده گل انتهایی Terminal flower 1 protein
<i>TRANSPORT INHIBITOR RESPONSE</i>	<i>TIR1</i>	<i>At3g62980</i>	پروتئین F-box F-box protein

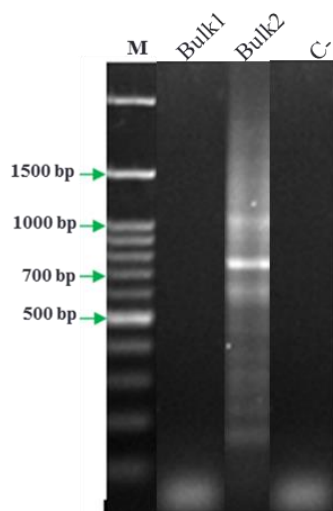
داده شدند (جدول ۱).

الگوی نواربندی حاصل از ترکیب آغازگری MOC1R3/Ga5 مورد استفاده توسط روجاس-باروس و همکاران (Rojas-Barros *et al.*, 2008) بین دو بالک در شکل ۱ نشان داده شده است. با استفاده از این جفت آغازگر، نوارهایی با وزن مولکولی حدود ۷۵۰ جفت باز و ۶۵۰ جفت باز در بالک چند شاخه‌ها دیده شد، در حالی که بالک تک شاخه‌ها قادر به تکثیر هیچ قطعه‌ای توسط این جفت آغازگر نبود.

استفاده از جفت آغازگر CTG5177L/Odd26 نیز منجر به مشاهده تکثیر چند نوار در بالک تک‌شاخه

از این تلاقی‌ها با لاین نگهدارنده تک شاخه نیز در جدول ۱ ارائه شده است. نتایج نشان داد که تمامی افراد نسل تلاقی برگشتی از کلیه تلاقی‌ها واجد یک طبق انتهایی بودند. تلاقی انواع بوته‌های تک و چند شاخه از لاین نگه‌دارنده B-19 با بوته‌های تک و چندشاخه از لاین نرعیتم A-19 منجر به ایجاد بوته‌های تک شاخه در سال بعد گردید. از آنجا که در تمامی لاین‌های مورد آزمون، ژن برگشت‌دهنده باروری وجود نداشت، تمامی نتایج نسل اول این تلاقی‌ها عقیم بودند، بنابراین برای امکان تداوم تلاقی‌ها، نتایج نسل اول همگی به عنوان پایه مادری با لاین نگهدارنده تک‌شاخه، به عنوان پایه پدری تلاقی

" ارزیابی علل بروز چند شاخگی در لاین مادری... "

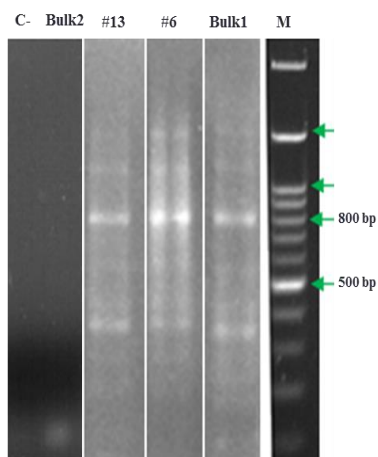


شکل ۱- الگوی نواربندی بین دو بالک تک شاخه (Bulk1) و چندشاخه (Bulk2) با استفاده از جفت آغازگر MOC1R3/Ga5 کنترل منفی و M نشانگر وزن مولکولی 1Kb است

Fig 1. Banding pattern between two bulks single head (Bulk1) and multi heads (Bulk2) created using primer pairs MOC1R3/Ga5. C: stands for negative control. M: 1Kb molecular size marker

مشابه با الگوی نوار بندی بالک تک شاخه‌ها بود (شکل ۲).

و عدم تکثیر در بالک چندشاخه‌ها گردید. درحالی که الگوی نوار بندی دو تک بوته مشکوک

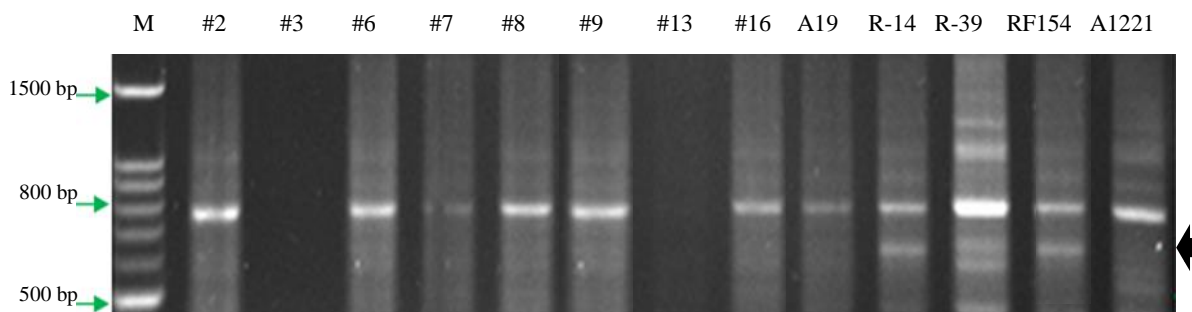


شکل ۲- الگوی نواربندی حاصل از PCR با استفاده از جفت آغازگر CTG5177L/Odd26 در بالک چند شاخه‌ها (Bulk2)، بالک تک شاخه‌ها (Bulk1) و دو تک بوته مشکوک #13 و #6. C-: کنترل منفی، M: نشانگر وزن مولکولی 1Kb

Fig 2. Banding patterns derived by PCR using primer pairs CTG5177L/Odd26 in multi heads (Bulk 2), single heads (Bulk1), and two suspicious plants #13 and #6. C-: negative control. M: 1Kb molecular size marker

و دو لاین تک شاخه با استفاده از جفت آغازگر MOC1R3/Ga5 مورد بررسی قرار گرفتند (شکل ۳).

پس از مشاهده الگوی نواری بندی بین بالک‌های تک شاخه و چند شاخه، الگوی نواری بندی بین تک بوته‌های مشکوک (۸ مورد)، سه لاین چند شاخه



شکل ۳- الگوی نواری بندی حاصل از PCR با استفاده از جفت آغازگر MOC1R3/Ga5 بین تک بوته‌های مشکوک (با # نشان داده شده اند، رجوع به جدول ۱)، سه لاین چند شاخه واقعی (R-14، R-39 و RF154) و دو لاین تک شاخه واقعی (A19 و A1221). نوار متمایز کننده لاین‌های تک شاخه از چند شاخه، با علامت پیکان در سمت راست ژل مشخص شده است

M: نشانگر وزن مولکولی 1Kb

Fig 3. Banding pattern derived by PCR using primer pairs MOC1R3/Ga5 between suspicious plants (indicated by #, Table 1), three real multi head lines (RF154, R-39, and R-14) and two real single head lines (A1221 and A19).

Band differentiating single head from multi head lines is indicated by arrow at the right side of the gel

M: 1Kb molecular size marker

در فرایندهای نموی (که شاخه‌دهی از آن جمله محسوب می‌شود) و یا پاسخ به عوامل محیطی بودند، مورد توجه قرار گرفتند که شامل DRE1COREZMRAB17، ABREATCONSENSUS، MYB2AT) MYB1AT، LTRECOREATCOR15 و MYBATRD22، MYB2CONSENSUSAT (MYBCORE) و SREATMSD بودند. فهرست این عناصر به همراه تعداد آنها در پروموتور ژن‌های دخیل در شاخه‌دهی آراییدوپسیس در جدول ۴ ارائه شده است. چند شاخگی پدیده‌ای است که تحت کنترل عوامل ژنتیکی و محیطی متعددی قرار دارد (Leyser 2009, Malamy 2005, Nakamura *et al.*, 2006, Terzić *et al.*, 2003, Takeda *et al.*, 2013). شناسایی سازوکارهای مولکولی دخیل در فرایند

بر اساس شکل ۳، نواری با اندازه حدود ۶۵۰ جفت باز در سه لاین چند شاخه وجود داشت، در حالی که این نوار در لاین‌های تک‌شاخه و تک بوته‌های مشکوک وجود نداشت.

حضور و فراوانی عناصر سیس در توالی پروموتور ژن‌های عامل چند شاخگی مورد بررسی قرار گرفتند، لیکن با توجه به اینکه اطلاعات ژنی و ژنومیک آفتابگردان هنوز کامل نشده است، در این آزمایش از اطلاعات گیاه مدل آراییدوپسیس استفاده شد. تعداد هر یک از عناصر سیس در پروموتور ژن‌های دخیل در شاخه‌دهی در آراییدوپسیس در جدول ۴ ارائه شده است. در پروموتور ژن‌ها، تعداد زیادی عنصر سیس وجود دارد، لیکن در این آزمایش صرفاً عناصری که محل اتصال عوامل رونویسی دخیل



"ارزیابی علل بروز چند شاخگی در لاین مادری..."

جدول ۴- انواع عناصر سیس واکنش دهنده به شرایط محیطی و دخیل در فرایندهای نموی و تعداد آنها در نواحی پروموتری ژنهای مسئول شاخه‌دهی در گیاه آرابیدوپسیس  
Table 5. Cis-elements responsive to environmental condition and involved in developmental stages and their respected number promoters of branching genes in

Arabidopsis									
Genes	Cis elements عناصر سیس								
	ABRE	DRE	LTRE	SRE	MYB1AT	MYB2AT	MYB2CONSENSUSAT	MYBATRD22	MYBCORE
<i>AXR1</i>	-	2	4	2	8	1	4	-	11
<i>LAS</i>	1	2	2	2	4	-	-	1	3
<i>LFY</i>	3	-	3	2	2	3	5	1	9
<i>MAX1</i>	1	-	1	1	6	1	4	-	-
<i>MAX2</i>	1	2	2	2	7	1	1	1	3
<i>MAX3</i>	1	5	4	3	3	1	4	1	-
<i>MAX4</i>	-	-	2	2	6	-	2	-	-
<i>PIN1</i>	-	2	2	2	9	-	5	2	10
<i>RAX1</i>	-	-	2	2	4	1	2	-	-
<i>RAX2</i>	-	-	-	-	8	1	4	-	10
<i>RAX3</i>	1	-	-	-	7	-	2	-	4
<i>REV</i>	-	3	3	1	3	1	2	-	5
<i>SPS1</i>	-	2	8	6	7	2	3	1	6
<i>STM</i>	-	-	3	5	7	3	4	1	7
<i>TFL1</i>	-	5	12	-	13	-	-	-	11
<i>TIR1</i>	2	1	3	2	4	-	1	-	7

آزمون قرار گرفتند. از این بین فقط دو جفت آغازگر قادر به تمایز بین این دو بالک بودند، بنابراین این آغازگرها قابلیت تمایز کردن لاین‌های چندشاخه واقعی از لاین‌های تک شاخه را دارا می‌باشند. در یکی از این آغازگرها، تک بوته‌های مشکوک و لاین‌های تک شاخه در یک گروه قرار گرفتند، در حالی که لاین‌های چند شاخه الگوی منحصر به فرد داشتند. با توجه به اینکه با استفاده از نشانگرهای معرفی شده توسط این محققان، شباهتی در الگوی نواربندی بین تک بوته‌های مشکوک و لاین‌های چندشاخه واقعی مشاهده نشد و الگوی نواربندی بین لاین‌های تک شاخه واقعی و تک بوته‌های مشکوک مشابه بود، به نظر می‌رسد که بروز چند شاخگی در لاین A-19 احتمالاً ناشی از عدم وجود کنترل ژنتیکی بوده باشد.

ارزیابی‌های ژنتیکی و مقایسه الگوی نواربندی در لوکوس‌های مرتبط با چند شاخگی بین لاین‌های چندشاخه واقعی، لاین‌های تک شاخه واقعی و نیز تک بوته‌های مشکوک، احتمالاً ناشی از عدم دخالت عوامل ژنی در ظهور پدیده چند شاخگی در لاین A-19 است. با این حال، برای بررسی بیشتر علل این پدیده و با توجه به حفاظت شدگی زیاد سازوکارهای موثر در شاخه‌دهی گونه‌های مختلف (Leyser 2009، Yaish *et al.*, 2010)، تجزیه پروموتور ژن‌های شناسایی شده موثر در شاخه دهی از نظر وجود عناصر سیس کنترل کننده پاسخ گیاهان به عوامل نموی و تنش‌های غیر زنده در گیاه مدل آرآیدوپسیس انجام گرفت. بعنوان مثال ABRE عنصر پاسخ به اسید آبسسیک (ABA) است که دخالت آن در مسیرهای انتقال پیام تنش‌های غیرزیستی به اثبات رسیده است (Yamaguchi-Shinozaki and Shinozaki 2005). عنصر DRE توالی از پروموتور است که نقش اساسی در پاسخ ژن‌ها به شرایط تنش اسمزی، کم آبی و نیز دماهای پایین ایفا می‌کند (Nakashima *et al.*, 2009). عنصر LTR پاسخ دهی گیاه به دمای پایین را کنترل

شاخه‌دهی در بسیاری از گیاهان مورد مطالعه قرار گرفته است، با این حال در خصوص گیاه آفتابگردان هنوز سازوکار و ژن‌های موثر در شاخه‌دهی شناسایی نشده است. به همین دلیل بررسی وقوع پدیده چند شاخگی در لاین اینبرد A-19 که والد مادری هیبرید داخلی آذرگل است، نیازمند بررسی‌های ژنتیکی، مولکولی و بیوانفورماتیکی بود. تلاقی بین افراد با فنوتیپ متفاوت و ردیابی فنوتیپ مورد نظر در نسل‌های در حال تفرق ( $F_2$  یا BC) با در نظر گرفتن نسبت‌های فنوتیپی، از دیر باز به عنوان یک روشی کارآمد برای استنتاج ماهیت و روابط ژنی دخیل در بروز پدیده‌ها مطرح بوده است (Hockett and Knowles 1970). با توجه به ضعیف بودن لاین‌های اینبرد که پیامد چندین نسل خویش‌آمیزی هستند، تعداد نتاج حاصل از تلاقی بین بوته‌های یک لاین اینبرد اغلب کم است (جدول ۱)، با این حال مشاهده فنوتیپ صددرصد تک‌شاخه بین نتاج همه تلاقی‌ها می‌تواند گواهی بر عدم دخالت عوامل ژنتیکی هسته‌ای در بروز پدیده چند شاخگی در لاین مورد آزمایش باشد (جدول ۱). همچنین مشاهده نتایج یکسان در نتاج تلاقی‌های برگشتی (جدول ۱)، نشان دهنده عدم دخالت عوامل خارج هسته‌ای در بروز این پدیده است.

هرچند اطلاعات مولکولی در خصوص ژن‌های عامل شاخه‌دهی در آفتابگردان اخیراً منتشر شده است (Baute *et al.*, 2015, Mandel *et al.*, 2014, ) (Nambesan *et al.*, 2015)، اما ردیابی مولکولی ژن‌های عامل چند شاخگی در آفتابگردان از چند سال پیش آغاز شده و برای تعدادی از آن‌ها نشانگرهای مولکولی طراحی شده است (Rojas-Barros *et al.*, 2008). در این پژوهش نخست جفت آغازگرهایی که توسط Rojas -Barros و همکاران برای تمایز بین لاین تک‌شاخه و چندشاخه مورد استفاده قرار گرفته بودند، بین دو بالک DNA (یکی متشکل از لاین‌های چندشاخه و دیگری از لاین‌های تک‌شاخه) مورد

بذر، مکاتبات شخصی).

ارزیابی‌های ژنتیکی با حضور تک بوته‌های تک‌شاخه و تک بوته‌های مشکوک، دوشاخه، و سه‌شاخه (شاخه دهی از بالای گیاه) و ارزیابی بر اساس نشانگرهای مولکولی، دلالت بر عدم وابستگی احتمالی فتوتیپ شاخه‌دار شدن لاین A-19 آفتابگردان به عوامل ژنتیکی، حداقل در بین مواد ژنتیکی آزمون شده در این آزمایش، دارد. از طرفی مشاهدات *in silico* روی ناحیه پروموتری ژن‌های عامل شاخه‌دهی در سایر گیاهان و نیز در نظر گرفتن این حقیقت که سازوکار مولکولی چندشاخگی در بین گیاهان مختلف تا حد زیادی حفظ شده است، احتمال ایفای نقش عناصر سیس پاسخ دهنده به شرایط محیطی نظیر خشکی و سرما در ژن‌های مسئول چندشاخگی در آفتابگردان را مطرح می‌نماید. نتایج تحقیقات منتشر نشده محققان اصلاح آفتابگردان (فرخی و خدابنده، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مکاتبات شخصی) نیز نشان دهنده تاثیر عواملی نظیر دماهای پایین در چند شاخه شدن بوته‌های آفتابگردان دارد. در پژوهش حاضر دلیل کافی برای وجود اثرات ژنی برای بروز پدیده چندشاخگی از بالای بوته‌های لاین A-19 آفتابگردان بدست نیامد و برعکس، نتایج تحقیقات *in silico* بر اهمیت اثر عوامل محیطی نظیر دماهای پایین و خشکی بر بروز این پدیده دلالت دارند.

این تحقیق در نوع خود از اولین پژوهش‌های مربوط به شناسایی علل پدیده چندشاخگی در یک لاین اینبرد در آفتابگردان است و هرچند شواهد مولکولی ارائه شده باید با روش‌های تکمیلی مانند ابزارهای ترانسکریپتومیکس و پروتئومیکس آزمون شوند، دلایل ژنتیکی ارائه شده از استحکام خوبی برخوردار است و می‌تواند به عنوان معیاری برای بهره‌برداری در تایید مزارع تولید بذر والد مادری هیبرید آفتابگردان آذرگل توسط موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال استفاده شده

می‌کند (Dang *et al.*, 2011, Yamaguchi-Shinozaki and Shinozaki 2005) و SRE یک عنصر پاسخ دهنده به قند است که در پروموتری ژن‌هایی دیده شده که بعد از قطع ساقه اصلی در آراییدوپسیس، دچار کاهش بیان می‌شوند (Tatematsu *et al.*, 2005). MYB2AT عنصری است که محل اتصال عامل رونویسی ATMYB2 است و در گیاه آراییدوپسیس در تنظیم ژن‌های پاسخ دهنده به تنش خشکی دخالت دارد و از طرفی در تنظیم پیری، با سازوکار غالبیت انتهایی، از طویل شدن جوانه‌های جانبی جلوگیری می‌کند (Harb, 2010). MYB1AT، MYBATRD22 و MYB2CONSENSUS هر سه عنصر جایگاه تشخیص و اتصال MYB هستند که در پروموتورهای ژن rd22 و بسیاری دیگر از ژن‌های پاسخ به تنش خشکی و کم آبی در آراییدوپسیس یافت می‌شوند و دخالت آنها در مسیره‌های انتقال پیام پاسخ گیاهان به تنش‌های غیرزیستی اثبات شده است (Akagi *et al.*, 2009). تعداد این عناصر در پروموتری یک ژن مورد نظر نشان می‌دهد که چندین محل احتمالی اتصال برای فاکتورهای رونویسی متعددی که بیان آنها تحت شرایط محیطی متفاوت القا شده است، وجود دارد. برای مثال، حضور ۱۳ عنصر MYB1AT و ۱۱ عنصر MYBCORE در پروموتری ژن *TFL1* که خود یک پروتئین فاکتور رونویسی را رمز می‌کند، نشان دهنده محل اتصال بسیاری از فاکتورهای رونویسی است که هر کدام تحت شرایط متفاوتی ممکن است به این قسمت از پروموتری متصل شوند و فتوتیپ متفاوتی را برای ژن ایجاد کنند. همچنین، حضور ۱۲ عنصر LTRE در ناحیه پروموتری همین ژن، نشان می‌دهد که بیان این ژن احتمالاً تحت شرایط دمایی پایین قرار می‌گیرد که با مشاهدات افزایش بروز شاخه دهی در ارقام مختلف آفتابگردانی که دیر هنگام کشت شده بوده و در مرحله گلدهی با سرمای پاییز مصادف شده بودند، مطابقت دارد (فرخی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و

و وقوع این پدیده، اختلاط و یا ناخالصی ژنتیکی بخشی از این تحقیق در پژوهشکده ژنتیک و زیست  
تلقی نشود. فن آوری طبرستان، ساری، انجام گرفت که بدینوسیله  
تشکر و قدردانی می شود.

### تشکر و قدردانی

### References

### منابع مورد استفاده

- Akagi, T., A. Ikegami, T. Tsujimoto, S. Kobayashi, A. Sato, A. Kono and K. Yonemori. 2009.** DkMyb4 is a Myb transcription factor involved in panthocyanidin biosynthesis in psimmon fruit. *Plant Physiol.* 151: 2028–2045.
- Baute, G. J., N. C. Kane, C. J. Grassa, Z. Lai and L. H. Rieseberg. 2015.** Genome scans reveal candidate domestication and improvement genes in cultivated sunflower, as well as post-domestication introgression with wild relatives. *New Phytol.* 206: 830–838.
- Burke, J. M., S. Tang, S. J. Knapp and L. H. Rieseberg. 2002.** Genetic analysis of sunflower domestication. *Genetics*, 161: 1257-1267.
- Cheng, D., F. Zhang, L. Liu, L. Xu, Y. Chen, W. Wang, C. Limera, R. Yu and Y. Gong. 2013.** TRAP markers generated with resistant gene analog sequences and their application to genetic diversity analysis of radish germplasm. *Scientia Hort.* 161: 153-159.
- Dang, H. Q., N. Q. Tran, R. Tuteja and N. Tuteja. 2011.** Promoter of a salinity and cold stress-induced MCM6 DNA helicase from pea. *Plant Signal Behav.* 6: 1006–1008.
- FAO. 2014.** FAO Year Book Statistics.
- Fehr, W. R., E. L. Fehr and H. J. Jessen. 1987.** Principles of Cultivar Development: Theory and Technique: Macmillan.
- Fick, G. N. and J. F. Miller. 1997.** Sunflower breeding. In *Sunflower Technology and Production* in: Schneiter, A. A. (Ed.) Madison, Wisconsin, USA, CSSA, and SSSA.
- Franks, S. J. and A. A. Hoffmann. 2012.** Genetics of climate change adaptation. *Annu. Rev. Genet.* 46: 185-208.
- Harb, A. M. 2010.** Dissection of drought responses in Arabidopsis. *In: Virginia Polytechnic Institute.* Virginia: Virginia Polytechnic Institute and State University.
- Heiser, C. B. 1954.** Variation and subspeciation in the common sunflower, *Helianthus annuus*. *Am. Midland Nat.* 51: 287-305.
- Hockett, E. A. and P. F. Knowles. 1970.** Inheritance of branching in sunflowers, *Helianthus annuus* L. *Crop Sci.* 10: 432-436.
- Kovacik, A. and V. Skaloud. 1990.** Results of inheritance evaluation of agronomically important traits in sunflower. *Helia*, 13: 41-46.

- Leyser, O. 2009.** The control of shoot branching: an example of plant information processing. *Plant Cell Environ.* 32: 694-703.
- Li, J. T., J. Yang, D. C. Chen, X. L. Zhang and Z. S. Tang. 2007.** An optimized mini-preparation method to obtain high-quality genomic DNA from mature leaves of sunflower. *Genet. Mol. Res.* 6: 1064-1071.
- Liu, Q. A. 2013.** The impact of climate change on plant epigenomes. *Trend. Genet.* 29: 503-505.
- Malamy, J. E. 2005.** Intrinsic and environmental response pathways that regulate root system architecture. *Plant Cell Environ.* 28: 67-77.
- Mandel, J. R., E. V. McAssey, S. Nambeesan, E. Garcia-Navarro and J. M. Burke. 2014.** Molecular evolution of candidate genes for crop-related traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *PLoS ONE*, 9: e99620.
- Nakamura, H., Y. L. Xue, T. Miyakawa, F. Hou, H. M. Qin, K. Fukui, X. Shi, E. Ito, S. Ito, S. H. Park, Y. Miyauchi, A. Asano, N. Totsuka, T. Ueda, M. Tanokura and T. Asami. 2013.** Molecular mechanism of strigolactone perception by *DWARF14*. *Nat. Commun.* 4: 2613.
- Nakashima, K., Y. Ito and K. Yamaguchi-Shinozaki. 2009.** Transcriptional regulatory networks in response to abiotic stresses in *Arabidopsis* and grasses. *Plant Physiol.* 149: 88-95.
- Nambeesan, S. U., J. R. Mandel, J. E. Bowers, L. F. Marek, D. Ebert, J. Corbi, L. H. Rieseberg, S. J. Knapp and J. M. Burke. 2015.** Association mapping in sunflower (*Helianthus annuus* L.) reveals independent control of apical vs. basal branching. *BMC Plant Biol.* 15: 84.
- Putt, E. D. 1940.** Observation on morphological characters and flowering process in the sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Sci. Agr.* 21: 167-179.
- Putt, E. D. 1964.** Recessive branching in sunflowers. *Crop Sci.* 4: 444-445.
- Rojas-Barros, P., J. Hu and C. C. Jan. 2008.** Molecular mapping of an apical branching gene of cultivated sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Theor. Appl. Genet.* 117: 19-28.
- Terzic, S., M. Zoric and F. Miladinovic. 2006.** Phenotype variability and inheritance of plant height and branching in F1 generation of sunflower. *Helia*, 44: 87-94.
- Sanda, I., A. V. Vranceanu and M. Pacureanu-Joila. 1999.** Analysis of the genetic control of branching types in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Roman. Agric. Res.* 11-12: 17-19.
- Shull, G. H. 1908.** Some new cases of Mendelian inheritance. *Bot. Gaz.* 45: 103-116.
- Takeda, T., Y. Suwa, M. Suzuki, H. Kitano, M. Ueguchi-Tanaka, M. Ashikari, M. Matsuoka and C. Ueguchi. 2003.** The *OsTBI* gene negatively regulates lateral branching in rice. *Plant J.* 33: 513-520.
- Tatematsu, K., S. Ward, O. Leyser, Y. Kamiya and E. Nambara. 2005.** Identification of cis-elements that regulate gene expression during Initiation of axillary bud outgrowth in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* 138: 57-766.
- Terzić, S., M. Zorić and F. Miladinović. 2006.** Phenotype variability and inheritance of plant height and branching in F1 generation of sunflower. *Helia*, 29: 87-94.

- Yaish, M. W., D. R. Guevara, A. El-kereamy and S. J. Rothstein. 2010.** Axillary shoot branching in plants. *In: E. C. Pua and M. R. Davey (Eds.). Plant Developmental Biology - Biotechnological Perspectives, Vol 1.* pp.37-52. Springer.
- Yamaguchi-Shinozaki, K. and K. Shinozaki. 2005.** Organization of cis-acting regulatory elements in osmotic- and cold-stress-responsive promoters. *Trends Plant Sci.* 10: 88-94.

## Assessment of branching phenomenon in the female parental inbred line of hybrid sunflower (*Helianthus annuus* L.) cv. Azargol

Sajadi, S. M.<sup>1</sup>, M. Soltani Najafabadi<sup>2</sup> and B. Maleki Zanjani<sup>3</sup>

### ABSTRACT

Sajadi, S. M. M. Soltani Najafabadi and B. Maleki Zanjani. 2017. Assessment of branching phenomenon in the female parental inbred line of hybrid sunflower (*Helianthus annuus* L.) cv. Azargol. *Iranian Journal of Crop Sciences*. 19(3): 255-269. (In Persian).

Maintenance of genetic purity of parents of hybrid is important in hybrid development and commercialization. Branching phenotype in maternal line of Azargol, an Iranian sunflower hybrid, is a challenging. This experiment was carried out to understand the basis of this phenomenon, and included three phases. Genetic phase, all possible crosses between plants possessing one, two, and/or three heads (suspicious plants) were made during 2013 to 2015 in Seed and Plant Improvement Institute, Iran and their progenies were backcrossed to single-headed parent. Molecular phase, previously published branching-linked molecular markers were evaluated on individuals from the parents, original single-headed, and original multi head genotypes. Bioinformatics phase, presence of environmentally responsive *cis*-regulatory elements in the promoters of branching genes characterized in other plant species were investigated. Genetic analysis indicated that progenies of all crosses (239 individuals) appeared to be single-headed plants. Similar banding pattern was observed among suspicious plants and original single-headed lines, but differed from original multi head genotypes. At least one *cis*-regulatory elements responding to cold and drought stress were found in the promoters of branching genes in other plant species. Results of the three phases of this experiment revealed insufficient evidence to attribute the branching phenotype in the inbredline of interest to genetic factors.

**Key words:** Branching, *cis*-elements, Molecular markers and Sunflower.

---

Received: May 2017

Accepted: October 2017

1. Former MSc student, Zanzan University, Zanzan, Iran

2. Assistant Prof., Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran (Corresponding author) (Email: m.soltanioil@yahoo.com)

3. Assistant Prof., Zanzan Univesrity, Zanzan, Iran