

## شناسایی ژنهای احتمالی در گیر در گلدهی سیب به روش *in silico*

ناصر مهنا، بهرام باغبان کهنه روز، بهزاد قره یاضی، مصطفی ولیزاده، وازگین  
گریگوریان

دانشکده کشاورزی تبریز، گروه علوم باغبانی

سیب (*Malus x domestica* Borkh.) رایج ترین میوه های مناطق معتدله بوده و از زمان های باستان در اروپا و آسیا کشت شده است. سیب از نظر اهمیت بعد از مرکبات، موز و انگور مقام چهارم را در بین میوه ها داراست. همچنین کشور ایران بعد از چین، آمریکا و لهستان با تولید ۲/۴ میلیون تن سیب در سال، مقام چهارم را در جهان داشته است (FAO, ۲۰۰۶). زیاد بودن دوره نونهالی در سیب، باعث طولانی تر شدن دوره اصلاحی گردیده و اصلاح این نبات را بسیار مشکل مینماید. بنابراین، به دست آوردن راهی برای کاهش دوره نونهالی مهمترین دغدغه اصلاح گران این نبات می باشد. نیل به این مهم یعنی دستکاری ژنتیکی طول دوره نونهالی و عادت گلدهی سیب مستلزم شناخت ژنهای دخیل در فرآیند گلدهی سیب و نیز تکوین گل می باشد. در این تحقیق، ژنتیک گلدهی سیب به روش *in silico* با استفاده از داده های EST سیب مورد بررسی قرار گرفته و ژنهای احتمالی سیب مشابه با ژنهای در گیر در گلدهی آراییدوپسیس شناسایی گردیدند. همچنین، ژنهای MADS-box سیب و آراییدوپسیس با استفاده از نرم افزار های مختلف مورد بررسی و گروه بندی قرار گرفتند و ژنهای مختلف به گروه های متفاوتی تخصیص داده شده اند.