

Modifikation der Flavonoid-Biosynthese in Apfel (*Malus domestica* Borkh.) durch heterologe Expression des Lc-Gens aus Mais

Iris Szankowski¹, Houhua Li¹, Henryk Flachowsky², Thilo Fischer³, Viola Hanke², Gert Forkmann³, Dieter Treutter⁴, Thomas Hoffmann⁵, Wilfried Schwab⁵

¹Leibniz Universität Hannover, Institut für Biologische Produktionssystem – FG Obstbau, Herrenhäuser Straße 2, 30419 Hannover, ²Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Institut für Obstzüchtung, Pillnitzer Platz 3a, 01326 Dresden, ³TU München, Lehrstuhl für Zierpflanzenbau und Gartenbauliche Pflanzenzüchtung, Am Hochanger 4, 85350 Freising

⁴TU München, FG Obstbau, Alte Akademie 16, D-85350 Freising-Weihenstephan, ⁵TU München, Biomolekulare Lebensmitteltechnologie, Lise-Meitner-Str. 34, 85354 Freising

Flavonoide stellen eine große Klasse pflanzlicher Sekundärmetabolite dar, die aufgrund ihrer Struktur in folgende Klassen unterteilt werden: Flavonole, Flavone, Flavanone, Flavanole, Anthocyanine. Beim Apfel (*Malus domestica* Borkh.) stellen Flavonoide u. a. wichtige Resistenzfaktoren gegenüber Pathogenen dar. Besonderes Interesse kommt den Verbindungen des Flavonoidstoffwechsels aber ebenfalls aus ernährungsphysiologischer Sicht zu. Als Bestandteile von Nahrungspflanzen stellen sie einen wichtigen Bestandteil der humanen Ernährung dar und besitzen zahlreiche gesundheitsförderliche Eigenschaften, die hauptsächlich auf das antioxidative Potential der verschiedenen Substanzen sowie deren Einfluss auf Mammalia-Enzyme zurückgeführt werden. Ziel der Studie war eine Erhöhung der Flavonoid-Akkumulation in Apfel zu erzielen, um eine erhöhte Pathogenabwehr zu erzielen. Weiterhin sollte untersucht werden, inwieweit sich eine verstärkte Anthocyanakkumulation als Marker zur Selektion transgener Zellen eignet. Mittels des *Agrobacterium tumefaciens*-vermittelten Gentransfers wurde das Lc-Gen aus Mais in die Apfelsorte 'Holsteiner Cox' mittels übertragen und überexprimiert. Das Gen kodiert für einen *basic-helix-loop-helix* (bHLH) Transkriptionsfaktor, der die Transkription der Strukturgene des Flavonoidstoffwechsels reguliert. In den transgenen Pflanzen wurde eine verstärkte Transkription fast aller Strukturgene des Flavonoidstoffwechsels erzielt. Metabolitanalysen ergaben, dass besonders Anthocyane, sowie Flavan 3-ole und Proanthocyanidine stark in den transgenen Pflanzen akkumulieren.