

ZADANIE 50

Analiza fenotypowa i molekularna wybranej populacji segregującej jabłoni dla wytworzenia genotypów o czerwonej barwie miąższu i zwiększonej odporności na zarazę ogniową

POSTĘP BIOLOGICZNY
Okres realizacji – 2025

KIEROWNIK ZADANIA 50

dr inż. Mariusz Lewandowski

e-mail:

Mariusz.Lewandowski@inhort.pl

Wykonawcy: dr Sylwia Keller-Przybyłkowicz, prof. dr hab. Stanisław Pluta, prof. dr hab. Waldemar Treder, dr hab. Agnieszka Masny, dr hab. Monika Mieszczakowska-Frąc, dr Anita Kuras, dr Marek Szymajda, dr Łukasz Seliga, dr Paweł Bielicki, dr Niall Dickinson, dr Krzysztof Klamkowski, mgr Anna Tryngiel-Gać, mgr Katarzyna Wójcik, mgr Jan Piecko, mgr Agnieszka Walencik, mgr Jolanta Kubik, mgr Renata Czarnecka, mgr Bogusława Idczak, Krzysztof Strojny, Krystyna Strączyńska, Katarzyna Trzaska, Mirosław Kiełkiewicz, Monika Stębowska, Danuta Perzanowska

Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy
ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice



CELE PROJEKTU

- ✓ Ocena fenotypowa populacji siewek jabłoni pokolenia F₁ otrzymanej ze skrzyżowania wybranych genotypów jabłoni ('Trinity' i 'Free Redstar') i wyodrębnienie z niej genotypów o czerwonej barwie miąższu i zwiększonej odporności na zarazę ogniową (*temat badawczy 1*).
- ✓ Ocena sprzężeń pomiędzy polimorficznymi dla odmian 'Trinity' oraz 'Free Redstar' allelami markerów SSR oraz identyfikacja ich loci w genomach obu form rodzicielskich (*temat badawczy 2*).
- ✓ Ocena podatności na zarazę ogniową 5 genotypów jabłoni wyselekcjonowanych z populacji segregującej 'Trinity' x 'Free Redstar' (*temat badawczy 3*).
- ✓ Ocena podstawowych cech fizykochemicznych owoców oraz zasobność w składniki bioaktywne (kwas askorbinowy i antocyjany) 5 genotypów jabłoni wyselekcjonowanych z populacji segregującej 'Trinity' x 'Free Redstar' (*temat badawczy 4*).
- ✓ Porównanie barwy miąższu 5 genotypów jabłoni wyselekcjonowanych z populacji segregującej 'Trinity' x 'Free Redstar' oraz wyznaczenie indeksu porównawczego miąższu (*temat badawczy 5*).
- ✓ Wytypowanie ze skolekcjonowanej bazy sekwencyjnej transkryptomów (NGS 2024) odmian 'Free Redstar' i 'Trinity', kolejnych 10 genów o zróżnicowanej ekspresji w owocach o białym i czerwonym wybarwieniu miąższu oraz ocena poziomu ich ekspresji (metoda RT-qPCR) w owocach skolekcjonowanych z roślin mieszańcowych populacji 'Free Redstar' x 'Trinity' (*temat badawczy 6*).

Tematy zostały w pełni zrealizowane, a cele osiągnięte.

MATERIAŁY I METODY

Temat badawczy 1

1. Materiał do badań – 696 siewek pokolenia F_1 , otrzymane ze skrzyżowania:
 - ✓ 1. 'TRINITY' – czerwona barwa miąższu – (forma mateczna)
 - ✓ 2. 'FREE REDSTAR' – biała barwa miąższu, donor cech odporności na parcha jabłoni, mączniaka jabłoni i zarzę ogniwą – (forma ojcowska)
2. Ocena fenotypowa 696 siewek, pod kątem:
 - ✓ siły wzrostu wyrażonej średnicą pędu przewodnikowego (mm),
 - ✓ wczesności wchodzenia w okres kwitnienia i owocowania (termin),
 - ✓ intensywności kwitnienia i owocowania (1-9),
 - ✓ stopnia porażenia siewek przez parcha i mączniaka jabłoni (1-5),
 - ✓ podatności drzew na zarzę ogniwą (1-5),
 - ✓ wyglądu (atrakcyjności) owoców (1-5),
 - ✓ smaku owoców (1-5),
 - ✓ wielkości owoców (1-9),
 - ✓ kształtu owoców (1-7),
 - ✓ barwy miąższu owoców (1-6).



1.



2.



Temat badawczy 2

Materiał: populacja 'Trinity' x 'Free Redstar'
– 94 siewki o potwierdzonym statusie mieszańca

Metody analityczne:

- ✓ Izolacja DNA (Aldrich & Culis)
- ✓ PCR – 20 SSR, chr. X i XVI genomu *Malus*

Analizy bioinformatyczne (program JoinMap v.3.0):

- ✓ Odległości mapowe (cM) – funkcja *Kosambi*.
- ✓ Sprzężenia między allelami – *LOD* ($LOD \geq 3$)
- ✓ Prawdopodobieństwo sprzężeń – *ML* (*Maximum Likelihood*)
- ✓ Analiza rozkładu alleli polimorf. – test *CHI-KWARAT*: χ^2
- ✓ Częstość rekombinacji pomiędzy allelami – $REC \leq 50$
- ✓ graficzny obraz mapy genetycznej – (program Map Chart 2.0)

Temat badawczy 3

- ✓ Ocena podatności na zarzę ogniwą 5 genotypów jabłoni: nr 39, nr 66, nr 113, nr 414, nr 448, 2 form rodzicielskich ('Trinity' i 'Free Redstar') i odmiany standardowej 'Idared'.



MATERIAŁY I METODY

Temat badawczy 4

- ✓ Ocena jakości wewnętrznej owoców (ocena instrumentalna) 5 genotypów (Nr 12, Nr 16, Nr 24, Nr 31, N 45):
 1. jędrność owoców (N),
 2. ekstrakt refraktometryczny (Brix),
 3. zawartość kwasu L-askorbinowego (KA),
 4. kwasowość (g/100g),
 5. zawartość ogólna antocyjanów (mg/100g).



Refraktometr RE 50



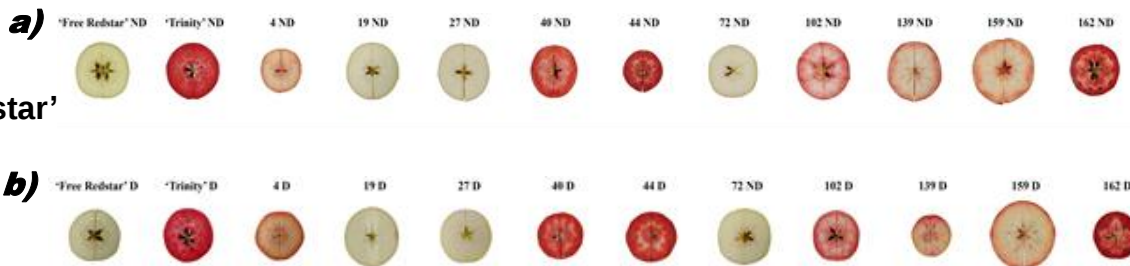
Jędrnościomierz INSTRON 4303

Temat badawczy 5

- ✓ Ocena 5 genotypów (Nr 12, Nr 16, Nr 24, Nr 31, N 45) pod kątem:
 1. dygitalizacji barwy i wyznaczenia indeksu RGB skórki owoców,
 2. dygitalizacji barwy i wyznaczenia indeksu RGB miąższu owoców.

Temat badawczy 6

Materiał: miąższ owoców a) niedojrzałych i b) dojrzałych odmian 'Trinity' i 'Free Redstar' oraz 10 genotypów mieszańcowych populacji 'Trinity' x 'Free Redstar'



Metody analityczne:

- ✓ Izolacja RNA (Zeng & Yang, 2002),
- ✓ Odczyt sekwencji bibliotek cDNA w systemie MineSeq, Genomed,
- ✓ Analiza różnicowa genów (DEG's) – program DSeq2, (pakiet programu R). (RNAseq: 'Free Redstar' vs. 'Trinity'),
- ✓ Mapowanie do genomu referencyjnego 'Golden Delicious' (ASM211411v1: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/genome/GCF_002114115.1/),
- ✓ Mapowanie do szlaków metabolicznych bazy KEGG (Kyoto Encyclopedia for Genes and Genomes),
- ✓ Walidacja i profilowanie DEG's metodą RT-qPCR – 10 wytypowanych genów o zróżnicowanej ekspresji.

- ✓ Wykonana ocena intensywności kwitnienia i owocowania potwierdziła, że z populacji 696 siewek zakwitło i zaowocowało 605 roślin, czyli 86,9% z całej populacji siewek.
- ✓ W trzecim roku oceny zaobserwowano objawy porażenia liści i pędów roślin, tzn. obserwowano na tych organach roślinnych biały, mączysty nalot w przypadku mączniaka jabłoni (332 rośliny, czyli 47,7% z całej populacji siewek) i ciemno-oliwkowe plamy pokryte aksamitnym nalotem na górnej stronie liści w przypadku parcha jabłoni (2 rośliny, czyli 0,3% z całej populacji siewek).
- ✓ W badanej populacji siewek nie obserwowano objawów zarazy ogniowej.

**Ocena wyglądu (atrakcyjności), smaku, wielkości, kształtu i barwy miąższu owoców
(Skierniewice, 2025)**

Numer siewki	Wygląd (1-5)	Smak (1-5)	Wielkość (1-9)	Kształt (1-7)	Barwa miąższu (1-6)
Free Redstar	4	4	7	2	1
Trinity	4	3	6	6	6
Nr 12	3	4	4	6	6
Nr 16	4	4	3	7	6
Nr 24	4	4	4	6	6
Nr 31	5	4	6	2	6
Nr 45	4	3	5	7	6

Objaśnienia:

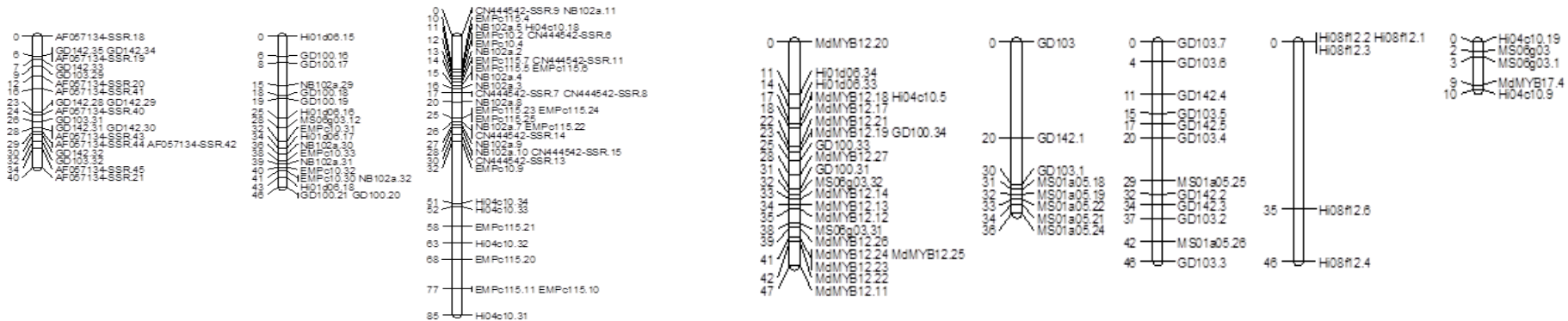
- wygląd (atrakcyjność) owoców (1-5): 1-mało atrakcyjne, 5-bardzo atrakcyjne,
- smak owoców (1-5): 1-mało smaczne, 5-bardzo smaczne,
- wielkość owoców (1-9): 1-bardzo małe, 2-bardzo małe do małych, 3-małe, 4-małe do średnich, 5-średnie, 6-średnie do dużych, 7-duże, 8-duże do bardzo dużych, 9-bardzo duże,
- kształt owoców (1-7): 1-cylindryczny wcięty, 2-stożkowaty, 3-jajowaty, 4-walcowaty, 5-elipsoidalny, 6-kulisty, 7-kulisty spłaszczony,
- barwa miąższu (1-6): 1-biała, 2-kremowa, 3-żółtawa, 4-zielonkawa, 5-różowawa, 6-czerwonawa.



- ✓ Na odrębnych mapach genetycznych form rodzicielskich (2025 r.) zidentyfikowano 558 alleli segregujących
- ✓ 240 z nich pochodziło od odmiany 'Trinity', 268 – z genomu odmiany 'Free Redstar' i 281 – z genomów obu form rodzicielskich

'Trinity': 11 LG, 48 loci, 353 cM (przedstawiono fragment)

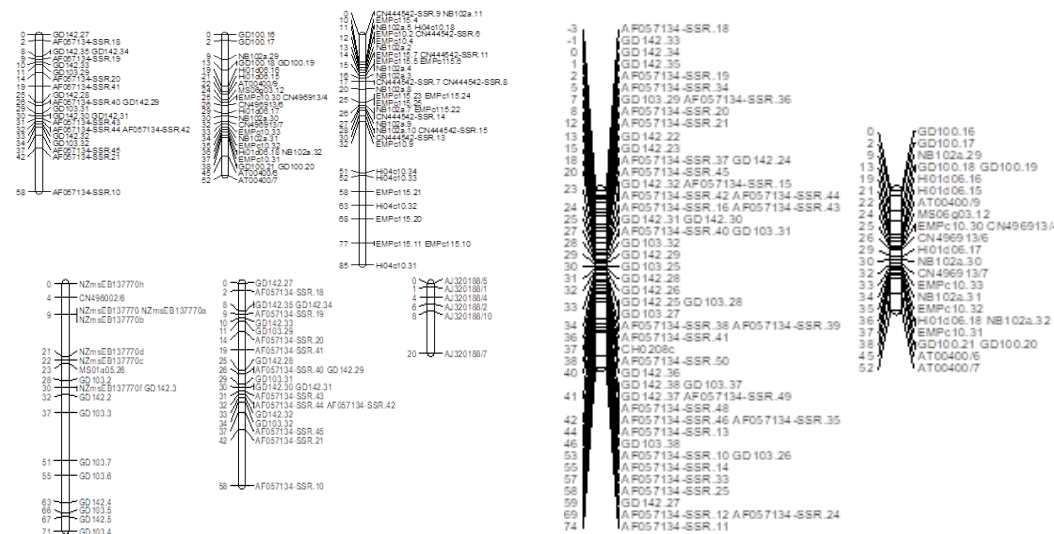
‘Free Redstar’: 5 LG, 25 loci, 144 cM (fragment)



Sporządzono zintegrowaną mapę genetyczną Chr. X i XVI dla obu odmian (2022-2025)

‘Trinity’

‘Free Redstar’



- ✓ Charakterystyka uzyskanych map genetycznych (fragment):
- mapa genomu odmiany ‘Trinity’ zawiera 8 grup sprzężeń (LG, ang. linkagegroups) pokrywających 499 cM genomu jabłoni
- mapa genomu odmiany ‘Free Redstar’ zawiera 8 grupy sprzężeń, na których zidentyfikowano pokrywających 856 cM jej genomu.

Procent porażenia pędów po inokulacji zawiesiną wysoko wirulentnego dzikiego szczepu bakterii *Erwinia amylovora* Ea 659 (Skierniewice, 2025)

Genotyp	Procent porażenia pędów (2 tyg. po inokulacji)	Procent porażenia pędów (4 tyg. po inokulacji)	Procent porażenia pędów (6 tyg. po inokulacji)
Idared	13,72±1,23b	56,92±17,73c	56,92±17,73c
Trinity	17,66±2,46b	85,80±12,71d	86,89±13,37d
Free Redstar	2,66±0,74a	2,66±0,74a	2,66±0,74a
Nr 39	7,64±4,69a	31,06±18,02b	32,25±18,54b
Nr 448	2,73±0,49a	14,76±8,00ab	14,76±8,00ab
Nr 113	3,80±0,66a	25,40±7,03ab	26,06±6,76ab
Nr 66	3,63±1,50a	12,35±7,14ab	13,75±9,01ab
Nr 414	16,41±10,40b	81,56±29,28d	82,41±29,57d

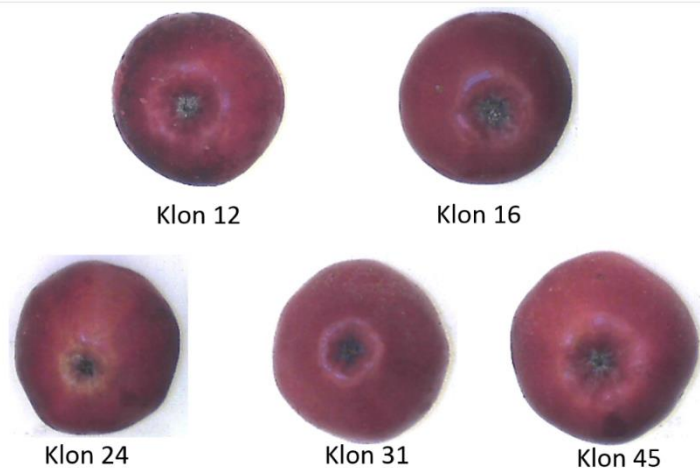
Średnie oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie według testu NEWMAN - KEULS'A przy $\alpha=0,05$

Temat badawczy 4

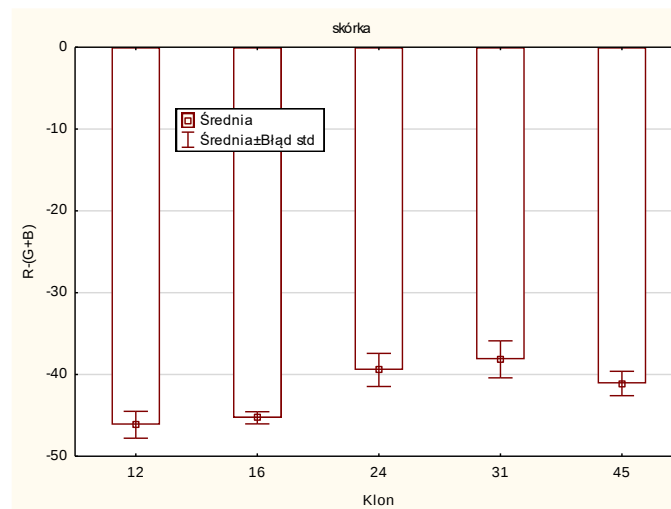
Dla pięciu genotypów mieszańcowych wytwarzających jabłka o czerwonym miąższu oceniono podstawowe parametry fizykochemiczne skolekcjonowanych owoców (jędrność, ekstrakt i kwasowość) oraz zawartość składników bioaktywnych (antocyjany i kwas askorbinowy) (Skierniewice, 2025)

Numer siewki	Jędrność* [N] $\bar{x}$ (min.–max.)	Ekstrakt [Brix]	Kwasowość g/100g	Antocyjany ogółem mg/100g	Kwas askorbinowy mg/100g
Nr 12	81,8 (63,5 – 97,2)	11,2	1,05	11,7	7,4
Nr 16	121,4 (100,3 – 133,7)	12,4	1,47	17,7	12,1
Nr 24	78,2 (57,9 – 93,5)	12,6	1,26	14,5	9,9
Nr 31	106,9 (89,5 – 120,8)	11,1	0,93	19,7	8,0
Nr 45	70,3 (44,5 – 97,9)	12,0	1,80	18,2	16,4

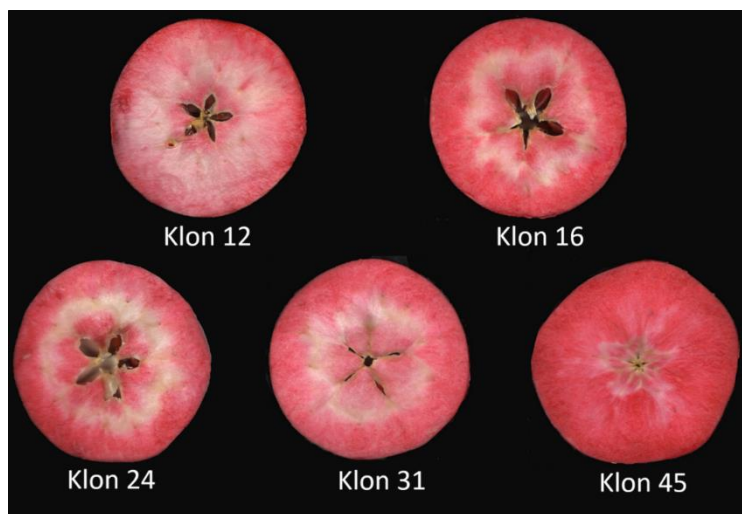
* $\bar{x}$ – wartość średnia z 15 pomiarów; (min. – max.) – przedział wartości minimalnej i maksymalnej jędrności.



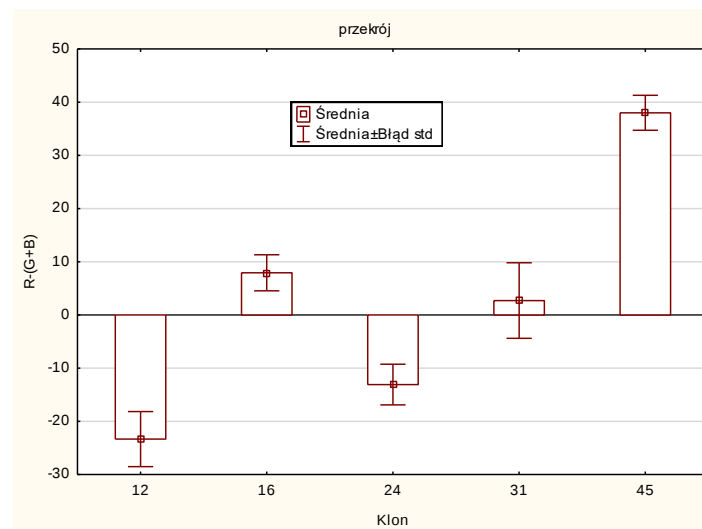
Wybarwienie skórki badanych genotypów



Intensywność barwy skórki badanych genotypów



Wybarwienie miąższu badanych genotypów



Intensywność czerwonej barwy miąższu badanych genotypów

Analiza różnicowa genów (DEG's) zidentyfikowanych dla układu eksperymentalnego RNAseq ('Free Redstar' vs. 'Trinity') – zmapowanych na genom referencyjny *Malus*

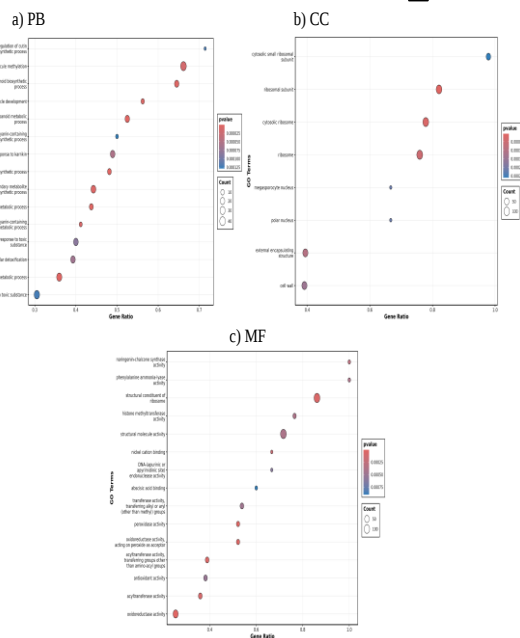
Baza sekwencji: **28 G** danych sekwencji, - 7 065 (DEGs zidentyfikowanych. - 1 153 geny wykazywało ekspresję w górę ($FC \geq 2$), a 759 w dół ($FC \leq -2$)

funkcja molekularna (MF), umożliwiła wykrycie istotnej grupy genów odpowiednio: $n = 3064$ w obrębie procesów biologicznych a)(BP), $n = 488$ w obrębie komponenty komórkowej b)(CC) i $n = 860$ w kategorii czynniki transkrypcji c)(MF).

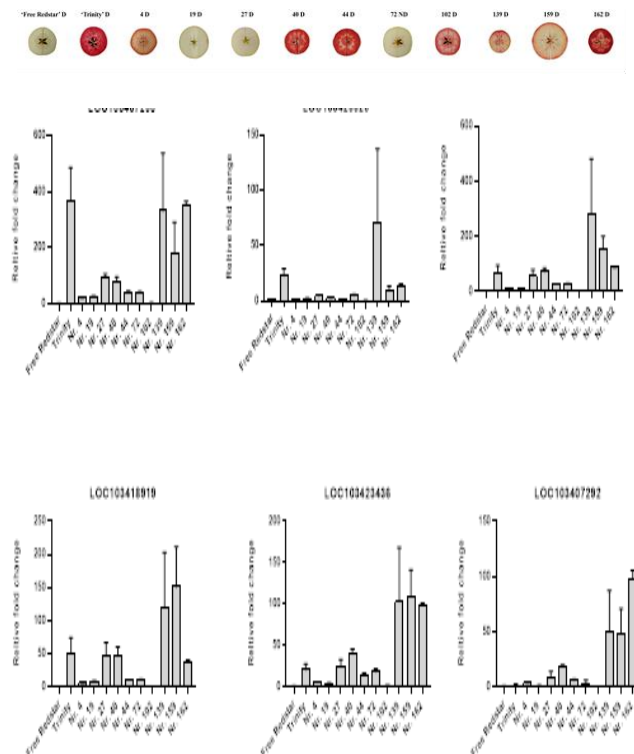
Przykładowe profile ekspresji genów o rozpoznanej funkcji i zweryfikowanym typie regulacji w testach RNAseq i qPCR – przeprowadzone na matrycach RNA z owoców dojrzałych



Adnotacja funkcjonalna wytypowanych genów



Identyfikator genu	Funkcja genu (zgodna z bazą danych)
LOC103437295	cytochrome P450 86A22-like
LOC103429929	telomeric repeat-binding factor 1-like
LOC114821007	cytochrome P450 86A22-like
LOC103404168	omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase
LOC103418919	cytochrome P450 86A1
LOC103423436	tropinone reductase homolog
LOC103407292	primary amine oxidase-like
LOC103422716	tropinone reductase homolog At1g07440-like, transcript variant X1
LOC103412975	tropinone reductase homolog At1g07440-like
LOC103443513	polyketide synthase 5



Wytypowane geny wykazały korelację genotypowo-fenotypową tj: istotną aktywność w genomach siewek produkujących owoce o czerwonym miąższu. Mogą mieć wpływ na regulację cechy czerwonej barwy miąższu owoców jabłoni.

Temat badawczy 1

- ✓ Badane genotypy/siewki jabłoni różnią się pod względem siły wzrostu, wyrażonej średnicą pędu przewodnikowego (w mm). Genotypy rodzicielskie ('Trinity' i 'Free Redstar') użyte w programie krzyżowań mogą przyczynić się do poprawy lub pogorszenia siły wzrostu u potomstwa oraz modyfikować zdolność do obfitego lub słabszego kwitnienia i owocowania siewek jabłoni.
- ✓ Genotypy rodzicielskie jabłoni mogą także warunkować zwiększenie lub obniżenie podatności na parcha i mączniaka jabłoni oraz zarzę ogniovą u siewek jabłoni.

Temat badawczy 2

- ✓ Uzyskana mapa genetyczna dla odmian 'Trinity' (wytwarza owoce o czerwonym miąższu) i 'Free Redstar' (produkuje owoce o białym miąższu), będzie przydatna do dalszej identyfikacji regionów genomów *Malus*, regulujących cechę barwy miąższu owoców jabłoni.
- ✓ Uzyskane w wyniku mapowania interwałowego grupy sprzężeń LG wykazały istotną homologię do chromosomów X i XVI genomu *Malus*.

Temat badawczy 3

- ✓ Wstępne wyniki badań pokazują, że rośliny badanych genotypów jabłoni różnią się znacząco pod względem podatności na zarzę ogniovą.
- ✓ Najmniej porażonych pędów po inokulacji zawiesiną wysoko wirulentnego dzikiego szczepu bakterii *Erwinia amylovora* Ea 659 obserwowano u odmiany 'Free Redstar' oraz klonów Nr 66 i Nr 448.
- ✓ Nowo wyselekcjonowane klony Nr 113 i Nr 39 odznaczały się średnią wrażliwością na czynnik chorobotwórczy.
- ✓ Najbardziej podatne okazały się odmiany 'Trinity' i 'Idared' oraz klon Nr 414.

Temat badawczy 4

- ✓ Wstępne wyniki badań pokazują, że badane owoce genotypów jabłoni nie różnią się znacząco pod względem zawartości antocyjanów, z wyjątkiem genotypu Nr 12, który wykazuje niższe zawartości barwnika czerwonego.
- ✓ Wyniki potwierdziły, że genotypy jabłek czerwonomiąższowych wykazują wyższą kwasowość (powyżej 0,93%) niż owoce o białym miąższu.
- ✓ Genotypy Nr 45 i Nr 16 wykazują najwyższe wartości składu zarówno cech podstawowych, jak i bioaktywnych spośród 5 badanych genotypów.

Temat badawczy 5

- ✓ Wyniki badań potwierdzają przydatność metody analizy obrazu i zastosowanie modelu RGB jako właściwe narzędzie do porównania barwy miąższu 5 genotypów jabłoni wyselekcjonowanych z populacji segregującej 'Trinity' x 'Free Redstar' oraz do wyznaczenia indeksu porównawczego miąższu.
- ✓ Spośród analizowanych genotypów najwyższe parametry w kontekście barwy skórki obserwowano u genotypu Nr 16, a miąższu u genotypu Nr 45.

Temat badawczy 6

- ✓ Wszystkie zidentyfikowane geny wykazały identyczny typ regulacji w górę (up-regulation) w owocach odmiany czerwono-miąższowej 'Trinity'.
- ✓ Trzy wytypowane geny: CYP86B1, MDR-TAP, F3Mo (kodują odpowiednio: białko cytochromu B, białko transportera B oraz monooksygenazę flawonoidu) wykazały istotne sprzężenie z cechą czerwonej barwy miąższu owoców.

1. POSTER:

Keller-Przybyłkiewicz S., Lewandowski M., Walencik A., Strojny K. 2025. Transcriptome sequence comparison of white- and red-fleshed apple cultivars uncovered new genes related to anthocyanin biosynthesis.

2. ABSTRAKT:

Keller-Przybyłkiewicz S., Lewandowski M., Walencik A., Strojny K. 2025. Transcriptome sequence comparison of white- and red-fleshed apple cultivars uncovered new genes related to anthocyanin biosynthesis. International Symposium on Biotechnological Tools in Horticulture, Rimini, Włochy; 5-9 May 2025, Book of abstracts: 135.

3. POSTER:

Lewandowski M., Keller-Przybyłkiewicz S., Walencik A., Strojny K., Trzaska K. 2025. Ocena wybranych cech użytkowych siewek jabłoni (*Malus domestica* Borkh.) w populacji segregującej 'Trinity' x 'Free Redstar'.

4. ABSTRAKT:

Lewandowski M., Keller-Przybyłkiewicz S., Walencik A., Strojny K., Trzaska K. 2025. Ocena wybranych cech użytkowych siewek jabłoni (*Malus domestica* Borkh.) w populacji segregującej 'Trinity' x 'Free Redstar'. Konferencja Naukowa „Wyzwania współczesnego ogrodnictwa”, Lublin, 4-6 czerwca 2025 r., Streszczenia, s. 97.

5. PUBLIKACJA NAUKOWA:

Keller-Przybyłkiewicz S., Oskiera M., Walencik A., Lewandowski M. 2025. Molecular interaction of genes related to anthocyanin, lipid and wax biosynthesis in apple red-fleshed fruits. International Journal of Molecular Sciences, 26, 10987, <https://doi.org/10.3390/ijms262210987>, <https://www.mdpi.com/1422-0067/26/22/10987/pdf>

1. POSTER:

INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON BIOTECHNOLOGICAL TOOLS IN HORTICULTURE

Transcriptome sequence comparison of white- and red-fleshed apple cultivars uncovered new genes related to anthocyanin biosynthesis

Keller-Przybyłkiewicz S., Lewandowski M., Walencik A., Strojny K.
The National Institute of Horticultural Research
ul. Komuny 3/3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice

1. Objectives

Apple fruits are very popular as they are rich in antioxidants and have health-promoting properties. One of the solutions to increase the consumption of fresh apples and their products is introducing the apple industry to red-fleshed varieties, which are rich in anthocyanins and have health-promoting properties. The main donors of the genes for red-fleshed apples are *M. sieversii* L. and *M. pumila* var. *niedzwiedzyne*. The *faucifolia* pathway is well described and consists of many genes, regulating biosynthesis of anthocyanins and anthocyanins such as PAL, CHS, CHL, F3H and F3H, generally involved in production of colorless metabolites. Thus, colored anthocyanins synthesized by ANS and finally converted in purple/red by glucosyltransferase (UGT).

Since the regulatory red-fleshed traits is complex, the aim of this study was to identify new genes involved in the mechanism of apple coloration.

5-9 MAY 2025, ITALY

3. POSTER:

INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON BIOTECHNOLOGICAL TOOLS IN HORTICULTURE

Ocena wybranych cech użytkowych siewek jabłoni (*Malus domestica* Borkh.) w populacji segregującej 'Trinity' x 'Free Redstar'

Lewandowski M., Keller-Przybyłkiewicz S., Walencik A., Strojny K., Trzaska K.

1. Objectives

Apple fruits are very popular as they are rich in antioxidants and have health-promoting properties. One of the solutions to increase the consumption of fresh apples and their products is introducing the apple industry to red-fleshed varieties, which are rich in anthocyanins and have health-promoting properties. The main donors of the genes for red-fleshed apples are *M. sieversii* L. and *M. pumila* var. *niedzwiedzyne*. The *faucifolia* pathway is well described and consists of many genes, regulating biosynthesis of anthocyanins and anthocyanins such as PAL, CHS, CHL, F3H and F3H, generally involved in production of colorless metabolites. Thus, colored anthocyanins synthesized by ANS and finally converted in purple/red by glucosyltransferase (UGT).

4. ABSTRAKT:

Ocena wybranych cech użytkowych siewek jabłoni (*Malus domestica* Borkh.) w populacji segregującej 'Trinity' x 'Free Redstar'

MARIUSZ LEWANDOWSKI, SYLVIA KELLER-PRZYBYŁKIEWICZ, AGNIESZKA WALCENIK, KRZYSZTOF STROJNY, KATARZYNA TRZASKA
Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy, Skierniewice
mariusz.lewandowski@inhort.pl

5. PUBLIKACJA NAUKOWA:

Molecular interaction of genes related to anthocyanin, lipid and wax biosynthesis in apple red-fleshed fruits

Keller-Przybyłkiewicz S., Oskiera M., Walencik A., Lewandowski M. 2025. Molecular interaction of genes related to anthocyanin, lipid and wax biosynthesis in apple red-fleshed fruits. International Journal of Molecular Sciences, 26, 10987, <https://doi.org/10.3390/ijms262210987>, <https://www.mdpi.com/1422-0067/26/22/10987/pdf>

2. ABSTRAKT:

INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON BIOTECHNOLOGICAL TOOLS IN HORTICULTURE

Transcriptome sequence comparison of white- and red-fleshed apple cultivars uncovered new genes related to anthocyanin biosynthesis

Keller-Przybyłkiewicz S., Lewandowski M., Walencik A., Strojny K.
The National Institute of Horticultural Research, Komuny 3/3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice, Poland
mariusz.lewandowski@inhort.pl

1. Objectives

Apple fruits are very popular as they are rich in antioxidants and have health-promoting properties. One of the solutions to increase the consumption of fresh apples and their products is introducing the apple industry to red-fleshed varieties, which are rich in anthocyanins and have health-promoting properties. The main donors of the genes for red-fleshed apples are *M. sieversii* L. and *M. pumila* var. *niedzwiedzyne*. The *faucifolia* pathway is well described and consists of many genes, regulating biosynthesis of anthocyanins and anthocyanins such as PAL, CHS, CHL, F3H and F3H, generally involved in production of colorless metabolites. Thus, colored anthocyanins synthesized by ANS and finally converted in purple/red by glucosyltransferase (UGT).

Since the regulatory red-fleshed traits is complex, the aim of this study was to identify new genes involved in the mechanism of apple coloration.

Since the regulatory red-fleshed traits is complex, the aim of this study was to identify new genes involved in the mechanism of apple coloration.

5. PUBLIKACJA NAUKOWA:

Molecular interaction of genes related to anthocyanin, lipid and wax biosynthesis in apple red-fleshed fruits

Keller-Przybyłkiewicz S., Oskiera M., Walencik A., Lewandowski M. 2025. Molecular interaction of genes related to anthocyanin, lipid and wax biosynthesis in apple red-fleshed fruits. International Journal of Molecular Sciences, 26, 10987, <https://doi.org/10.3390/ijms262210987>, <https://www.mdpi.com/1422-0067/26/22/10987/pdf>

5. PUBLIKACJA NAUKOWA:

Molecular interaction of genes related to anthocyanin, lipid and wax biosynthesis in apple red-fleshed fruits

Keller-Przybyłkiewicz S., Oskiera M., Walencik A., Lewandowski M. 2025. Molecular interaction of genes related to anthocyanin, lipid and wax biosynthesis in apple red-fleshed fruits. International Journal of Molecular Sciences, 26, 10987, <https://doi.org/10.3390/ijms262210987>, <https://www.mdpi.com/1422-0067/26/22/10987/pdf>