

Press release**Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie****Dipl. Ing. agr. Ursula Ross-Stitt**

07/29/2020

<http://idw-online.de/en/news751891>Research results, Scientific Publications
Biology, Medicine, Nutrition / healthcare / nursing
transregional, nationalMax-Planck-Institut
für Molekulare Pflanzenphysiologie**Genetischer Schlüssel zum gesunden Tee****Analyse von mehr als 200 verschiedenen Teesorten bietet Grundlage für die Züchtung gesunder Teesorten**

Tee (*Camellia sinensis*) ist eines der weltweit beliebtesten Getränke mit einem breiten Spektrum an Aromen und gesundheitlichen Vorteilen. Forschende der Huazhong Agricultural University of Wuhan (China), des Forschungszentrums Jülich, der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf sowie des Max-Planck-Instituts für Molekulare Pflanzenphysiologie Potsdam-Golm haben jetzt das Genom eines alten Teebaums aufgeklärt und mehr als 200 verschiedene Teesorten analysiert. Das Genom bildet nun die Grundlage, um die Biosynthese nützlicher Naturstoffe weiter zu erforschen. Die Studie wurde von der Pflanzenforscherin Prof. Weiwei Wen aus Wuhan geleitet. Auf deutscher Seite arbeitete der Jülicher Genomforscher Prof. Björn Usadel im Rahmen der internationalen Initiative Bioökonomie des BMBF mit dem Experten für pflanzliche Stoffwechselprozesse Prof. Alisdair Fernie aus Potsdam-Golm zusammen.

Im Jahr 2018 wurden weltweit rund 273 Milliarden Liter Tee konsumiert. Die Tendenz ist steigend und macht Tee zu einem der beliebtesten Erfrischungsgetränke. Tee wird aber nicht nur zur Erfrischung verwendet, Tee wurde bereits in der traditionellen chinesischen Medizin eingesetzt. Das Forscherteam befasste sich mit der Frage, welche natürlichen Inhaltsstoffe für den Geschmack und die gesundheitsfördernden Eigenschaften verantwortlich sind. Dazu zeichneten sie anhand der genetischen Charakterisierung alter und wilder Teesorten die Entwicklung zu modernen Teesorten nach. Durch die Analyse von mehr als 200 verschiedenen Teesorten aus verschiedenen Anbaugebieten konnten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler Genvarianten identifizieren, die für die Biosynthese gesunder sekundärer Pflanzenstoffe, den Flavonoiden, verantwortlich sind. Dazu zählen insbesondere die Catechine, Bitterstoffe in Pflanzen mit hohem antioxidativen Potenzial. Diese Ergebnisse könnten die Grundlage für eine verbesserte Züchtung gesunder Teesorten bilden. Die Wissenschaftler konnten erstmals zeigen, dass im Gegensatz zu anderen Nutzpflanzen selten eine gezielte Züchtung im Hinblick auf sekundäre Pflanzenstoffe erfolgt. Mit den hochauflösenden Genomdaten von alten und wilden Teesorten können nun in Zukunft neue Sorten gezüchtet werden, um die wachsende internationale Nachfrage nach „gesundem“ Tee zu befriedigen.

contact for scientific information:

Prof. Alisdair Fernie
Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie
Telefon: 0331 567 8211
E-Mail: fernie@mpimp-golm.mpg.deProf. Dr. Björn Usadel
Institut für Bio- und Geowissenschaften, Bereich Bioinformatik (IGB-4)
Forschungszentrum Jülich und
Institute for Biological Data Science
Heinrich-Heine Universität Düsseldorf

Dr. Diana Klose
Institut für Bio- und Geowissenschaften,
Bereich Bioinformatik (IBG-4)
Forschungszentrum Jülich
Tel. 02461 61 85852
E-Mail: d.klose@fz-juelich.de

Original publication:

Weiji Zhang, Youjun Zhang, Haiji Qiu, Yafei Guo, Haoliang Wan, Xiaoliang Zhang, Federico Scossa, Saleh Alseekh, Qinghua Zhang, Pu Wang, Li Xu, Maximilian H.-W. Schmidt, Xinxin Jia, Daili Li, Anting Zhu, Fei Guo, Wei Chen, Dejiang Ni, Björn Usadel, Alisdair R. Fernie und Weiwei Wen

Genome assembly of wild tea tree DASZ reveals pedigree and selection history of tea varieties

Nature communications, 24 July 2020, <https://doi.org/10.1038/s41467-020-17498-6>

Tel. 02461 61 85801

E-Mail: b.usadel@fz-juelich.de

URL for press release: https://www.mpimp-golm.mpg.de/4186/dep_1

URL for press release: <https://www.mpimp-golm.mpg.de/5858/4fernie>

URL for press release: <http://usadellab.org/cms/>

URL for press release:

<https://www.fz-juelich.de/portal/DE/Institute/InstitutBioGeowissenschaften/ibg-4.html?nn=861410>



Frisch gepflückter Tee. Das chinesisch-deutsche Forscherteam analysierte mehr als 200 verschiedene Sorten und identifizierte ihre Genvarianten.

Weiwei Wen / Huazhong Agricultural University