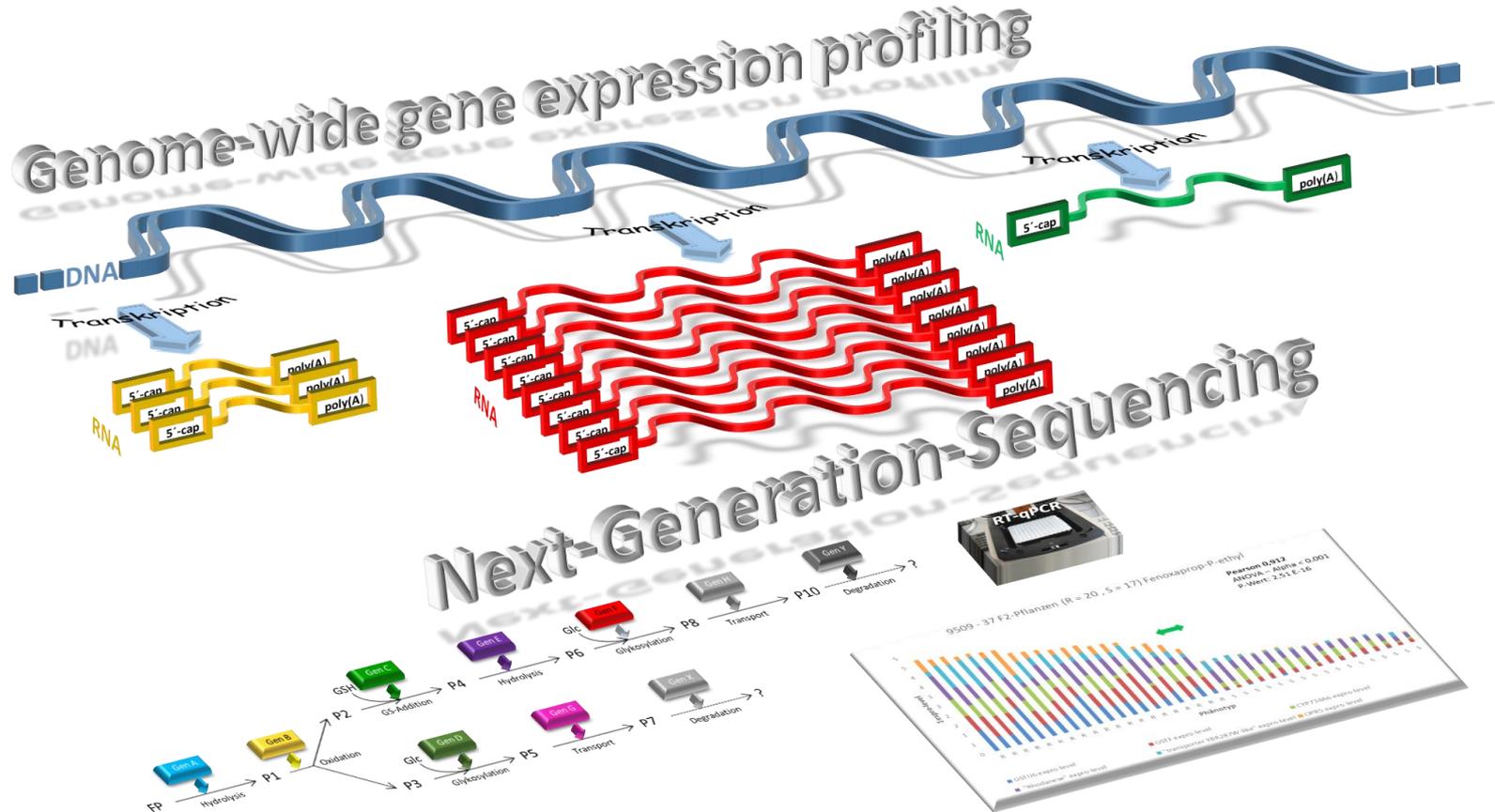


# Workshop Molekulare Pflanzenzüchtung – GfPB

## Transkriptomanalyse zur Identifizierung neuer molekularer Marker für Vicin/Convicin-arme Ackerbohnen („Abo-Vici“ Projekt)



# Genomics

Entwicklung von diagnostisch oder züchterisch nutzbaren Markern  
aus „differentiellen“ Fragestellungen

## Klassische Genetik

Definiertes Pflanzenmaterial  
[Kooperationspartner]

## Transkriptomik

Genomweite Genexpressionsanalyse  
via *NextGen*-Sequenzierung  
[Service-Provider]

## Molekulare Marker

qPCR-Analysen & Statistik

## Validierung

Auswertung / Bewertung der  
Kandidatengene

## Bioinformatik

# Eiweiß-reiche Ackerbohne (*Vicia faba*)

*Synonyme: Saubohne, Dicke Bohne, Fababohne, Pferdebohne*  
=> traditionelle Hülsenfrucht der Alten Welt

Ackerbohnnensamen: => Samen-Proteingehalt (circa 30%)

Nahrungsmittel (gering)



Futterzusatz (hauptsächlich)



- ⇒ Sameninhaltsstoffe „**Vicin** und **Convicin**“ mit **anti-nutritiver** Wirkung
- ⇒ Machen ca. 1% der Trockenmasse in den Kotyledonen aus

# Warum Vicin/Convicin-arme (Winter)-Ackerbohnen?



**Winter-Ackerbohnen** (*Vicia faba* L.) haben

- deutlich höheres Ertragspotential
- höhere Trockentoleranz
- geringere Anfälligkeit gegen Schädlinge

...als **Sommer-Ackerbohnen**

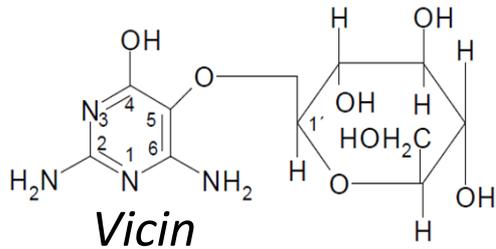
...**aber einen zu hohen Vicin/Convicingehalt**



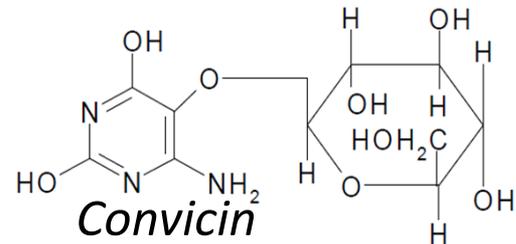
Züchtung neuer Vicin/Convicin-armer Winter-Ackerbohnen:

- eine Mutation ist bekannt (exkl. in Sommer-Sorte) => **1/20tel des normalen V/C-Gehaltes**
- keine geeignete Schnellmethode für die Auslese auf niedrigen V/C-Gehalt
- Marker-gestützte züchterische Auslese („MAS“) noch nicht etabliert

# Abo-Vici-Projekt: Molekulargenetische Ziele



1) Identifizierung eng(er) gekoppelter SNP-Marker für Vicin/Convicin-Armut

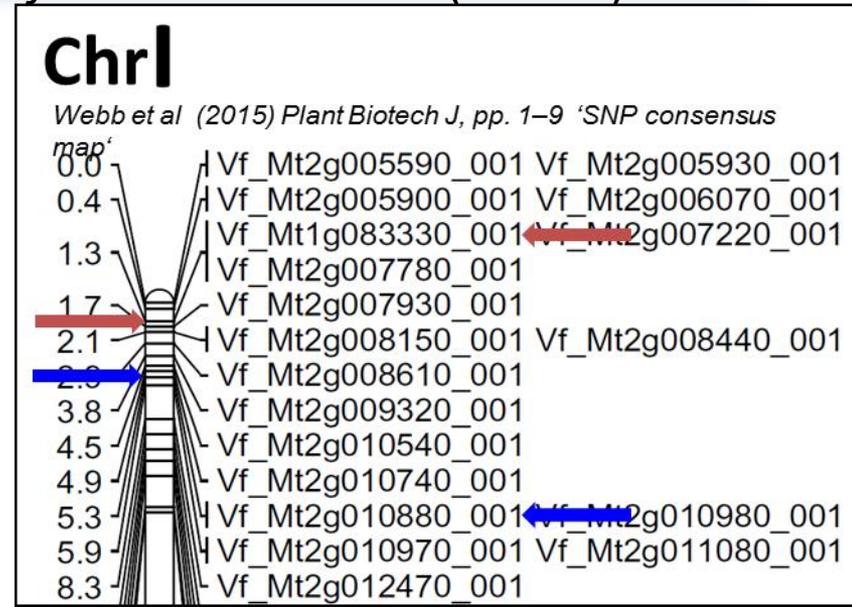


2) Identifizierung von Kandidatengenem für die Vicin/Convicin-Biosynthese

**Antinutritive Pyrimidin-Glucoside**

# Grundlagen der Vicin/Convicin-Armut in *Vicia faba* I

- Vicin/Convicinarmut folgt dem Mendelschen Vererbungsschema: v-/c- = rezessiv, d.h. der zugehörige Genlocus muss homozygot (beide Allele mutiert) vorliegen, ansonsten Ausprägung eines intermediären oder Wildtyp-Phänotyps bzgl. Vicin/Convicin-Gehalt.
- Vicin/Convicin-Armut gilt als monogene Eigenschaft; nur eine Mutante/Quelle derzeit bekannt => Sommer-Ackerbohne 1268(4)(1) INRA, G.Duc. => Ein Gen oder wenige, streng gekoppelte Gene
- QTL-Kartierung => kurzer Arm von *Vicia faba* Chromosom I (3.6 cM)



# Mögliche Ursachen der Vicin/Convicin-Armut in *Vicia faba*

bis dato ist der Vicin/Convicin Biosyntheseweg unbekannt!

## Hypothetische De-Regulation des Vicin/Convicin-Biosyntheseweges

- V/C-Abbau beschleunigt durch erhöhten Metabolismus?
- V/C-Synthese verlangsamt durch reduzierte Biosyntheserate?
- Expression eines beteiligten Regulators verändert (Kontrolle des Pathways)
- Expression einzelner Enzyme verändert => mRNA-Spiegel, Proteinspiegel
- Strukturveränderungen in (unbekannten) Enzymen des V/C-Pathways

# Methodischer Ansatz: genomweite Genexpressionsanalysen

## Transkriptomanalysen => “mRNA-Daten”

Suche nach signifikanten Unterschieden zwischen Wildtyp- und V/C-armen *V. faba*

- mRNA-Expressionsunterschiede (differentielle Genexpression)
- SNPs (u.a. strukturelle Unterschiede in kodierenden Bereichen)
- Insertionen/Deletionen (u.a. strukturelle Unterschiede in kodierenden Bereichen)

# Verwendetes Pflanzenmaterial (NILs-F<sub>6</sub>)

## Zwei "NPZ"-Paare

1: „VC.14.8099-843-2“ ► **niedrig V+C** „VC.14.8099-843-3“ ► **hoch V+C**

2: „VC.14.8099-848-3“ ► **niedrig V+C** „VC.14.8099-848-4“ ► **hoch V+C**

## Zwei "Finnland"-Paare (Khazaei et al. 2015)

3: „(Mélodie/2xILB938/2)-139-1“ ► **niedrig V+C** „(Mélodie/2xILB938/2)-139-2“ ► **hoch V+C**

4: „(Mélodie/2xILB938/2)-201-3“ ► **niedrig V+C** „(Mélodie/2xILB938/2)-201-4“ ► **hoch V+C**

## Verwendung des Pflanzenmaterials:

- **Nah-isogene *V. faba* Geschwisterlinien** mit kontrastierendem Vicin/Convicin-Gehalt, d.h. homozygot „Mutante“ bzw. WT bzgl. des Vicin/Convicin-Locus.
- **2 Paare (1x NPZ und 1x Finnland)** für **vergleichende Transkriptom-Analysen** => bestmögliche Fokussierung auf die Gemeinsamkeit „niedrig V+C“
- **Alle 4 Paare (2x NPZ und 2x Finnland)** für **Expressionsanalysen** via RT-qPCR => **Verifizierung** (sequenziertes Material) und **Validierung** an nicht-sequenziertem Material

# Verwendetes Pflanzenmaterial II

## Unreife Samenschale als Ort der Vicin/Convicin-Biosynthese



### Getrennte Ernte von...

- Samenschalen Stadium 4, 5 und 6
- Embryos (Negativ-Kontrolle)
- ...in Göttingen, schockgefrieren in N<sub>2</sub> und Verschicken auf gefrorenem CO<sub>2</sub> nach Neustadt zur weiteren Verarbeitung...

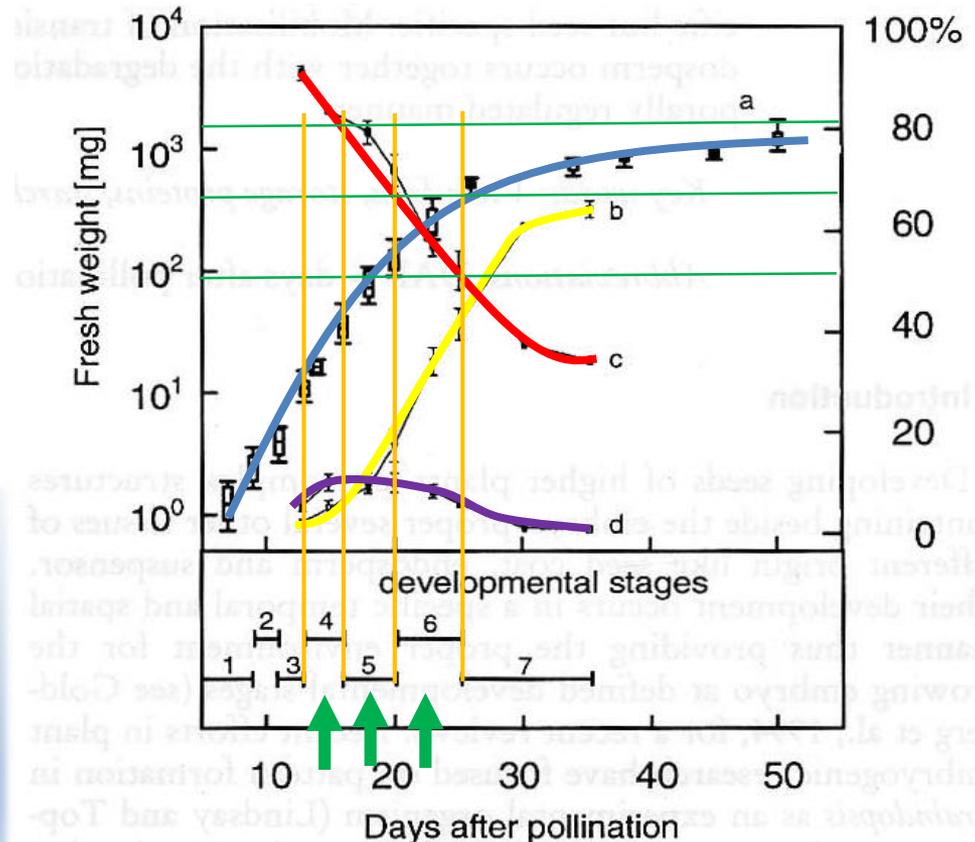


Fig. 1: Growth parameters of seed development throughout developmental stages 1–7: fresh weight of the whole seed (a) and the proportion of the fresh weight of embryo (b), seed coat (c) and endosperm (d) in per cent of total seed fresh weight.

# Material für die Transkriptom-Analyse zweier nah-isogener Paare mit kontrastierendem V/C-Gehalt

X Göttingen

X NPZ-Lembke

Nah-isogene F<sub>6</sub>

Nah-isogene F<sub>6</sub>

139-1

139-2

848-3

848-4



niedrig



hoch



niedrig



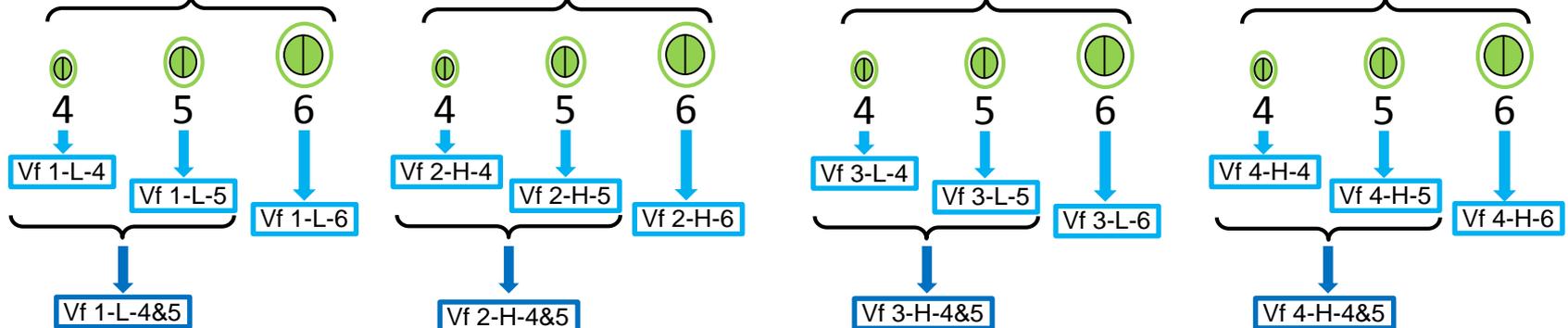
hoch

vc<sup>-</sup>/vc<sup>-</sup>

VC<sup>+</sup>/VC<sup>+</sup>

vc<sup>-</sup>/vc<sup>-</sup>

VC<sup>+</sup>/VC<sup>+</sup>



12 x MACE p(A)

4 x RNASeq

p(A)



- 3'-basierte SNPs („low“ versus „high“)
- Genexpression separat für Stadium 4, 5 und 6

- SNPs über die gesamte mRNA („low“ versus „high“)
- Genexpression für gepoolte Stadien 4 & 5
- InDel-Analyse über die gesamte mRNA

## Testa-spezifisches *V. faba*-Referenz-Transkriptom

- Assemblierung aus 12 MACE- und 4 RNASeq-Datensätzen
- **Längster Contig** **15752 b**
- **Kürzester Contig** **201 b**
- **Mittlere Contig-Länge** **859 b**
- **N<sub>50</sub>** **1520 b**
- **Alle assemblierten Contigs** **52916**
- **Alle assemblierten Basen** **45.465.399 b**

# Testa-spezifische *V.faba*-Expressionsdaten

## RNASeq & MACE - Expressionsdaten

- All Contigs 53384
- RNASeq only 13975
- MACE only 666
- RNASeq-Contigs 52718
- MACE-Contigs 39409
- **RNASeq & MACE Contigs 38743**

=> **Schnittmengenbetrachtung** von 38743 Contigs aus RNASeq- und MACE-Daten. Zwei verschiedene Sequenziermethoden (statt drei „echter“ technischer Replikate) ergibt eine bessere Absicherung der Kandidaten-Ergebnisse.

## Enzyme der Pyrimidin-de-novo-Synthese

Gen	Enzym	Name	
carA/carB	CPSase	Carbamoylphosphat-Synthetase	√
pyrB	ATCase	Aspartat-Transcarbamoylase	√
pyrC	DHOase	Dihydroorotase	√
pyrD	DHODH	Dihydroorotat-Dehydrogenase	√
pyrE-F	OPRTase	Orotat-Phosphoribosyltransferase	√
pyrE-F	ODCase	Orotidin-5'-Phosphat-Decarboxylase	√

=> **Keine** differentielle Expression oder homozygote SNPs detektiert

# Testa-spezifische *V.faba*-Expressionsdaten RNASeq & MACE

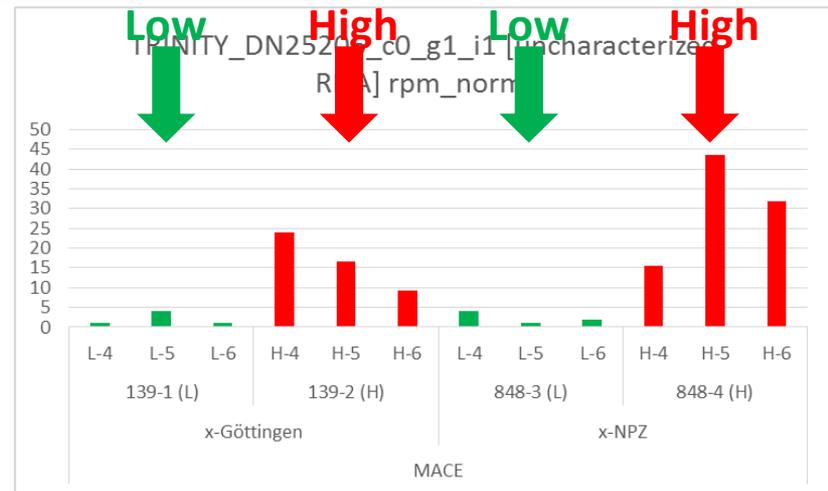
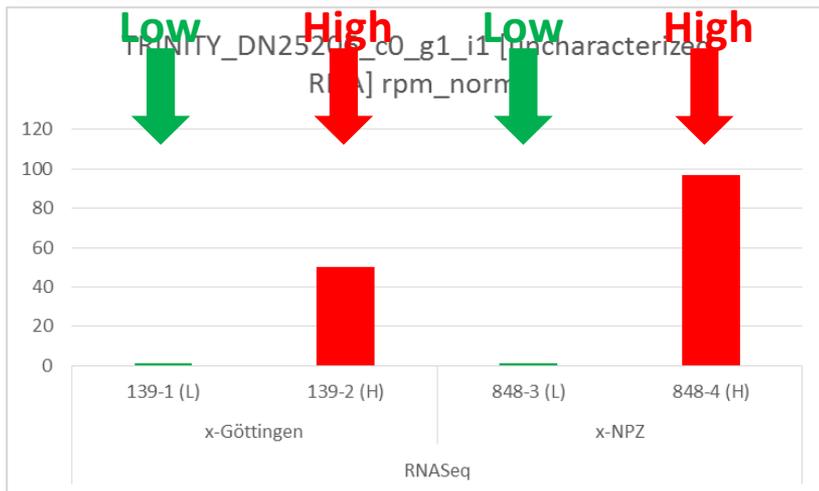
Kandidatengene, die in beiden Vicin-haltigen Linien stärker exprimiert sind

d.h. Reduktion oder Ausfall einer Genfunktion durch die Mutation

Differentielle Expression: High[Stadium 4 & Stadium 5] >> Low[Stadium 4 & Stadium 5]									
High/Low	RNASeq			MACE			RNASeq und MACE		
	x-Göttingen	x-NPZ		x-Göttingen	x-NPZ		x-Göttingen	x-NPZ	
	139-2/139-1	848-4/848-3	139 & 848	139-2/139-1	848-4/848-3	139 & 848	139-2/139-1	848-4/848-3	139 & 848
> 3	1736	2285	335	740	794	56	334	480	36
> 5	636	870	60	222	244	11	128	176	7
>10	214	254	12	71	56	1	43	41	1
>50	55	31	3	9	2	1	7	2	1
>100	24	20	2	5	0	0	4	0	0

$\Sigma=355$

In vielen Fällen ist im Referenztranskriptom für differentielle Kandidaten noch keine gesicherte Genfunktion hinterlegt => „uncharacterized RNA“ & kartiert nicht auf M.t.

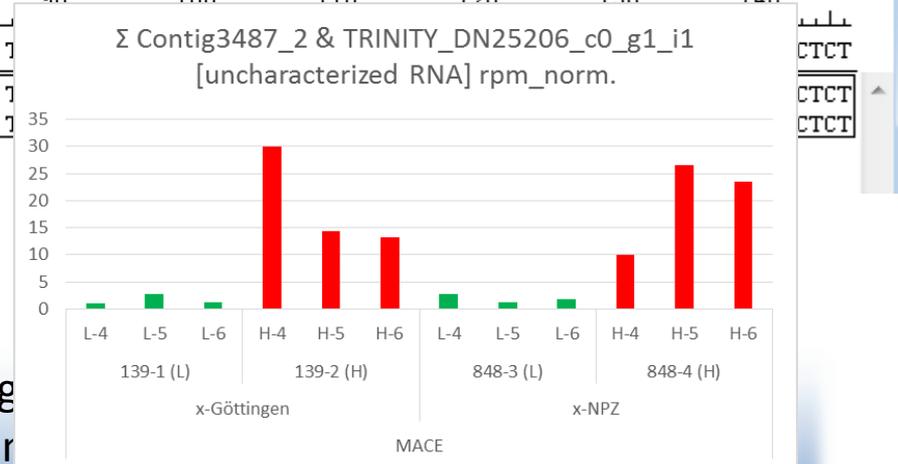
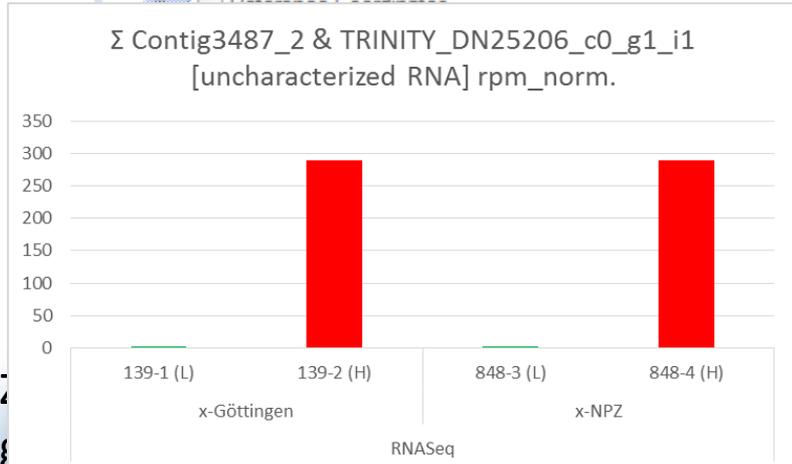
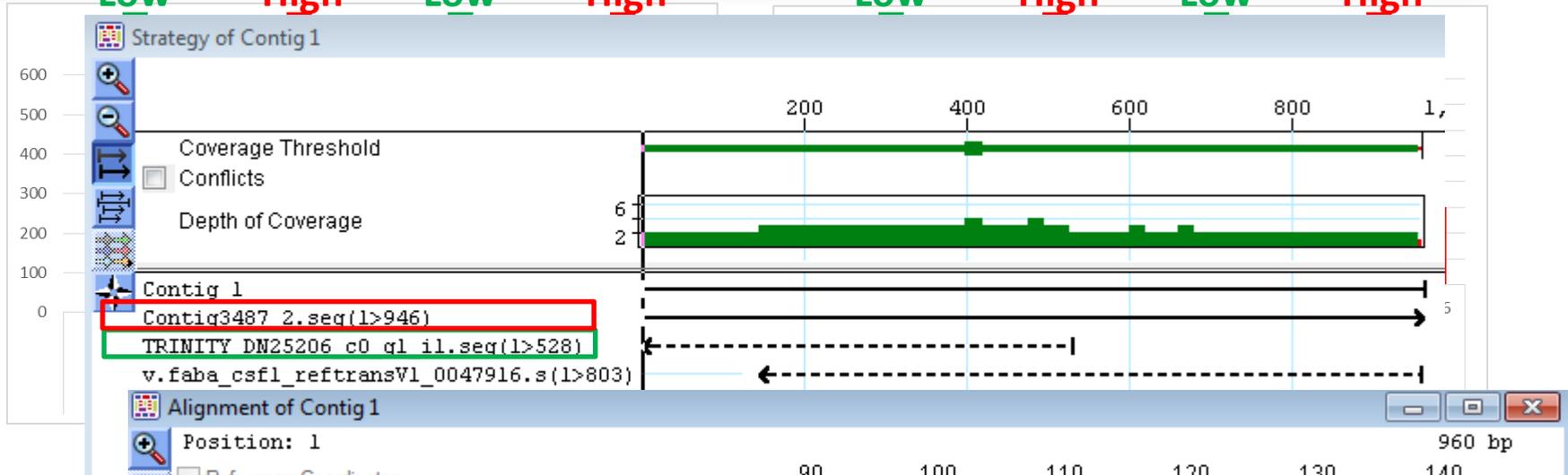


# Testa-spezifische *V.faba*-Expressionsdaten RNASeq & MACE

Kandidatengene, die in beiden Vicin-haltigen Linien stärker exprimiert sind

„uncharacterized“, überlappende Contigs am Bsp. ContigTRINITY\_DN25206 und Contig3487

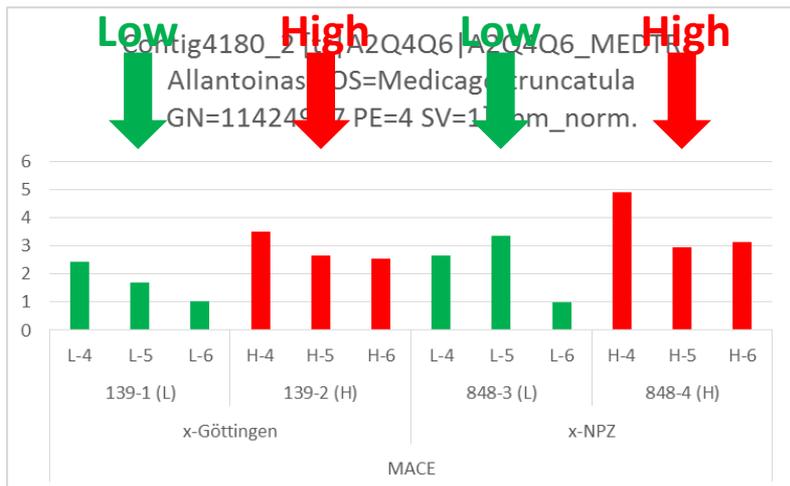
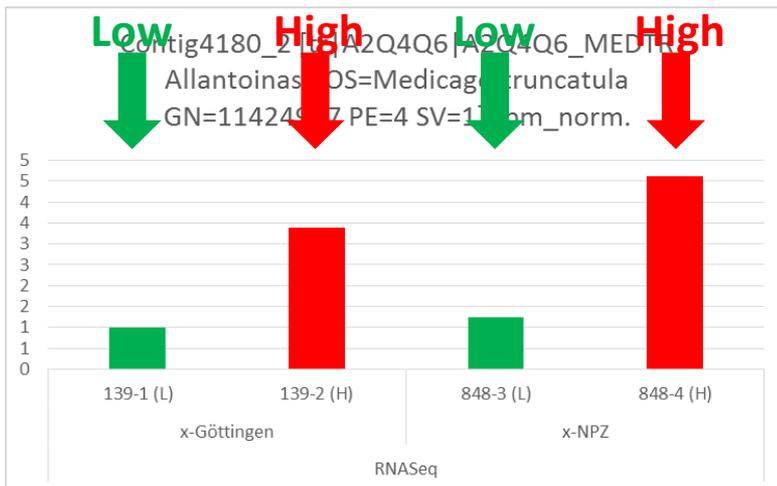
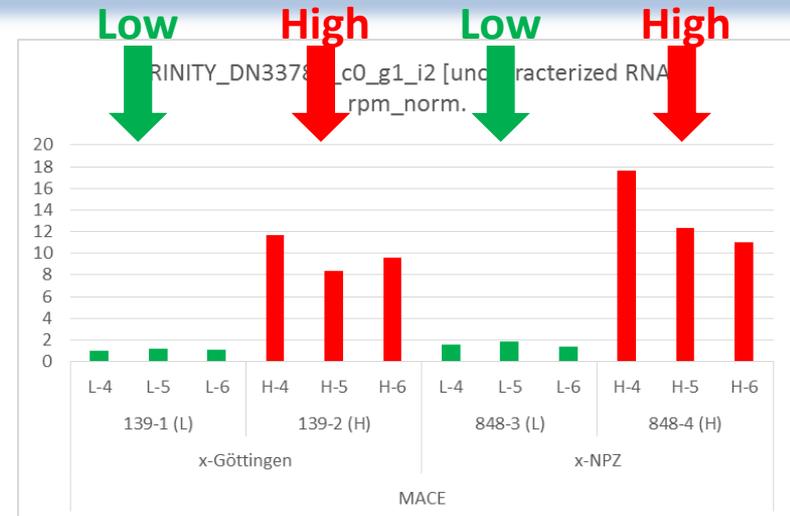
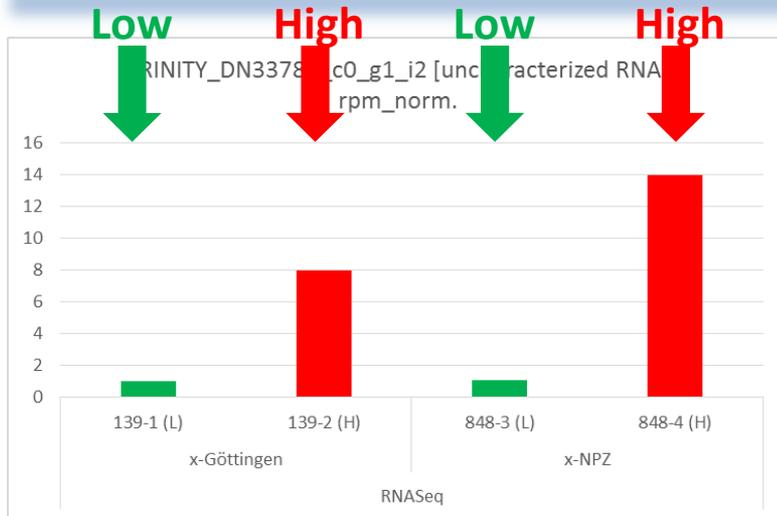
Low High Low High Low High Low High



# Testa-spezifische *V.faba*-Expressionsdaten RNASeq & MACE

Kandidatengene, die in beiden Vicin-haltigen Linien stärker exprimiert sind

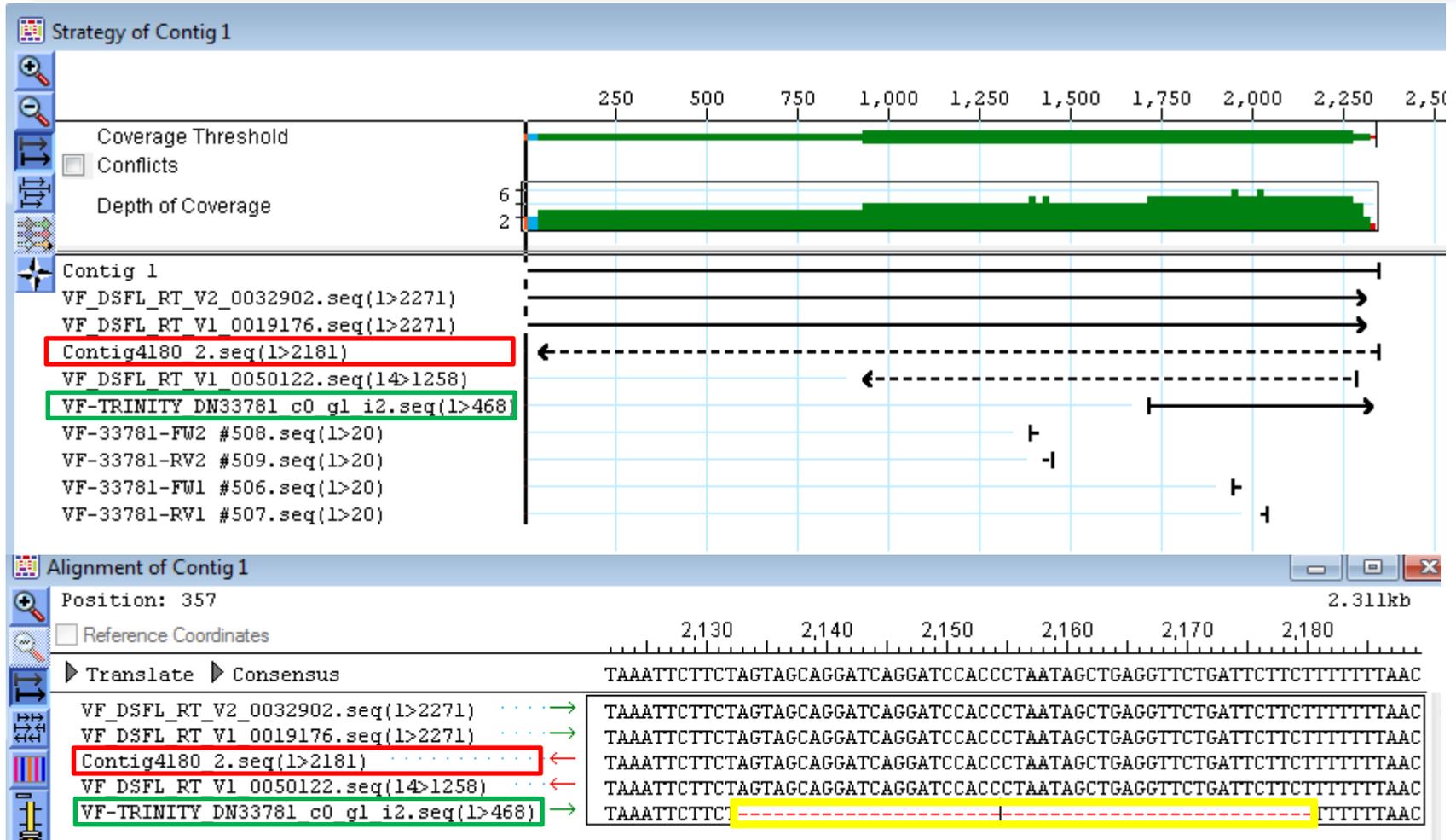
überlappende Contigs: TRINITY\_DN33781\_c0\_g1\_i2 „uncharacterized“, und Contig4180\_2 annotiert & Mt2



# Testa-spezifische *V.faba*-Expressionsdaten RNASeq & MACE

Kandidatengene, die in beiden Vicin-haltigen Linien stärker exprimiert sind

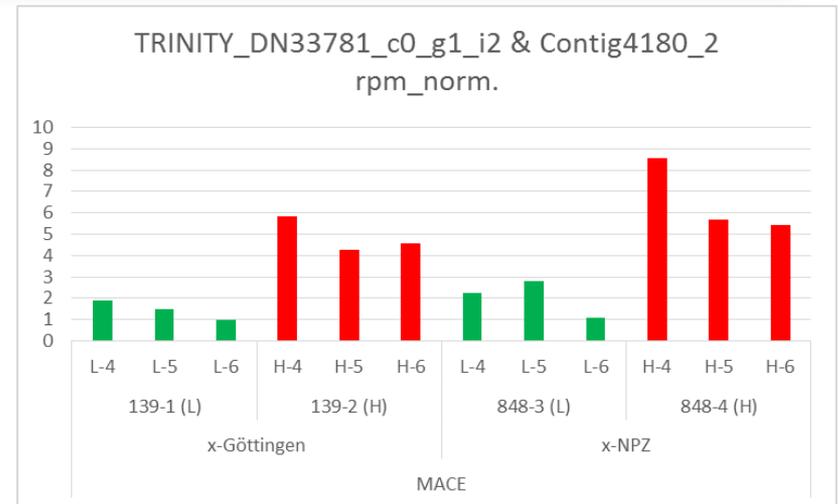
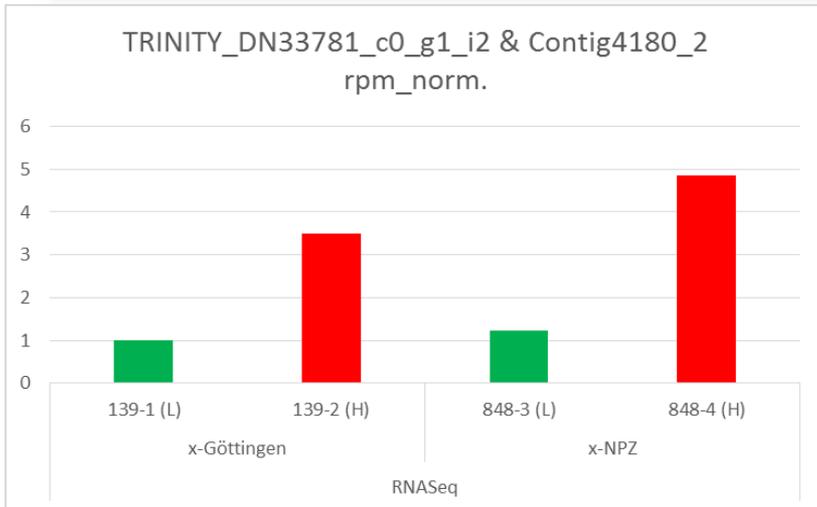
überlappende Contigs: TRINITY\_DN33781\_c0\_g1\_i2 „uncharacterized“, und Contig4180\_2 annotiert & Mt2



# Testa-spezifische *V.faba*-Expressionsdaten RNASeq & MACE

**Kandidatengene, die in beiden Vicin-haltigen Linien stärker exprimiert sind**

überlappende Contigs: TRINITY\_DN33781\_c0\_g1\_i2 „uncharacterized“, und Contig4180\_2 annotiert & Mt2



Zwei Contigs, die „zusammengehören“ und wegen einer 48 bp-InDel getrennt assembliert wurden => zwei Allele, die leicht unterschiedliche 3'-Enden haben, oder zwei sehr ähnlich /identische Mitglieder einer Genfamilie?

=> in der Summe **bleibt die Differentialität erhalten** und eine Funktion kann beiden Contigs zugeordnet werden => put. „Allantoinase“.

Contig 4180 kartiert auf Mt2 (Syntänie zu Vf-Chr.1!).

# Testa-spezifische *V.faba*-Expressionsdaten RNASeq & MACE

Kandidatengene, die in beiden Vicin-haltigen Linien stärker exprimiert sind

Contig TRINITY\_DN33781\_c0\_g1\_i2 und Contig4180\_2: Allantoinase eine möglicher Kandidat?

Copenhagen Plant Science Centre > Meet the Scientists > Fernando Geu-Flores Lab >

## Allantoinase

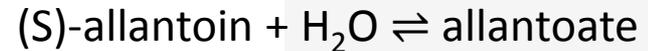
Biosynthesis of pyrimidine glucosides in beans

From Wikipedia, the free encyclopedia

Faba beans are nitrogen-fixing legumes in the Northern Hemisphere. In order to unleash their full potential, new traits must be developed. One crucial trait is the biosynthesis of pyrimidine glucosides vicine and convicine, both of which are allergens. The bean suffers from favism.

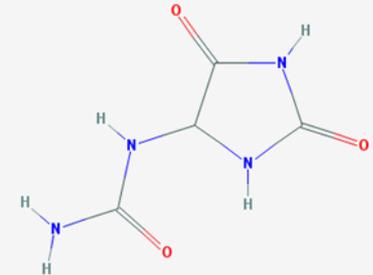
### Contact

In enzymology, an **allantoinase** (EC 3.5.2.5) is an enzyme that catalyzes the chemical reaction



Associate Professor  
Fernando Geu-Flores

feg@plen.ku.dk

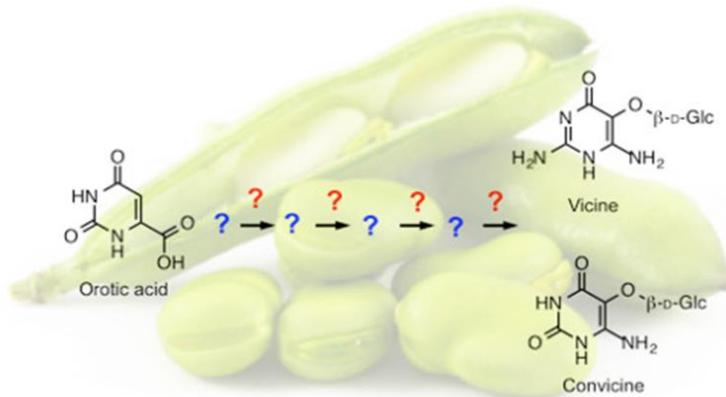


**(S)-allantoin amidohydrolase.** This enzyme participates in purine metabolism.

"Die menschlichen Nahrungs- und Genussmittel, ihre Herstellung ... von J. König" S.94:

Durch Oxydation mit Salpetersäure geht **Vicin**  $\text{C}_8\text{H}_{15}\text{N}_3\text{O}_6$  in **Allantoin**  $\text{C}_4\text{N}_4\text{O}_2\text{H}_7$  über. Hieraus erhält man **Konvicin**  $\text{C}_{10}\text{H}_{15}\text{N}_3\text{O}_6 \cdot \text{H}_2\text{O}$  in **Alloxantin**  $\text{C}_8\text{H}_6\text{N}_4\text{O}_8 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$  über.

Hieraus erhellt die nahe Beziehung zwischen **Vicin** und Konvicin. Letzteres ist wahrscheinlich ebenfalls ein Glukosid.

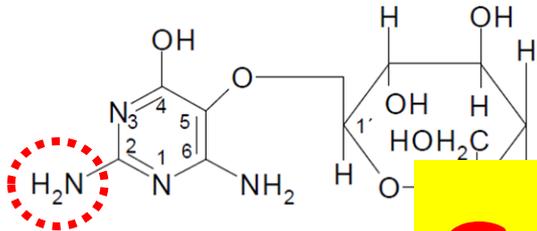


The biosynthetic pathway towards the pyrimidine glucosides vicine and convicine in beans. We aim at the identification of all intermediates in the pathway (blue question marks) and the enzymes/genes that interconvert them (red arrows).

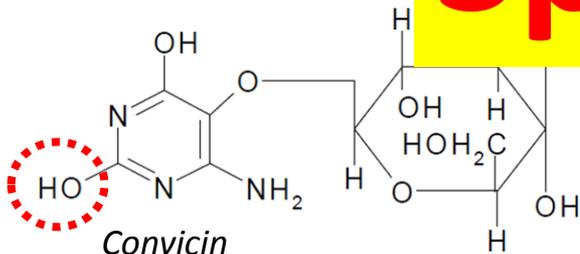
d.h. chemisch gibt es einen Weg, wie Vicin und Convicin mit Allantoin und Alloxantin in Verbindung stehen könnte...

# Umwandlung von Vicin & Convicin

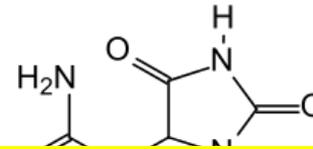
2,6-diamino-4,5-dihydroxypyrimidine



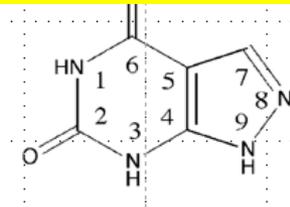
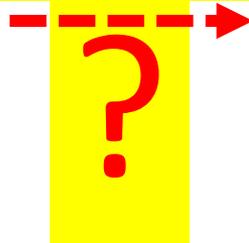
Vicin



Convicin

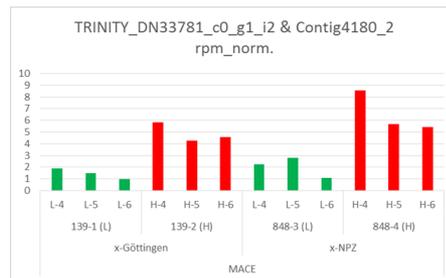


**Spekulation!**



Alloxathin

6-amino-2,4,5-trihydroxypyrimidine



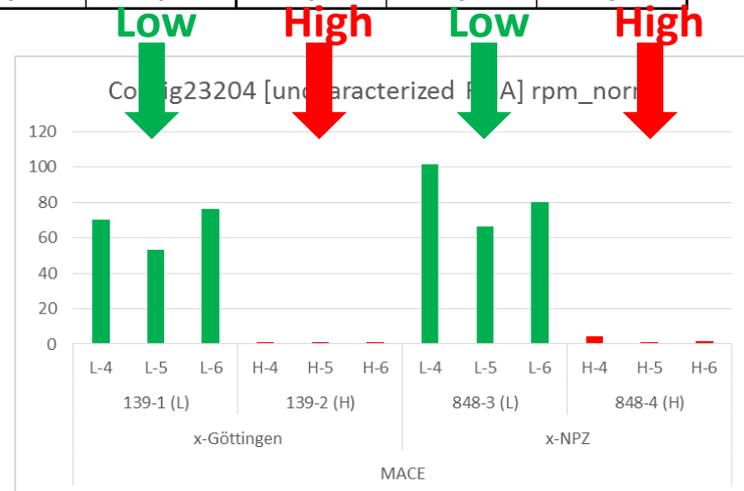
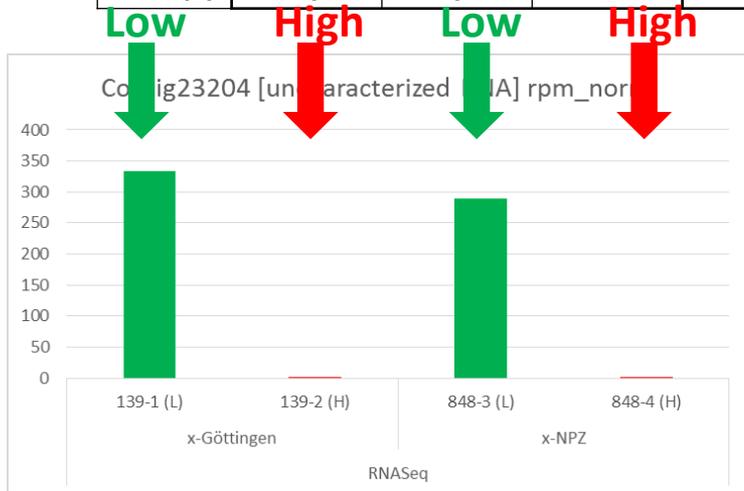
# Testa-spezifische *V.faba*-Expressionsdaten RNASeq & MACE

Kandidatengene, die in beiden Vicin-armen Linien stärker exprimiert sind

z.B. Überexpression eines negativen Regulators, erhöhter Metabolismus

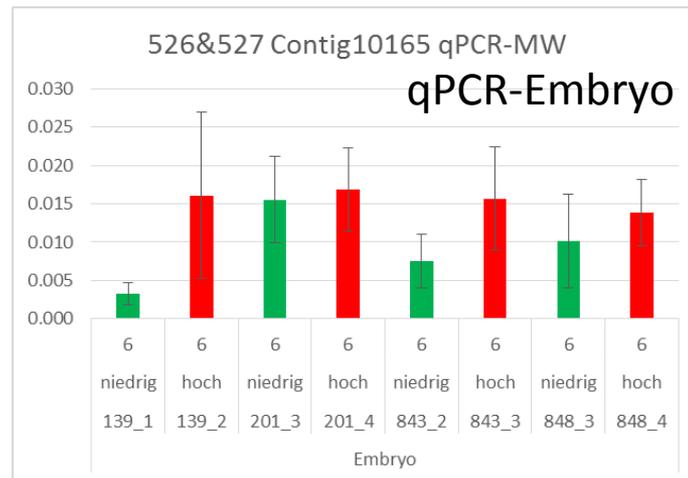
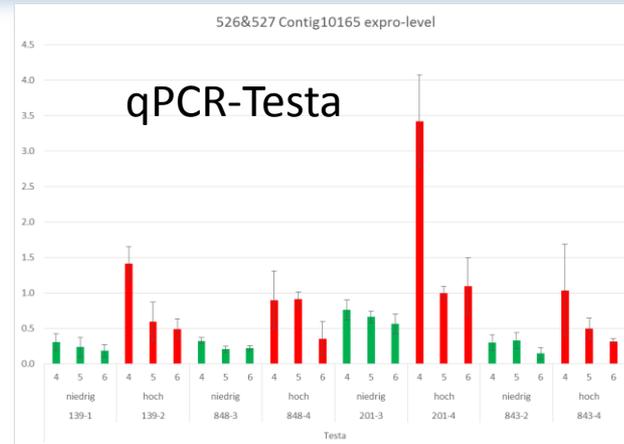
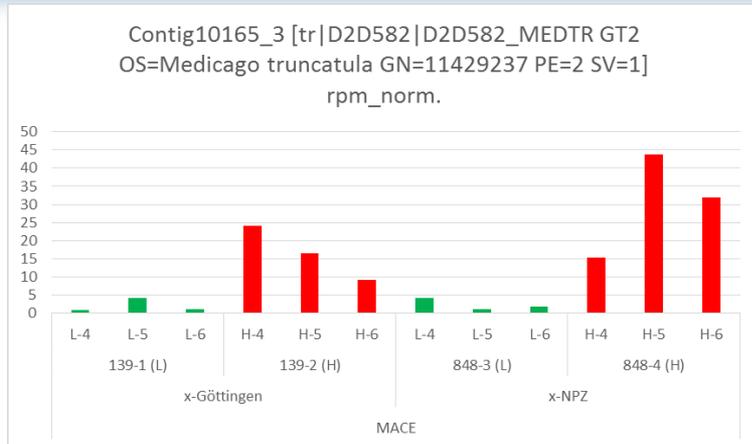
Differentielle Expression: High[Stadium 4 & Stadium 5] << Low[Stadium 4 & Stadium 5]									
	RNASeq			MACE			RNASeq und MACE		
	x-Göttingen	x-NPZ		x-Göttingen	x-NPZ		x-Göttingen	x-NPZ	
High/Low	139-2/139-1	848-4/848-3	139 & 848	139-2/139-1	848-4/848-3	139 & 848	139-2/139-1	848-4/848-3	139 & 848
< 0.3	1290	704	102	506	398	40	218	76	15
< 0.2	725	343	32	204	100	14	118	34	6
< 0.10	215	83	10	50	23	2	38	14	2
< 0.02	39	13	4	4	1	0	2	1	0
< 0.01	18	6	2	0	0	0	0	0	0

Σ=127



Unter den Kandidatengenen, die in Niedrig-Vicin-Variante eine erhöhte Expression aufweisen, befindet sich bisher kein gut annotiertes Gen...

# Testa-spezifische *V.faba*-Expressionsdaten RNASeq & MACE-Validierung



**Embryospezifische-Expression als zusätzlicher „Filter“:  
Expression wesentlich schwächer und differentielle Expression fraglich!**

# Testa-spezifische *V.faba*-Expressionsdaten RNASeq & MACE-Validierung

**Zwischenfazit:**

**Es erscheint sinnvoll, die Liste der potentiellen Kandidatengene (max.  $355 + 127 = 482!$ ) durch einen Vergleich mit Ergebnissen einer weiteren Transkriptom-Analyse von Hoch- versus Niedrig-Vicin Pflanzenpaaren weiter einengen zu können.**

- ⇒ Neues Pflanzenmaterial (Dez 2018 & Jan 2019).**
- ⇒ Zwei Bulks aus einer für V/C-segregierenden Rückkreuzung (BC3), „unverwandt“ mit NILs.**
- ⇒ Hochisogene Nachkommen (F8) aus den NILs (zwei niedrig-V/C & eine Hoch-V/C).**
- ⇒ Bioinformatik läuft aktuell...**

# Testa-spezifische *V. faba*-SNP-Daten

## Chromosom 2-kartierbare & nicht (NA) auf *M. truncatula* kartierbare SNPs

		MACE-SNPs (M.truncatula Chr.2)		
von		100,001	390001	1,860,001
bis		45,550,001	3,980,001	2,530,001
<b>homozygous strict</b>		139	128	42
different contigs		65	60	18
single SNP/contig		30	27	8
multiple SNPs/contig		35	33	10

MACE SNPs			
"NA"	"139"	"848"	138&848
all SNPs	798	385	
strikt homozygot	108	47	
common contigs	5	5	4

		RNASeq-SNPs (M.truncatula Chr.2)		
von		100,001	390001	1,860,001
bis		45,550,001	3,980,001	2,530,001
<b>homozygous strict</b>		394	393	118
different contigs		113	112	31

RNASeq-SNPs			
"NA"	"139"	"848"	139 & 848
all SNPs	8153	6661	
strikt homozygot	662	402	
common contigs	28	28	21

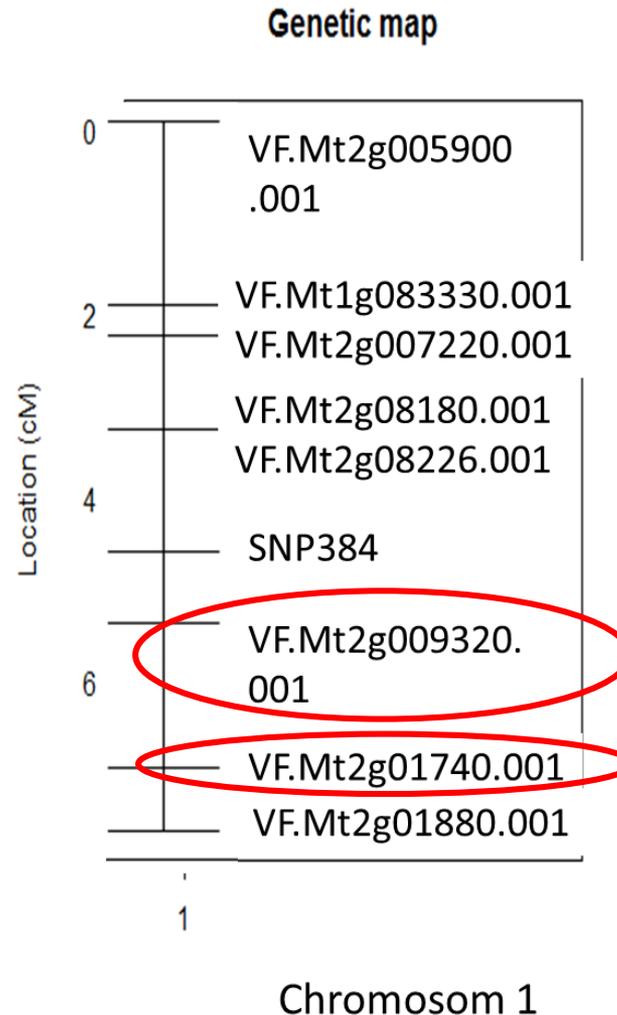
SNPs, die sowohl in den RNASeq-Daten als auch in den MACE-Daten gefunden wurden:

72 (erweiterter) bzw. 22 (enger Bereich) SNPs

=> Liste an AG Link zur Validierung möglicher Marker für Vicin/Convicin-Gehalt

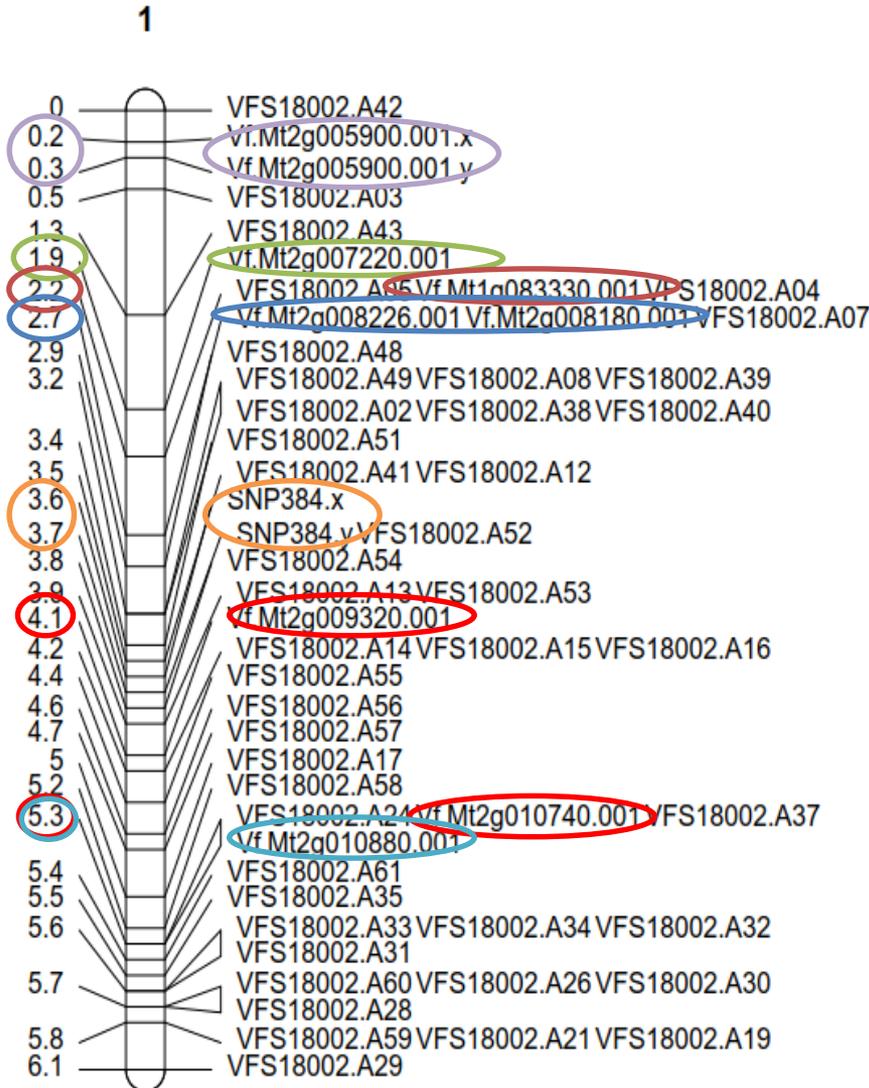
# Testa-spezifische *V. faba*-SNP-Daten => Marker I

Genetische Karte für Mel\*ILB mit Vicin-Gehalt als phänotypischem Marker, bisher bekannte SNP-Marker



# Testa-spezifische *V. faba*-SNP-Daten => Marker II

## Genetische Karte mit neuen Markern



Genetische Karte für Mel\*ILB mit Vicin-Gehalt als phänotypischem Marker:

**10 MACE/RNASeq basierte SNP-Marker liegen zwischen den beiden den V/C-Lokus flankierenden Markern und segregieren „eigenständig“**

Farbig markierte Marker stammen aus vorherigen Kartierungsarbeiten.

# Testa-spezifische *V. faba*-Daten – Ray et al. 2015

Published March 13, 2015

THE PLANT GENOME ■ MARCH 2015 ■ VOL. 8, NO. 1

ORIGINAL RESEARCH

## Faba Bean: Transcriptome Analysis from Etiolated Seedling and Developing Seed Coat of Key Cultivars for Synthesis of Proanthocyanidins, Phytate, Raffinose Family Oligosaccharides, Vicine, and Convicine

Heather Ray, Cheryl Bock, and Fawzy Georges\*

- **SSNS-1 and CDC Fatima (beide WT-Vicin) versus A01155 (Niedrig-Vicin)**
- **U.a. Samenschalen-Transkriptomanalysen (454-Sequenzierung)**
- **=> Liste von 6 möglichen Kandidaten für Vicin/Convicin-Biosynthese**
- **keine einleuchtende Verbindung der Contigs zur Vicin/Convicin-Biosynthese ersichtlich**
- **Anhand der Sequenzdaten Suche der zugehörigen Contigs in unseren Datensätzen**

# Testa-spezifische *V. faba*-Daten – Ray et al. 2015

Table 3. Faba Bean (*Vicia faba* L.) candidate sequences for involvement in vicine or convicine synthetic pathway as shown by reduced expression in 'A01155' (low-tannin,  $vc^-$ ) tissues relative to higher expression in 'CDC Fatima' and 'SSNS-1' ( $vc^+$ ) tissues. Contig identification number refers to assembly of all A01155 tissues together. Sequences shown in Supplemental Table S14.

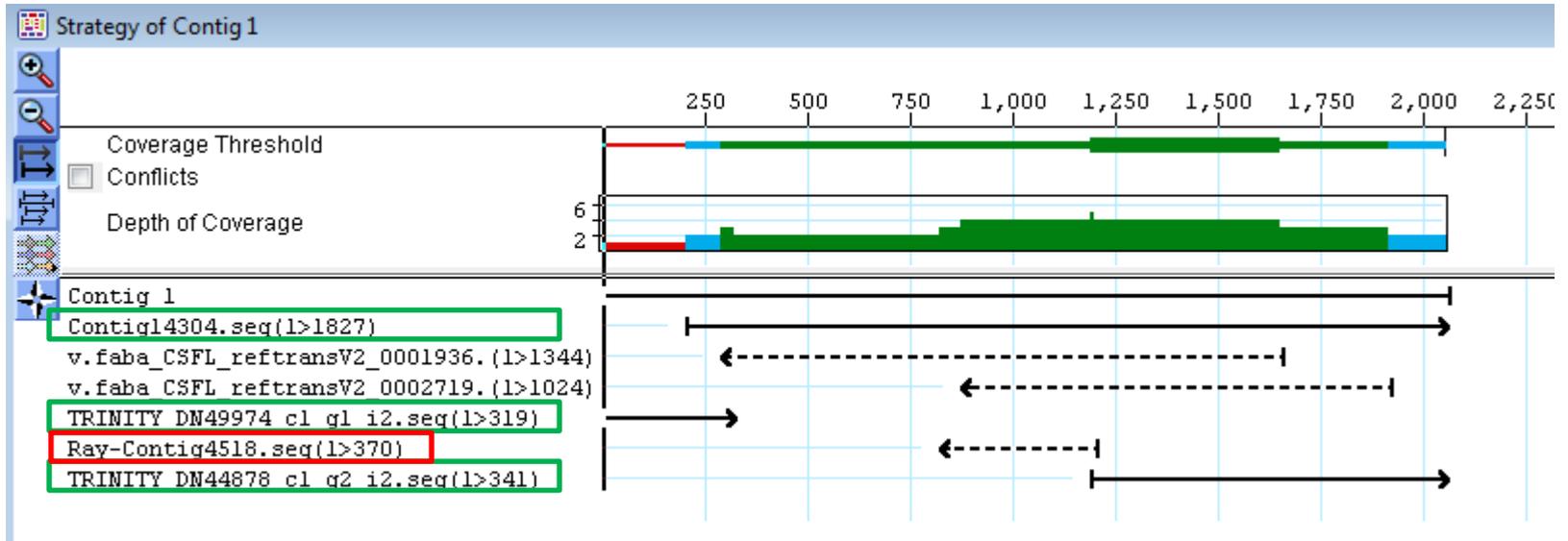
Contig number	Number of transcripts <sup>†</sup>									Length bp	BLASTx best hit	E-value
	Shoot			Root			Seed coat					
	F	S	A	F	S	A	F	A				
1899	10	1	0	8	6	0	99	0	512	Predicted: uncharacterized protein At5g39570-like isoform X2 ( <i>Cicer arietinum</i> L.)	10 <sup>-12</sup>	
299	18	4	0	21	6	0	30	2	449	14-3-3 protein [ <i>Vigna angularis</i> (Willd.) Ohwi & H. Ohashi]	10 <sup>-86</sup>	
412	15	31	4	16	12	1	32	0	1271	Predicted: UDP-arabinopyranose mutase 2-like ( <i>Cicer arietinum</i> L.)	0	
<b>4518</b>	24	18	3	12	19	3	<b>18</b>	<b>3</b>	370	Predicted: reticuline oxidase-like protein-like ( <i>Cicer arietinum</i> L.)	10 <sup>-71</sup>	
4684	19	54	0	7	7	0	183	0	429	Ovary protein induced by treatment with gibberellic acid ( <i>Pisum sativum</i> L.)	0.17	
4824	41	43	1	8	12	0	0	0	452	Hypothetical protein MTR_2g103170 ( <i>Medicago truncatula</i> Gaertn.)	10 <sup>-101</sup>	

<sup>†</sup> A, A01155; F, CDC Fatima; S, SSNSI.

- Zu allen Contigs gibt es korrespondierende Expressionsdaten in Abo-Vici-Daten
- Ein Eintrag (Contig 4518) ist auffällig und in unseren Daten differentiell.

# Testa-spezifische *V. faba*-Daten – Ray et al. 2015

## Kandidat Ray-Contig4518 - I

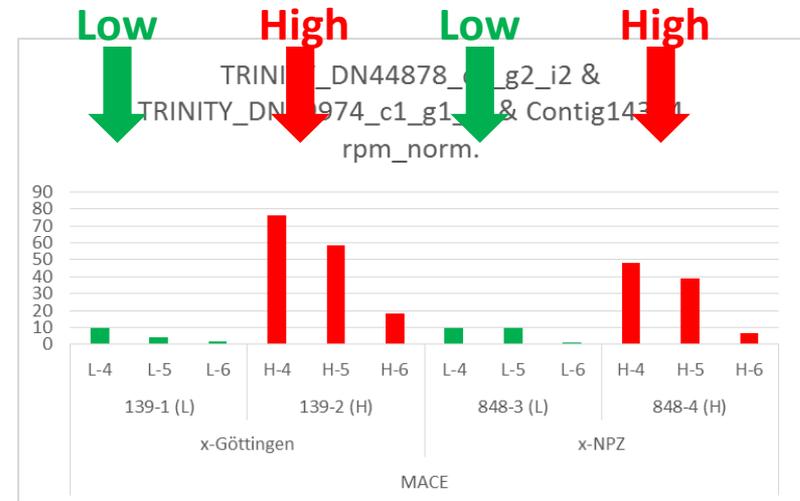
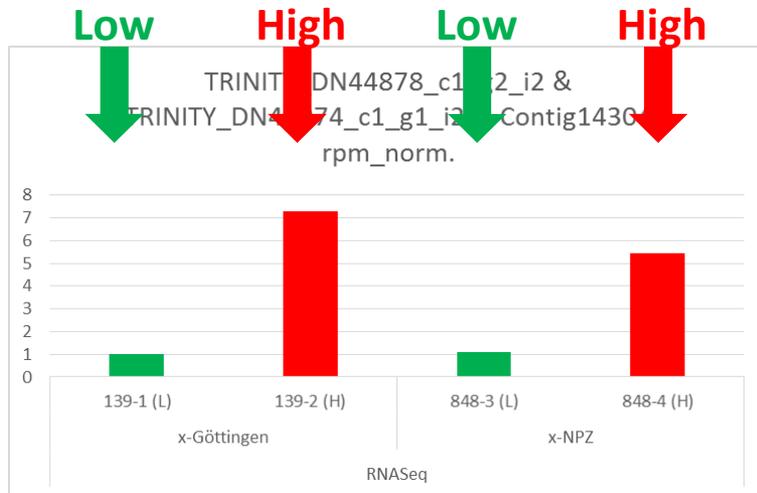


- Die 370 bp lange Sequenz des "Ray et al"-Contig 4518 (rot) passt zu unseren drei Contigs "14304", "TRINITY\_DN49974\_c1\_g1\_i2" und "TRINITY\_DN44878\_c1\_g2\_i2" (grün)
- Die Sequenzdaten legen nahe, dass alle drei unserer Contigs verwandt oder von einem Gen sind...
- Contig14304 TRINITY\_DN44878\_c1\_g2\_i2 (Region 1840001) und Contig14304 (Region 1850001) kartieren auf Mt Chr. 2
- Alle drei Contigs sind differentiell
- Für Contig14304 und TRINITY\_DN44878\_c1\_g2\_i2 finden sich SNPs in den RNASeq-Daten

# Testa-spezifische *V. faba*-Daten – Ray et al. 2015

## Kandidat Ray-Contig4518 - II

Expression laut Transkriptomanalyse



Annotation laut Abo-Vici Referenztranskriptom für Contig14304:

tr|G7IPL5|G7IPL5\_MEDTR 3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase OS=Medicago

truncatula GN=11418835 PE=3 SV=1, **aber Contig14304 kodiert ein bifunktionales Enzym (RibA):**

GO:0003935   

GTP cyclohydrolase II activity

Molecular Function

Definition (GO:0003935 GONUTS page)

Catalysis of the reaction: GTP + 3 H(2)O = 2,5-diamino-6-hydroxy-4-(5-phosphoribosylamino)-pyrimidine + diphosphate + formate + 3 H(+).

# Testa-spezifische *V. faba*-Daten – Ray et al. 2015

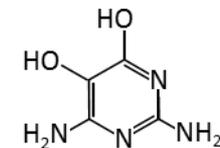
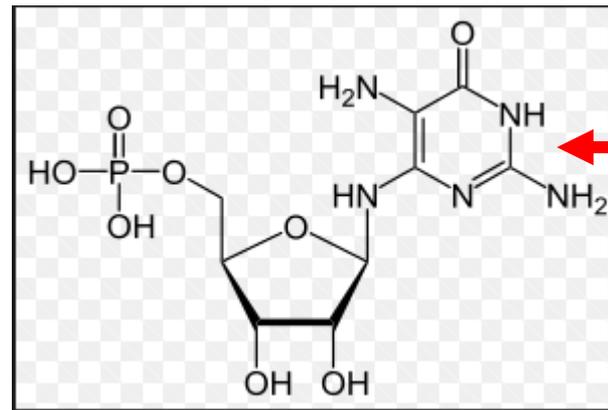
## Kandidat Ray-Contig4518 - III

Contig14304: 325..516

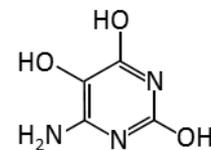
/region\_name="GTP\_cyclohydro2"

/note="GTP cyclohydrolase II (RibA). GTP cyclohydrolase II catalyzes the conversion of GTP to 2,5-diamino-6-riboseamino-4(3H)-pyrimidinone 5' phosphate, formate, pyrophosphate (APy), and GMP in the biosynthetic pathway of riboflavin. Riboflavin is the...; cd00641"

/db\_xref="CDD:238348"



Divicin



Isouramil

2,5-diamino-6-hydroxy-4-(5-phosphoribosylamine)-pyrimidine

### Ähnliche Struktur - Möglicher Bezug zur Vicin-Biosynthese?

# Testa-spezifische *V. faba*-Daten – 2te Transkriptom-Analyse



to be continued...



# Das Abo-Vici-Projekt



**Danke für Ihre Aufmerksamkeit**

**AlPlanta, wiss. Mitarbeiterin: Dr. Christina Querfurth**