

IDENTIFICATION

Species: *Gossypium raimondii*

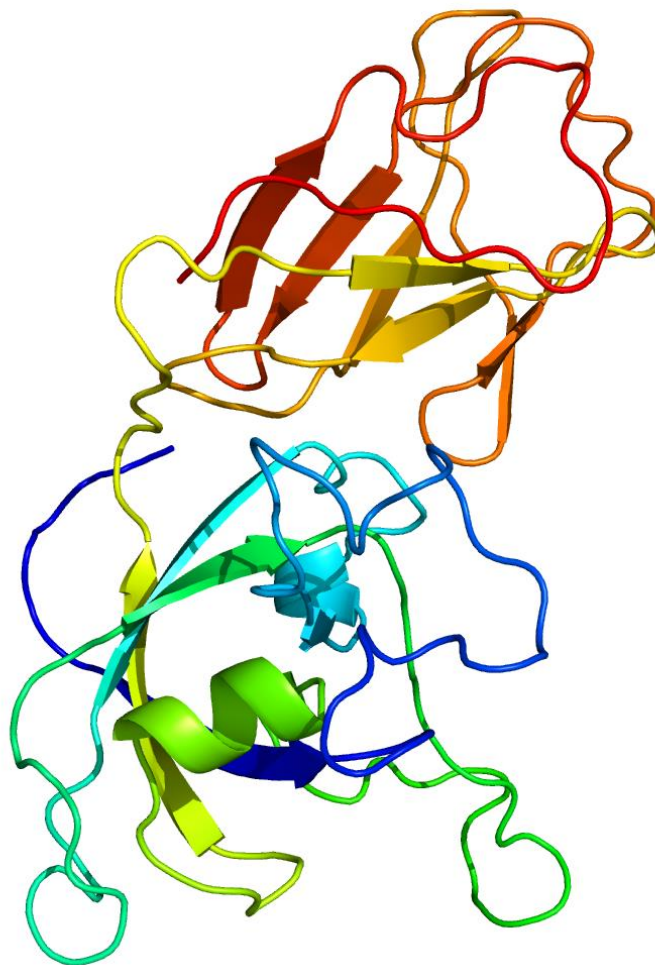
Locus: Gorai.002G257400

Gene Model: Gorai.002G257400.1

Description: GrEXPA-08

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Graimondii_v2_1

Kegg: <https://www.genome.jp/entry/T04129>

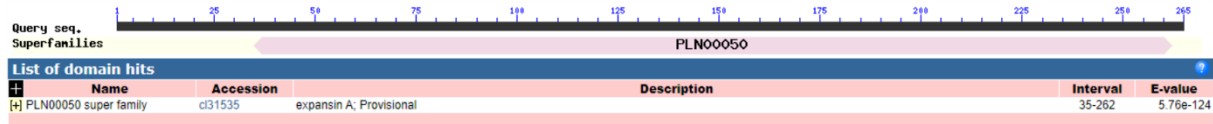
EXTERNAL RESOURCES

https://www.cottongen.org/species/Gossypium_raimondii/jgi_genome_221

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>GrEXPA-08

MATAASSSFTMLHLASLFSIFVLVNARIPGVYTGGSWETAHATFYGGSDASGTMGG
CGYGNLYSQGYGVNTAALSTALFNGLSCGACFEIKCANDPRWCHPGSPSIFITATNF
CPPNFALPSDNGGWCNPPRPHFDLAMPMLKIAEYRAGIVPVSFRRVPCRKQGGIRFT
INGFRYFNLVLITNVAGAGDIVKVSIGTNTGWTSMSRNWQGNWQSNVILVGQALS
RVKGS DKRTSTSWNVAPTNWQFGQTFTGKNFRY*

CDS (coding sequence)

>GrEXPA-08

ATGGCTACTGCTGCTTCATCTTCTTCTTACCATGCTTCATTTAGCTTCATTGTTC
TCCATTTTCGTATTAGTTAACGCAAGAATCCCCGGTGTTACACCGGTGGATCCTG
GGAAACTGCTCATGCCACTTCTATGGCGGCAGTGATGCTTCTGGCACAATGGGT
GGTGC GTGTGGATATGGGAATTTATACAGCCAAGGCTACGGTGTCAACACGGCG
GCTCTAAGCACCGCGTTGTTTAAACAATGGCCTTAGTTGCGGTGCTTGTTTTGAGAT
CAAATGTGCTAATGACCCGAGGTGGTGTATCCTGGTAGCCCTTCTATTTTCATCA
CCGCCACTAATTTCTGCCCTCCTAATTTTCGCTCTTCCCAGCGATAATGGTGGTTGG
TGTAACCCGCCACGGCCTCATTTTGACCTTGCCATGCCTATGTTTCTCAAGATCGC
TGAGTACCGTGCCGGTATTGTCCCCGTTTCTTTCCGACGAGTGCCGTGCCGAAAG
CAAGGGGAATACGATTCATCAACGGATTCCGTTACTTCAACTTGGTTTTAA
TCACCAACGTCGCGGGTGCTGGGGATATCGTGAAGGTGAGCATTAAAGGAACCA
ACACCGGTTGGACCAGCATGAGCCGGAAGTGGGGTCAAAGTGGCAATCCAACG
TCATTTTAGTTGGCCAAGCGCTGTCGTTTCGTGTCAAAGGCAGTGACAAACGAAC
TTCCACCTCTTGGAACGTGGCACCAACTAATTGGCAGTTTGGTCAAACCTTCACTG
GAAAGAATTTCCGTTATTAA

Nucleotide

>GrEXPA-08

AAATTTAATAAAATGTATTTTTTTTATATTTTAAAAGTGTGAAGTGATTCCCTTA
GCTTCTCAATAAGTACCCTGTACTCCTCATCTTCTTCTTACATTTTCATTTCGTCCCA
AAGAACATTTCTATTCCTCTTTTATACAAACAAAAACAATGGCTACTGCTGCTTC
ATCTTCTTCTTACCATGCTTCATTTAGCTTCATTGTTCTCCATTTTCGTATTAGTT
AACGCAAGAATCCCCGGTGTTTACACCGGTGGATCCTGGGAAACTGCTCATGCCA
CTTTCTATGGCGGCAGTGATGCTTCTGGCACAATGGGTAAAGTAATTTTATTTCATT
AAACAAAAAAACCCATTTTATTCGCTGCTCAAATTTCACTCTCTTTTTCATTCA

GGTGGTGC GTGTGGATATGGGAATTTATACAGCCAAGGCTACGGTGTCAACACGG
CGGCTCTAAGCACCGCGTTGTTTAAACAATGGCCTTAGTTGCGGGTGTCTGTTTTGAG
ATCAAATGTGCTAATGACCCGAGGTGGTGTGCATCCTGGTAGCCCTTCTATTTTCAT
CACCGCCACTAATTTCTGCCCTCCTAATTTGCTCTTCCCAGCGATAATGGTGGTT
GGTGTAAACCCGCCACGGCCTCATTTTGACCTTGCCATGCCTATGTTCCCTCAAGATC
GCTGAGTACCGTGCCGGTATTGTCCCCGTTTCTTTCCGACGGTGAGTCGCTAAAAT
CTCTCTCGTTTAAACACTTGCTATTTCTTAAGTTGGTTCTCTATTTCCGGTTAATTAC
ACTAGAAGTACTCAAACCTATCCTTGAAATTTCAAATTGGTATATATTTTAAAATA
GGATCTACTTACACCGGGGTTAAACTAACATTATTTGTAACCTTTTCTTACCATTG
ATATTTTAAACAATCAACAATCGTATTCCATTTATATAGATCCTTGCATGTCAATAA
AAAAAGTATAACCGTTAAACATATATACAAACAATATTTAATATTGATATGATAA
CGATATCGGATCGTTTCAAAAATTTACATGTCTAAGAAGTATAATATTAATTAATT
CAATGGTCGGATTATTAATAATTAATTAGTAATCCCTTTTTATTTTAAAATATTC
TAATTGAATTTTCAAAGAATTAATGTTCTATCAATCAATCTAACCGTCATTTCAA
TATGGTGTAAAGCACATTTAATACACGTGGATCAAATTATAAAAAATATATATAG
TATTATCAGTTTTTTTTTTTAAACACGTCAGATCTAAAGTTCGTGCAATAGGTAGAAA
CATATTTACTATTTGATCCATGTGTTTTATAGGGTTATGGTGCATGTTAACAGAAAG
ATCGGGTTGATACAATATGATACTTTACAGACTTAATTAGAAACATTTTAAAATTT
AAAGAAAATGGTGTCAATTAACCTATTTTTTTTTCTTGTATGCTTGTCAAAAAGCAA
GTTTTTATGACTTTTTTCCGTCACTTTCTCGGGAAGGCGAATAGGGGGGCTCAAAGG
AATCGCCCTTTTTGTGCGACGTAGGATTAGACTATAAGAATCCATCCATAATTTAAT
GTCGTTTACCCATTTTTTAAACCAACGGTTTTGCGGTGATCCATAATACGACCAAACC
GCCCTTGTCTTTAAAGCTCACCTTGATTCCCGTAGAAAAGCGCTCAAGGGCAGAA
ATGTAAATTTTCGTGGAACATAAAGACAAAGTCTACGTCATCCCCCGCCGTGGCTT
CCGTCACTCGCCGAAGGGTCTTAAAATTTTGGGTTAATTTTCATCATAACGTCCTTAA
TTGAGATATTAATACTGACATTTTTTAAAATCCTACTAAATTTAATACGATAAA
CAGTTGGATTGACGGAAGGATTGAAATTTAGAGATTGATTTTAAATTTGAGTGAT
AGTTTGAGGGTGTTTAATGAAATTAATCCAAAACTTTCTCAATATCCATAAATT
ACCCTTTATTTTAAATTTTCTTTTACAGAGTGCCGTGCCGAAAGCAAGGGGGGAATA
CGATTCATCAACGGATTCCGTTACTTCAACTTGGTTTTAATCACCAACGTCGC
GGGTGCTGGGGATATCGTGAAGGTGAGCATTAAAGGAACCAACACCGGTTGGAC
CAGCATGAGCCGGAACCTGGGGTCAAACCTGGCAATCCAACGTCATTTTAGTTGGC
CAAGCGCTGTCGTTTCGTGTCAAAGGCAGTGACAAACGAACCTCCACCTCTTGA
ACGTGGCACCAACTAATTGGCAGTTTGGTCAAACCTTCACTGGAAAGAATTTCCG
TTATTAATAACAGACCCGTCACAGACAGTTACCCTATTCTTTTCTTCCGCCATTC
AATTGTCCTTCATTTTCCCAGGAAAATCTGAAGCGGCGGTAAAAGTTAAGGTTGA
GGTAAAATTTGTGGGTTTTTACCTTTTTGTTAGGATTTTACAGTGATAGATACGAA
AGTGATTAAGTGAATTTATGTGTGGTAATTTTGTTTTTTACCTAAGCTTAGGCCT
TGGGGGTAAAGCGATGTTTCTTTTTAGTCTTTGTTTTGTCATTGAGTTGGGTGGTA
ATAGTAAAATCTCCAGTGAGTGGTAAAAAAGTCGTAAAAGGGAGCTGAAGCGGC
TTAAACTGTAGCCCGCACCTCTTCGGTCATGTAGTAATTTTACATTTTACTGTTA
CTATGATACTGTAGTTTTCTACTATATAAATAAATGTATTGCGTAGTTTATACTAT
AATAAATGTGACTTTTTGTTCCAATTTTAATAC