

IDENTIFICATION

Species: *Sesamum indicum*

Locus: XP_011080662

Gene Model: XP_011080662.1

Description: SinEXPA-10

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Sesamum+indicum%5Borgn%5D>

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/gn:T04135>

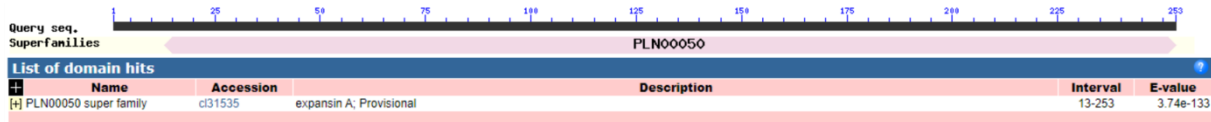
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>SinEXPA-10

MVAKSLSLATVSFFILHMLQLHTTEADYGGWDNGHATFYGGSDASGTMGGACGYG
NLYSQGYGTNTVALSTALFNGLTCGACYEMRCANDPKWCLPGTITVTATNFCPPNF
ALPNDGGWCNPLQHFDMAEPAFLQIAQYRAGIVPVVFRRVPCVKKGGIRFTINGN
LYFNLVLITNVGGAGDVHAVSIKGSRTGWQPMSRNWQNWQSN SYLHGQSLSFQV
TTSDGRTLTSYNVAPSDWQFGQTFEGGQF

CDS (coding sequence)

>SinEXPA-10

AAACCCTTTTGCACAACAAAACCCTAATACCAAATCAAACAAATTTTCAATTTATT
TAAATTTAAAATCCCCAAAATGGTTGCTAAATCCCTCTCTCTAGCCACTGTTTCCT
TCTTTATTCTGCATATGCTGCAGTTGCACACTACTGAGGCTGACTACGGAGGGTG
GGATAACGGTCACGCCACTTTCTACGGTGGCAGCGATGCTTCCGGGACCATGGGA
GGAGCATGCGGATATGGAAATCTGTACAGCCAAGGATACGGAACAAACACGGTA
GCACTAAGCACAGCGTTGTTCAACAATGGGCTTACATGCGGAGCGTGCTATGAAA
TGCGATGCGCAAATGACCCAAAGTGGTGCTTGCCGGGCACCATCACCGTCACGGC
CACCAACTTCTGCCCGCCAACTTTGCGTTGCCTAACAAACGACGGCGGATGGTGC
AATCCCCACTCCAGCACTTCGACATGGCCGAGCCAGCTTTCCTTCAGATCGCTC
AGTATCGGGCTGGCATTGTGCCCGTTGTCTTTCGGAGGGTGCCTTGTGTGAAGAA
AGGTGGGATTAGGTTACAATCAATGGTAACTTATACTTCAATTTGGTCCTCATCA
CCAACGTGGGAGGTGCAGGAGATGTCCATGCAGTCTCAATCAAAGGGTCCAGAA
CTGGGTGGCAGCCTATGTCCAGGAACCTGGGGTCAGAACTGGCAGAGCAATTCGT
ATCTCCATGGTCAAAGTCTTTCTTTTCAGGTCACCACCAGTGACGGCAGGACTCTC
ACTAGCTACAATGTGGCACCGTCTGATTGGCAATTTGGTCAGACCTTCGAAGGAG
GGCAGTTCTAGAGGATTGCATCTATATATATTTTGAATAGACAAATCATACATAT
ATATTATATTTGTAACATACTTGAGCATACCATACAGCTATATCATCATTTCATCAT
CAATCAATCAATCATATTGAGGAGAGGATCATCTTTTATTTGTAATCCGTACCATT
ATTAATGCGCAGCATATTATCTGAAGAAA

Nucleotide

>SinEXPA-10

CAAATAAAAGCGGGTCGTATCGTGCAAGCCAAAGGTCCATATATATATGCGCTTGAC
AGGATATATATAACCTCTCCTAGCCATAAGAGATGGGCAAACAAGCTTGCTGCA
ATACCACTAACCCTTATTTTCATATATCATAGGGAGTAAACTGTATTTAACCCAA
AATTAGATCAACGAAGTAGTGGAACTCTTTAATTTGATCAAAGATGAAAATAGT
TAAGCGGTGAATTTTCATTTGGTTTAGAAAAATTGTCTTATCTAGCCGAATCATCCC
TTAAAAATATGAAAAATTATAATTCAGACTCGACTCGATCAAATTTGAATCAATC
ATATGGCAAGTATAATACACTTGTTCGTATGATTGGAGTACAATTCAGTAAAAATG
ACCAATAGCAAAGCAAGTTGATCTATAATTTGTTTGATTTCGATCAAATTCGAATA
AAAATTTCAAAGAAAACATACCTTAGTTAACTGAAAAGCAATAACATTCACAAGT
TCCATTTCTTCAGATAAATATGCTGCGCATTAAATAATGGTACGGATTACAAATAAA
AGATGATCCTCTCCTCAATATGATTGATTGATTGATGATGAATGATGATATAGCT
GTATGGTATGCTCAAGTATGTTACAAATATAATATATATGTATGATTTGTCTATTC
AAAATATATATAGATGCAATCCTCTAGAACTGCCCTCCTTCGAAGGTCTGACCAA
ATTGCCAATCAGACGGTGCCACATTGTAGCTAGTGAGAGTCCTGCCGTCACTGGT
GGTGACCTGAAAAGAAAGACTTTGACCATGGAGATACGAATTGCTCTGCCAGTTC
TGACCCAGTTCCTGGACATAGGCTGCCACCCAGTTCTGGACCCTTTGATTGAGA
CTGCATGGACATCTCCTGCACCTCCCACGTTGGTGTATGAGGACCAAATTGAAGTA
TAAGTTACCATTGATTGTGAACCTAATCCCACCTTTCTTCACACAAGGCACCCTGC
ACCATTAGGGTATCATCATTAAATATAGCTATTTAATTTTTATGGATCTAATTATTA
CGTAAATATAATATAAAGCACATTTGTCATTTAATCATTACTTGAATTGGACCACT
TAATAATTCTTTCCATTTCACTTACTCGTCCCCTACAAGAAATAAAATATTTAAC
TATAGATAAATTGTCGTAGTCGACAATAAACAGTTGCAGCAAATAGTCTTTGACTA
CTGTAATACAATGGTTGTTGGTCGTCACTTTTGCGAGGGTGGCCAACATTTGTCAT
GGTTTTATTTTTACCATAACTCTTAGCTATTATAAGTAATTTTTTCATTGTAAAAA
GGTTAATTTTTTACATCAATTTTATTTAACCGTAGTTAATAATAATTATTTATAAT
GATTTTTAGCCATAATTATTGATATTGTAGGCAAAGTAATTTTAGTTTGTATCCAA
AAAAATGTATCAAAACGTTGTTTATAGCAAGTTTTAAGTAGAAATCATTACTTAT
ATGAACTTAACTAATGCCAAATTAAGAAGTAATAAAATGCAAATTACAAACCTC
CGAAAGACAACGGGCACAATGCCAGCCCGATACTGAGCGATCTGAAGGAAAGCT
GGCTCGGCCATGTCGAAGTGCTGGAGTGGGGGATTGCACCATCCGCCGTCGTTGT
TAGGCAACGCAAAGTTGGGCGGGCAGAAGTTGGTGGCCGTGACGGTGTATGGTGC
CCGGCAAGCACCCTTTGGGTCATTTGCGCATCGCATTTTCATAGCACGCTCCGCA
TGTAAGCCCATTTGTTGAACAACGCTGTGCTTAGTGCTACCGTGTGTTCCGTATC
CTTGGCTGTACAGATTTCCATATCCGCATGCTCCTCCTGCACATGGTTATTATTA
CAGTGCTCTTTCAAGAATATTTGATGATGGCTTCGTGCAAAAACCTAGCATATCTA
AACGATTCATTACATCGTTCAATACATAAAAAACACGACCATAAATTCGACAACG
TACCCATGGTCCCGGAAGCATCGCTGCCACCGTAGAAAGTGGCGTGACCGTTATC
CCACCCTCCGTAGTCAGCCTCAGTAGTGTGCAACTGCAGCATATGCAGAATAAAG
AAGGAAACAGTGGCTAGAGAGAGGGATTTAGCAACCATTTTGGGGATTTTAAATT
TAAATAAATTGAAAATTAGTTTGTATTGGTATTAGGGTTTTGTTGTGCAAAGGG
TTTTTGATGTCGTAGAAAGAAGGTAAGGGAGTGAGGTATATATAAAGGTGGGATT
GGGACAGGGATTTCAAAGTAAGAAATATCAAAAATTCAAAATCATGTGTTTGAGT
TGCACCGGACGTGTGGGTATTTGTTCAATTTAATGTAAATTTATTGTAATTGGTAT
TTATCTAACTTAATATAAGTTTGTGAGTTTATTGATTAAACTGATGTATGTACTA
TTTTATTAATTTATTTGAATATGAGATTATTTATTGAATCGATGTATTTTTTAAAT
TTATTAATATTTATATAAGTTATTTAATCATTATTTCTATTAAAAAAAAAAAGAAAA
ATCAAATAATTAAGCGTAAATGAAGAGCACATGTATTGGTTGTGGTTGGGGTGCC

AATTCAGTACTGAGTGCAGCTTTGTAGGTCCTCCTCCTCCTCCACCACATCTGCAT
GCAAATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTCTGTAAAAAATGCCCAAAT
A