

IDENTIFICATION

Species: *Gossypium raimondii*

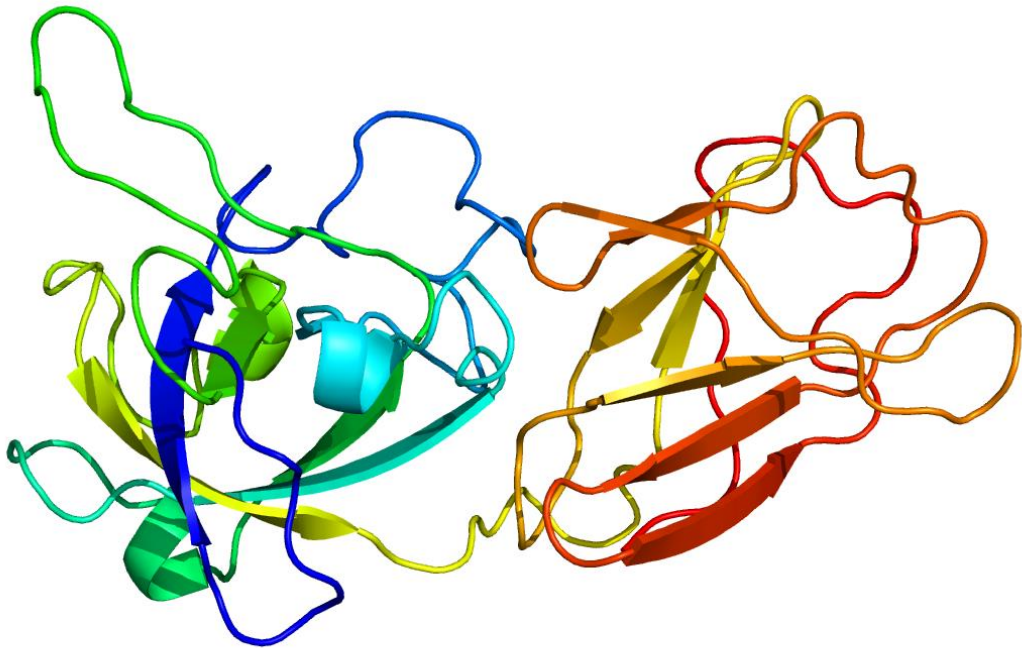
Locus: Gorai.003G131000

Gene Model: Gorai.003G131000.1

Description: GrEXPA-09

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

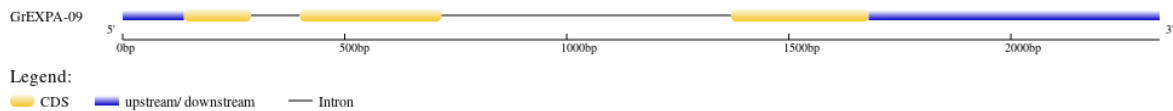
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Graimondii_v2_1

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

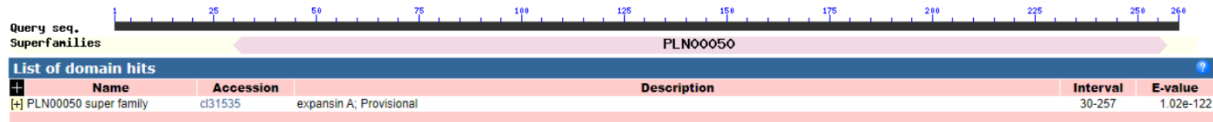
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>GrEXPA-09

MAMVNVISVLIFISSMWMMGEARIPGVYSGGAWQNAHATFYGGADASGTMGGACG
YGNLYSQGYGVSTAALSTALFNGLSCGACFEIKCASDPKWCHSGSPSIFITATNFCPP
NYALPNDNGGWCNPPRTHFDLAMPMFLKIAEYRAGIVPVSYRRVPCRKRGGIRFTIN
GFRYFNLVLISNVAGAGDIVKVSVKGSRTGWMSMSRNWQNWQSNVAVLVGQSLSF
RVTGSDRRSTSTSWNIVPAHWQFGQTFGKNFRV*

CDS (coding sequence)

>GrEXPA-09

ATGGCAATGGTGAATGTAATAAGCGTTTTGATCTTTATCTCTTCAATGTGGATGAT
GGGTGAAGCTAGAATCCCAGGAGTTACTCTGGTGGAGCATGGCAAAATGCCCAT
GCCACCTTCTACGGCGGTGCTGATGCTTCGGGCACCATGGGCGGGGCTTGTGGCT
ATGGGAACCTGTACAGCCAAGGGTACGGAGTCAGCACGGCGGCACTGAGCACGG
CATTGTTCAACAACGGGTAAAGCTGCGGTGCTTGTTCGAGATAAAGTGTGCCAG
TGACCCAAAGTGGTGTCAATTCGGGGAGCCCATCCATCTTCATCACGGCGACCAAC
TTTTGCCACCAAATATGCCCTCCCAAACGACAATGGGGGGTGGTGAACCCCTC
CTCGCACTCACTTTGACCTTGCCATGCCCATGTTCCCTGAAGATTGCTGAGTACCGT
GCCGGCATTGTCCCGTTTCTACCGCCGGGTGCCATGCCGGAAGAGGGGAGGGA
TAAGGTTCACAATCAATGGCTTCCGTTACTTCAACTTGGTGTGATCTCCAATGTC
GCGGGTGCAGGGGATATCGTGAAGGTGAGCGTGAAAGGCTCGAGGACCGGTTGG
ATGAGCATGAGCCGAACTGGGGTCAGAAGTGGCAGTCAAATGCAGTTTTGGTTG
GTCAATCACTATCGTTCAGGGTGACAGGCAGTGACAGGCGCACTTCTACCTCTTG
GAACATCGTTCCTGCCCATTGGCAGTTTGGTCAAACATTCACCGGCAAAAATTC
AGGGTTTGA

Nucleotide

>GrEXPA-09

CCCCTTACCCTATCCCTTAACACTCACCTTCAACCCCCATTTCTCTTTGGCTATAA
CCCTCGCTGCCTCTCTATTATAAAAAAGAGAGCCAAGATTTAGACTTTTATCATA
GTGTTGAAGTAATTGAAGGGAAAAAATGGCAATGGTGAATGTAATAAGCGTTT
TGATCTTTATCTCTTCAATGTGGATGATGGGTGAAGCTAGAATCCCAGGAGTTTA
CTCTGGTGGAGCATGGCAAAATGCCCATGCCACCTTCTACGGCGGTGCTGATGCT
TCGGGCACCATGGGTATGTTATATGTACCTTCATTAACCCCCATTTTGCCTCAT
TTCCTCTATCCCTCAAATGCTTCTAAAAAACCCAGTCCTTATTTACATTTTCT

TTCCTTGCAGGCGGGGCTTGTGGCTATGGGAACTTGTACAGCCAAGGGTACGGAG
TCAGCACGGCGGCACTGAGCACGGCATTGTTCAACAACGGGTAAAGCTGCGGTGC
TTGCTTCGAGATAAAGTGTGCCAGTGACCCAAAGTGGTGTCAATTCGGGGAGCCCA
TCCATCTTCATCACGGCGACCAACTTTTGCCACCAAACCTATGCCCTCCCAAACG
ACAATGGGGGGTGGTGTCAACCCTCCTCGCACTCACTTTGACCTTGCCATGCCCAT
GTTCTGAAGATTGCTGAGTACCGTGCCGGCATTGTCCCCGTTTCTACCGCCGGT
ATGTGCTCTGTTTCTCATTTGGTTTTTGGTTAATTAGACCAGAATGGTTAAATTTT
ACATTAGTCCTTCAACTACAGAAAATTTCAATTGGTTGCATTTAATGTGAAAATG
AACAGCTGGACTGAAAAGCAGAATATGATTAGAAGGGTTAAATTGAAACGAATT
GAAGTTGACGGATCAAACGAGTAATGAAACCTCAGTTTTAGTTATTAACAATAC
TGTCTATTTTGGCATGCACAAATATTAATGTTTAATTAATGCGGAAGCCTATTTA
TTTTCGTTAATCTCTGTATTTTATAAAAGATTAAGAGTAGTGTCTGATTTATGGCG
GAAGAGTTATTACTGTCTATCTCTGGCCACTTTAAATTTTACCAAATAACCCATAT
TCTTTTCTCATTACTCACCAACCTTGCCTTTTTCTTTTATCGGACTTAAGTTTA
GAGTAACATGTTGGTACGTGTGAATATATTTTTATTTAATTAAAAAACATTCATTA
TAAATGAGAGGACGACCGCACAGTCTCCAAAGTACTTGAAGACCAATTTTGGGA
ACCTTAATCTTGTCTTGTGTAACAAAAACCAACAATCATGCTCCGTGTTCCATGT
TAAACATAAGGGCTCACGGTTATTATATAATTACGCAGGGTGCCATGCCGGAAG
AGGGGAGGGATAAGGTTCACAATCAATGGCTTCCGTTACTTCAACTTGGTGTCTGA
TCTCCAATGTCGCGGGTGCGGGGGATATCGTGAAGGTGAGCGTGAAAGGCTCGA
GGACCGGTTGGATGAGCATGAGCCGGAACCTGGGGTCAGAACTGGCAGTCAAATG
CAGTTTTGGTTGGTCAATCACTATCGTTCAGGGTGACAGGCAGTGACAGGCGCAC
TTCTACCTCTTGGAACATCGTTCCTGCCATTGGCAGTTTGGTCAAACATTCACCG
GCAAAAATTTCAAGGTTTGATAGATTTTGCAACCCCCCCCCCAAAAAAAAAAGTTA
GCAATTATTAAGTTTAACCCCATAGAACTTTAAACGAAGTTTAGGGTTTTATTAG
AAAAAAGGAATTGAAGTTTTCCACCATAATCCATTACACCATTTTTACCCTTG
ATCTAGGGTGAAGTTCATTTTAACCAATTGGACTTGGTGTGCTTACACTTCTTT
TTAAGAAATAGGGTTTTTGGGGGTGGATGTCAATTGAAATTTAAGTACAAGGG
TGTTTTTTTTTTACTTAACTTTTATTTTGTCTGTGTATTGTTCTGTGGTGTGAATTA
AGGGTTTTTTTTGTTAATTTTAATTTTAGTTTTGTGGTAAAGGAGAAAAGTGAAGAA
AAATAGGTGAGGACTGAAGTGGCTGCACAAAGATGTAGCCCGCAGCCCAAGTGT
TGAAATGTAGTACTGGATTGGGGAGTGTCTCCTTTTATGTGTAGTTGAATTGAAAT
ATATTTGGTTTGTTCCTTAGTCAATGTGCTTCATTTTGTCTCAATGTTTGGGTTGTA
TTATAAATTAATATTAATTTAATTAGTTTAAAATATTTTAGTTTTTTTTATTTAACA
GAAGTTAATAAAAAATACATATTATAGAATTTGAATCCACATTAATTAGATTAG
TAAAAAT