

IDENTIFICATION

Species: *Elaeis guineensis*

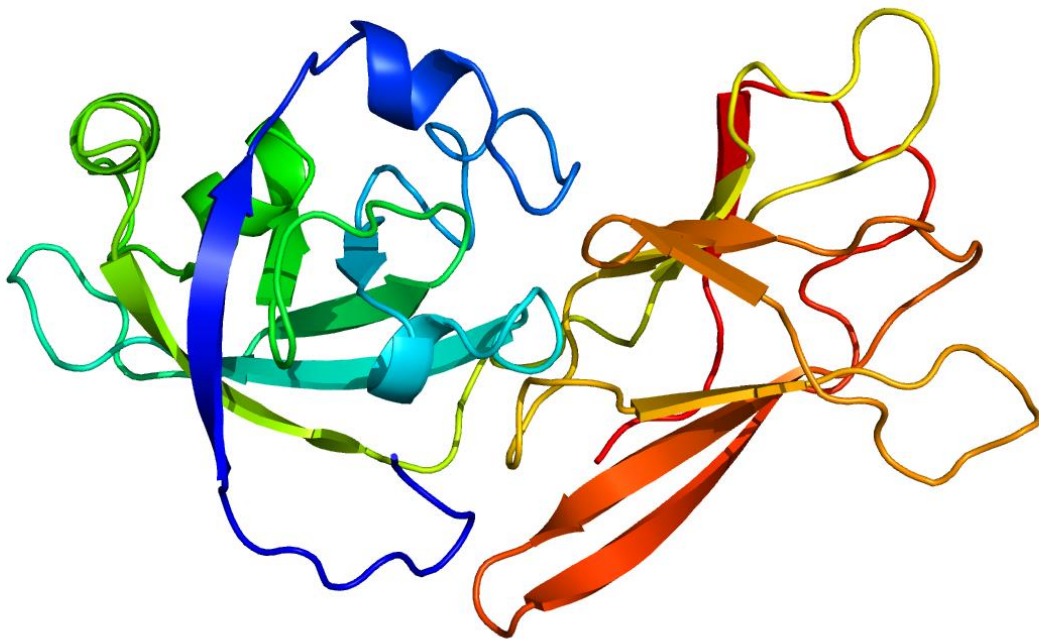
Locus: XP_010918218

Gene Model: XP_010918218.1

Description: EgEXLA-01

Family: Expansin Like Alpha

3D structure:



GENOME DATABASES

NCBI: [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=txid51953\[orgn\]](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=txid51953[orgn])

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T03921>

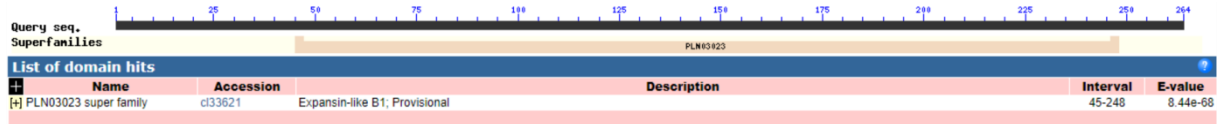
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>EgEXLA-01

MGGHSVLLLCYASLLLSSVTACDRCVHQSKAAYFSSSSALSAGACGYGPMALDFNG
GYLAAASSALYRGGIGCGGCFQIRCRSTKVCSSRGVEVMVTDNFNRSNRTDFLLSTGA
FMAMAKEGMGQELKQLGMVDVEYKRIPCKHKNKNLAIRVEEHSQWPNHLAIKFLF
QGGQTDIVAVDVAQVGSSHWRYMSRDYGA VWSMNRVPTGPLQIRMVVTGGYDGK
WVWTQEEVLPVEWKTGSVYDSGVQITDIAQESDCDTRDWK

CDS (coding sequence)

>EgEXLA-01

GTTGGGCTCGTGTGGAGTTGGTGGGAGGTAGCTATTTTATTTTGTAGCTCCACGG
CATCTTGCCTTGGTGTAAACCATATGTCCTTTTCCCAGCTTTCCCCCGGTTTTGCACC
GTTTCTATATAACCATGGTTTATTAATGAAGGACCATTGACCCACCATTCCCACCA
TCAACCCTCTTCTATCTTCTCGGCATCCTTTATTCCACTTCCCCAATCCCATCAC
TCCACTCCTCCCTCTCCTCTATTAAGCCAGCTCTCCCTTTTTTTTCCCTCTCCACA
AACGCCTATCAAACCTTGTATCCCAATCAATCAACATGGGTGGCCACTCTGTTCTCT
TGCTCTGTTATGCTTCTCTCCTCCTATCCTCTGTTACTGCTTGTGATAGATGTGTGC
ATCAGTCCAAGGCTGCCTATTTCTCCTCCTCCTCAGCTCTTTCAGCTGGGGCTTGT
GGGTATGGACCCATGGCACTGGACTTCAATGGAGGCTATCTTGCTGCTGCTAGCT
CTGCTCTCTATAGAGGAGGGATTGGTTGTGGAGGCTGTTTCCAGATTAGATGCAG
GAGTACCAAGGTTTGTAGCAGCAGAGGAGTTGAAGTAATGGTGACAGACTTCAA
CAGGAGCAATCGCACGGATTTCTGCTCTCCACCGGGGCTTTCATGGCCATGGCC
AAGGAGGGGATGGGCCAGGAATTGAAGCAGCTTGAATGGTCGACGTGGAGTAC
AAGAGGATTCCCTGCAAGCATAAGAACAAGAATCTCGCCATCAGAGTTGAAGAG
CATAGCCAGTGGCCAAACCATCTGGCAATCAAATTTTTGTTCCAAGGTGGCCAGA
CCGACATCGTAGCCGTCGATGTGGCTCAGGTTGGGTTCGAGTCATTGGAGGTATAT
GAGCCGGGATTATGGGGCGGTCTGGAGCATGAACCGGGTTCGACCGGGCCGCT
GCAGATCCGGATGGTGGTGACGGGCGGCTACGATGGGAAGTGGGTGTGGACTCA
GGAGGAGGTCCTTCCGGTTCGAGTGGAAAACCGGGTTCGGTCTACGACTCGGGGGT
TCAGATCACTGATATCGCCCAAGAGAGCTGTTCTGACTGTGATACACGGGATTGG
AAGTGAGACAAATACTTCTTTTCTTCCCTTGGAGACTAACTTTTTTTCTCTTTTT
TTCTTTTTTTTTGATTATAATCCCTTTCTTTTGTACATTGTTAATTGAGAGATGATG
TAACGGTTTAAAATAAGAAGGGGAAATGACTTAAGAAAAGTTCAGCTAAGTTCA

ACTTCTTTTTTTTTTCGTTTTTTTTTCGTTTTTTGTTGTGCGTGTGCGTTGGATTTTG
CATGATCCTCTTAATCTAGTTGCTGCATATGTCTCTCTCTCTACGTACGGCCAG
CTGAAACATTAGACCGGGTAAACTCTTGGAATCGGACGGCACGGCGCTGGATTTT
GACGGTAACGTCTTTTTCTTTGGCTCCAATTGATGGATTGCAATGAGGTGCGACA
CAAGGGATGTTCAATTTGTGTGTATATATTTTTCAAACGTATCCCATCATATGCGTC
CAATGAAGATGTTTGTTTATTTGGATA

Nucleotide

>EgEXLA-01

TTTCAAAAATTAATGAAAGAAAATTTTGTTAACATATAAACCATCCTCATATAC
TTCATTTATTTTTATTTTTCTAATTTGGAAGAGTATAAATTGACATATTAAGATG
GATGGGCCATTTCTTTTTATCATCCATCTTTTTTAATTTTTTTTTTTGAATTTGAAT
GAGAGTTATCTATTCTTCCGATCCAATTTCCCTTTCCTCTCGTGACCAAACATAAT
ACCCACAAATCCCCGATCTCAGCAAACCTTCCTTGACCTTAGCCCCACATGGTT
GCCATCCAGGTTTATCCCTCACAAAATAAAACCCAACCAAAAATTCCCATCGGAC
CCTCCACCTTTCCCATGTTCCGGGTCCCACCCCTAAAGTAAAGTTGACGCCTTTTG
TCTTGGGGTACGTTTTTTTTCTCTCGCAACGCTCCACCGGAGCCAGCAAACAGGGA
ACGCTTCCCATGACTCCATTAACCTCCTTGGTTGCCCTTCCTCCCTCTTCTCACTGT
TGGGCTCGTGTGGAGTTGGTGGGAGGTAGCTATTTTATTTGTAGCTCCACGGCA
TCTTGCCTTGGTGTAAACCATATGTCCTTTTCCAGCTTTCCCCCGGTTTTGCACCGT
TTCTATATAACCATGGTTTATTAATGAAGGACCATTGACCCACCATTCCACCATC
AACCTCTTCTATCTTCTCGGCATCCTTTATTCCACTTCCCCAATCCCATCACTC
CACTCCTCCCTCTCCTCTATTAAGCCAGCTCTCCCTTTTTTTTCCCTCTCCACAAA
CGCCTATCAAACCTGTATCCCAATCAATCAACATGGGTGGCCACTCTGTTCTCTTG
CTCTGTTATGCTTCTCTCCTCCTATCCTCTGTTACTGCTTGTGATAGATGTGTGCAT
CAGTCCAAGGCTGCCTATTTCTCCTCCTCCTCAGCTCTTTCAGGTATGTTCCAAG
ATCACAATAATCTTTTGTCCCTCTCTTAATTATTAGATTCCAAAATCTAATCTGA
TGGTTTACAAATCTAATGGGTTGATTTTGTCCCTCTGTGTAGCTGGGGCTTGTGGGT
ATGGACCCATGGCACTGGACTTCAATGGAGGCTATCTTGCTGCTGCTAGCTCTGC
TCTCTATAGAGGAGGGATTGGTTGTGGAGGCTGTTTCCAGGTTCCACTACTTCAA
ACTTGAATTAATCTCTCTGGCTCAATCCCTGACAAGAATACCTTCTGATTTGATTT
GTTTGTTTTTTTTTGGTTTCTTTTTGGGGAGATAGATTAGATGCAGGAGTACCAAG
GTTTGTAGCAGCAGAGGAGTTGAAGTAATGGTGACAGACTTCAACAGGAGCAAT
CGCACGGATTTCCCTGCTCTCCACCGGGGCTTTCATGGCCATGGCCAAGGAGGGGA
TGGGCCAGGAATTGAAGCAGCTTGAATGGTTCGACGTGGAGTACAAGAGGTAAC
AGTCTCCCTTGATCAAATGCTGGCCACCATCACACGGTTTCCCGACTCGGTCT
CACCCAAGTAGCTTCTTCCCTTTTGGTGTCCATCAGGATTCCCTGCAAGCATAAGAA
CAAGAATCTCGCCATCAGAGTTGAAGAGCATAGCCAGTGGCCAAACCATCTGGC
AATCAAATTTTTGTTCCAAGGTGGCCAGACCGACATCGTAGCCGTCGATGTGGCT
CAGGTACAGCAATTAGCACGGTGTAAACGCAGTGGATTTTGGGTGTTAATTTTGGT
GGTAGATTGATATGTTGATGATTTGGGCTATTATTGTATGATGATAGGTTGGGTGC
AGTCATTGGAGGTATATGAGCCGGGATTATGGGGCGGTCTGGAGCATGAACCGG
GTTCCGACCGGGCCGCTGCAGATCCGGATGGTGGTGACGGGCGGCTACGATGGG
AAGTGGGTGTGGACTCAGGAGGAGGTCCTTCCGGTCGAGTGGAACCGGGTCG
GTCTACGACTCGGGGGTTCAGATCACTGATATCGCCCAAGAGAGCTGTTCTGACT
GTGATACACGGGATTGGAAGTGAGACAAATACTTCTTTTCTTCCCTTGGAGACT

AACTTTTTTCTCTCTTTTTTCTTTTTTTTTGATTATAATCCCTTCTTTTGTACATT
GTTAATTGAGAGATGATGTAACGGTTTAAAATAAGAAGGGGAAATGACTTAAGA
AAAGTTCAGCTAAGTTCAACTTCTTTTTTTTTTCGTTTTTTTTTCGTTTTTTGTTGTG
CGTGTGCGTTGGATTTTGCATGATCCTCTTAATCTAGTTGCTGCATATGTCTCTCTC
TCTCTACGTACGGCCAGCTGAAACATTAGACCGGGTAAACTCTTGGAATCGGACG
GCACGGCGCTGGATTTTGACGGTAACGTCTTTTTCTTTGGCTCCAATTGATGGATT
GCAATGAGGTGCGACACAAGGGATGTTCAATTTGTGTGTATATATTTTTCAAACGT
ATCCCATCATATGCGTCCAATGAAGATGTTTGTTTATTTGGATATTCATGTGGTTG
TGAAACAAGCAAGCTAGTTTCCACCAACTCATATTTAATTAGCACAAAATTTGAT
TAGCAACTGATGCTTGGCACAACATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGAAAGGAAA
AACTGATGTTTGGCACTGCCTTTGGATCGAATATAACTTGGTTGAGTAATAAATTT
ATTAGTGTGGAATTAGGCTTGGTTCAATTGAACTTGATTCAATTAACCTCAAATTT
AGATAAATAAATAAATAATATTTTCTATTACTATAACTTATAAATACATTTGTGTT
TATTTATTCGTTATAGTAATTTATATATAAAAGGAAACGTGTGCTCACTTTAAGGT
TGAAATATAATTCTAATAATTAGTTTATACGATAAACATGTCTGCACGTGCAGCG
CCTGTATTCATGCATGCATGCACTTTTACGCTCTAAATTTCTAGACATGCTTGCC
GTGATCAACCTAACTTTAGCTAAAAATATTTTATAGTTTTAACA