

IDENTIFICATION

Species: *Citrus sinensis*

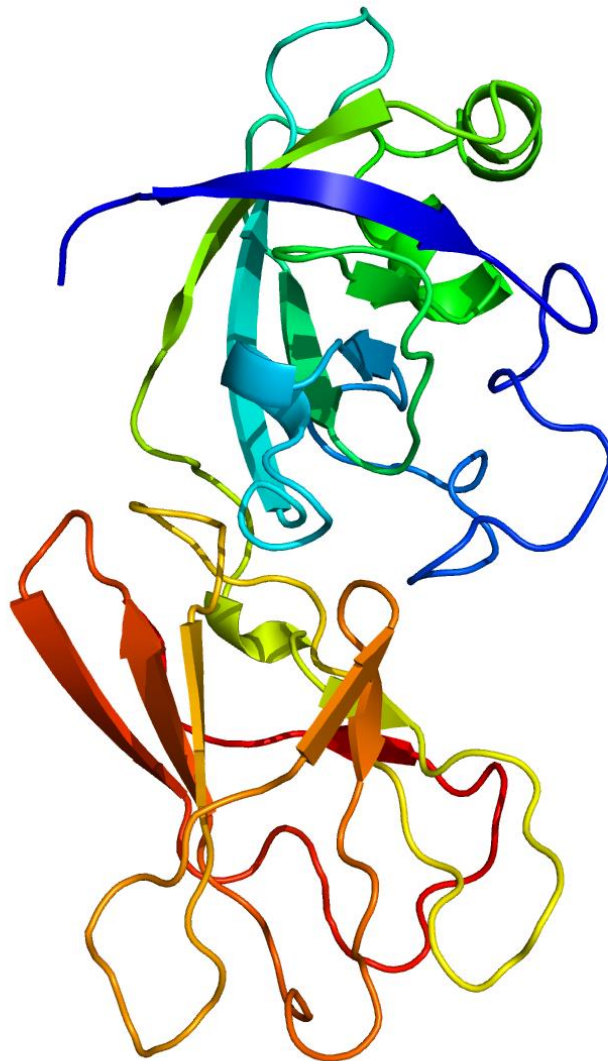
Locus: orange1.1g025810m

Gene Model: orange1.1g025810m

Description: CisEXLB-03

Family: Expansin Like Beta

3D structure:



GENOME DATABASES

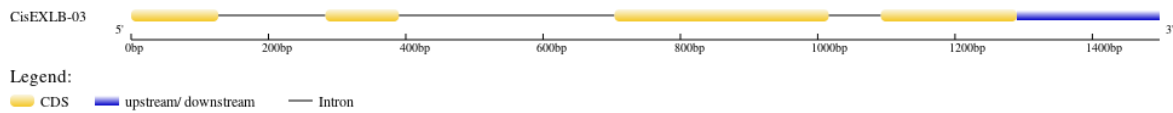
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Csinensis_v1_1

Kegg: <https://www.genome.jp/entry/T02983>

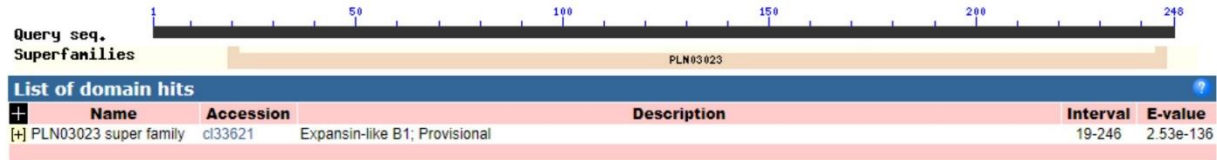
EXTERNAL RESOURCES

<https://www.citrusgenomedb.org/organism/Citrus/sinensis>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>CisEXLB-03

MGLCQYYLLSVVLLLPA LCSYQFTFTSSRASFYGSPDGLGTPAGACGFGAYGKTVND
ANVAGVSR LWNGT GCGACYQVRCNVPEVCTDYGVYVVVTDY GEGDDTDFVLS P
RAFGRMALVDKSEELYTFGVVDVEFLRVPCRFRGYNLKFKVHENS KYPQYLAVSML
YVGGQNDVLA VEMWQEDCKDWVAMRRAFGAVFDISNPPPGAINLRFQVSGSAGLT
WVVANNAIPQIWKAGVAYESA IQLA*

CDS (coding sequence)

>CisEXLB-03

ATGGGGTTATGTCAACTACCTTCTTTCCGTCGTGCTGCTTTTGCCTGCATTGTGT
TACTCTCAGTTCACATTCACAAGTTCTAGAGCTTCATTCTATGGTAGCCCTGACGG
CTTGGGGACACCAGCTGGTGCTTGCGGGTTTGGTGCATATGGAAAACTGTAAAT
GATGCTAACGTGGCCGGTGTGTCGAGGCTTTGGAATAATGGAAGTGGTTGTGGAG
CTTGCTATCAGGTCAGATGCAATGTACCAGAAGTTTGCACAGATTATGGGGTGTA
CGTGGTGGTGACCGACTATGGTGAAGGAGACGACACAGACTTCGTCCTCAGCCCA
CGCGCATTGGAAGAATGGCACTTGTAGATAAGTCAGAAGAGCTTTATACTTTTG
GTGTCGTCGACGTTGAATTCCTGAGAGTCCCTTGCCGGTTCAGAGGCTACAACCT
CAAGTTCAAGGTCCATGAAAACAGCAAGTACCCACAGTACTTGGCCGTATCCATG
CTGTACGTAGGTGGCCAAAATGACGTCCTAGCAGTTGAAATGTGGCAGGAGGATT
GTAAAGACTGGGTGGCGATGAGAAGGGCTTTCCGGTGCAGTATTTGACATCTCTAA
TCCACCACCAGGAGCAATTAATTTGAGGTTTCAAGTGAGTGGCAGCGCGGGGCTC
ACATGGGTTGTCGCAAACAATGCTATTCCACAAATATGGAAGGCTGGAGTTGCTT
ATGAGTCAGCAATTCAGCTTGCATAA

Nucleotide

>CisEXLB-03

ATGGGGTTATGTCAACTACCTTCTTTCCGTCGTGCTGCTTTTGCCTGCATTGTGT
TACTCTCAGTTCACATTCACAAGTTCTAGAGCTTCATTCTATGGTAGCCCTGACGG
CTTGGGGACACCAGGTGTGTA AAAATCTCACCTTTATAAAGCTATGTACATTA
AACTCGGGCACAAGTTTACGCGAACTAATAGTTCATTTATTATGCTTTGGAGAATTT
TTGTTTTGGTATTTGTTTATCTTTTAGATTA ACTAATGTTTCATGTTGATGATTCATC

AGCTGGTGCTTGCGGGTTTGGTGCATATGGAAAACTGTAAATGATGCTAACGTG
GCCGGTGTGTCGAGGCTTTGGAATAATGGAAGCTGGTTGTGGAGCTTGCTATCAGG
TAATGATTATTAACTTTCAACCCACACAATCATTGCAGTTGATTGTAAAGCTATAT
AATAAATGTGTAAAGTGAACGAATTGCTAAGACGGCTAAGCCTATGCATGCATG
AAAGGAATTTGAAAACTTTATTTAGTCAAATTATATTGTTTATATATATATATA
TATATATAAAGGTAGTTGCATGCATATTCTTCATAAGACTGCTTAAATCATTTCAA
ATTCAACATCGTCAACAATTTTATTACCACTAGTAATTCTTTTGGTTTTGTACCAC
CAATTAATAATGATTAGTTAATTAATTAACCTCAGGTCAGATGCAATGTACCAGA
AGTTTGCACAGATTATGGGGTGTACGTGGTGGTGACCGACTATGGTGAAGGAGAC
GACACAGACTTCGTCCTCAGCCCACGCGCATTGGAAGAATGGCACTTGTAGATA
AGTCAGAAGAGCTTTATACTTTTGGTGTGCGTCGACGTTGAATTCCTGAGAGTCCCT
TGCCGGTTCAGAGGCTACAACCTCAAGTTCAAGGTCCATGAAAACAGCAAGTACC
CACAGTACTTGGCCGTATCCATGCTGTACGTAGGTGGCCAAAATGACGTCCTAGC
AGTTGAAATGTGGCAGGTAATTACTTACAAATTAACCTTCTAAACAATTGATTTTTG
GCCCGTCCATCGCATGTAATGCTTTTTGTTGGTGCAGGAGGATTGTAAAGACTGGG
TGGCGATGAGAAGGGCTTTCGGTGCAGTATTTGACATCTCTAATCCACCACCAGG
AGCAATTAATTTGAGGTTTCAAGTGAGTGGCAGCGCGGGGCTCACATGGGTTGTC
GCAAACAATGCTATTCCACAAATATGGAAGGCTGGAGTTGCTTATGAGTCAGCAA
TTCAGCTTGCATAAATTTGAGATATCCCAAGCTTTATTATTACCGGTTCCGGGTTA
TCAGCTTCTTAATGTCATTTAGATATTCTAGTAGGTTGTTGCCCGGCACCAGTAAG
TGCTGTTACTTTATCTTTCTTTCTTTTTTCAGTTTGTGCTTAGTGTGTATTGTGGA
CTCCTGTCTCCTCAACACTTAACTAGTTGCTAAATAAATAGTGGAATTGTGT