

IDENTIFICATION

Species: *Solanum pennellii*

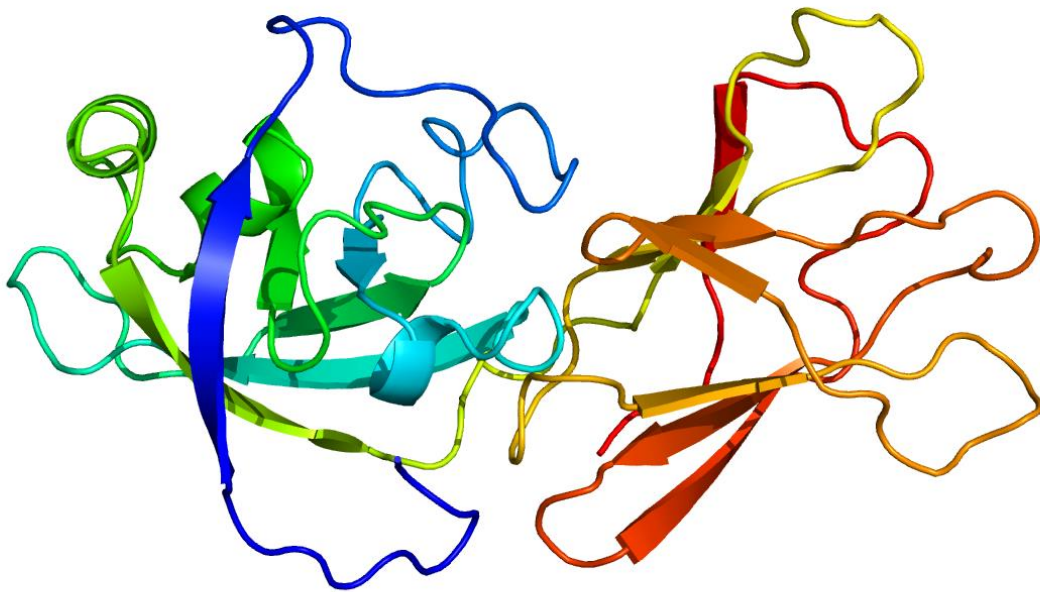
Locus: XP_015067588

Gene Model: XP_015067588.1

Description: SpnEXLA-01

Family: Expansin Like Alpha

3D structure:



GENOME DATABASES

NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Solanum+pennellii>

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/gn:T04130>

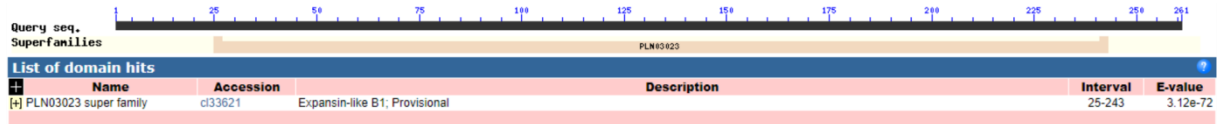
EXTERNAL RESOURCES

https://solgenomics.net/organism/Solanum_pennellii/genome

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>SpnEXLA-01

MSLFFLVLLLFVSSVTACDRCVHQSKVAYFSSPSALLSGACGYGNLAIGFNGGRLAA
AVPKLYDNGAGCGACYQIRCTDPKICKHGTTFVMVTDLNTNNQDFVISSRAFMGM
AIEGKAQDVHKLGIADVEYKRVPCDYKGNLA VRVDESSQKPHYLAIISIFYQGGQTE
IVSVDVAQVGSSNWNFLSRNHGAIWDTSRVPSGALQFRFVVTAGYDGKWIWAKSVL
PSDWKNGVVYDTGLQITDIAQEGCSPCDDGSWKLN

CDS (coding sequence)

>SpnEXLA-01

TCCTCCATTTACTCACTCAAACAATTCATTCTTCATATAACAAAAATAAATAA
AAATGTCTCTCTTCTTCTTGTCTTGCTTCTTTTCGTCTCTTCAGTTACAGCCTGTG
ATCGCTGTGTTACCAATCCAAAGTTGCTTATTTTTCCAGTCCTTCCGCTCTTCTCT
CGGGTGCTTGTGGTTATGGAAATTTGGCAATAGGATTCAATGGAGGTCGACTTGC
CGCTGCTGTTCTAACTTTACGATAATGGTGCTGGTTGTGGTGCTTGTATCAGA
TAAGATGTACGGACCCAAAAATTTGTTCAAACATGGAACAACGTGATGGTTAC
TGATCTAAATACGAATAACCAGACTGATTTTGTTCATCAGTAGCAGAGCTTTTATG
GGTATGGCCATTGAGGGAAAAGCTCAAGATGTTACAAATTGGGAATCGCCGAT
GTTGAATACAAAAGAGTTCCTTGTGACTACAAAGGCAAGAATTTGGCTGTTTCGAG
TAGATGAATCAAGCCAGAAGCCGCATTACCTAGCAATTAGCATCTTCTACCAGGG
TGGTCAAACCTGAAATTGTCAGTGTTGATGTTGCTCAGGTTGGATCGTCGAACTGG
AACTTCTTGAGCCGAAACCACGGAGCAATTTGGGATACAAGCAGAGTGCCAAGT
GGGGCATTGCAATTTAGGTTTGTAGTGACAGCGGTACGATGGCAAGTGGATTT
GGGCTAAATCAGTGCTGCCATCAGATTGGAAAAATGGGGTGGTTTATGATACTGG
ACTTCAAATCACTGACATTGCTCAAGAAGTTGTTCCCATGTGATGATGGAAGT
TGGAACCTTAATTAGTTTCTTTTTTTTTTCTCTTCTTAACTGTAACAACCTCGTG
TGAATACACACACACAAAAGAATATATTTAATAAAATTATAGATTGATCAAGTTT
GAGTAGACATAGGAAAATTTATTCTTTCTTGTTCACATTCTTTTCGCTATAATAA
TCAATGATATATCTCCTTTTCCAGTG

Nucleotide

>SpnEXLA-01

ACAATCATCATTTAGAAAAAATTACTATCTTTCAAAGCGTCACAATCATCATTT
AGAAAAAATTACTATCTTTCAAAGCGTCACAACCTCTTCAATATTTAAAAGTCATA

ATCCTTAAAAGAGTTGTAACCTCATCAGCATAAATAACCACAATCTTTTAGAAAAG
TTACAATACTTCATCATAAATCTTTTTAAAAGGACACAACCTCTTCAATATAAAAA
ATTACGATTACAACCTCTTCGAACATAAAAAGTTACAACCTCTTCCATTATGAAAAG
TCTCAACACACCAAGAGTAATTTATCATTATTCCTTCTATTTAATCTAGATTTC
TAATTTACCGTGTATTGAGCATTACATTCCATAATATAGTATATGTTTTGCGCTTA
TTACTCGTTTACTTCAAAAATAAAAAATAAATACTCCGTTTCAGTGGCACCATT
ATTAACCCACCCCACTTTCTCTTTCTCAAACCTTATTATTATATAAAGGCCTTATCA
CTCCTCCATTTACTCACTCAAAACAATTCATTCTTCATATAACAAAAAATAAATAA
AAATGTCTCTCTTCTTCTTGTCTTGCTTCTTTTCGTCTCTTCAGTTACAGCCTGTG
ATCGCTGTGTTACCAATCCAAAGTTGCTTATTTTTCCAGTCCTTCCGCTCTTCTCT
GTAAGTCTCTTTAATTACTTATAAATAACATAGGTTTGTTTTTCTTAATCTAATT
TTCTATATTTTTGTATTTGTAGCGGGTGCTTGTGGTTATGGAAATTTGGCAATAGG
ATCAATGGAGGTCGACTTGCCGCTGCTGTTCCCTAAACTTTACGATAATGGTGCTG
GTTGTGGTGCTTGTATCAGGTTAATTGAGTTTTGAGTTCTCCATCAATAACAAAT
GTAATTTTGAGAAATTCATTTCTCATAAATTTGTGTGATTTGCAGATAAGATGTA
CGGACCCAAAAATTTGTTCAAACATGGAACAACCTGTGATGGTTACTGATCTAAA
TACGAATAACCGACTGATTTTGTTCATCAGTAGCAGAGCTTTTATGGGTATGGCC
ATTGAGGGAAAAGCTCAAGATGTTCAACAATTGGGAATCGCCGATGTTGAATAC
AAAAGGTTAGTGTTAATATGAGTATTTCACAATTAATAATTATCTTGACCACGTT
ACGAAAAATGAAATTAATTTGGATAATAATGCTACGAACTTTACGTTCCCTTGTC
GCACACCGTGTTAATGTTAATCTTTGGTGGCTTCGTTGCAACTACCAAAAAAATA
AAATAATAGTTGTAGAATTTGACATAAAAGATGCCCACTTGACCAGACAATGTA
GTAAGTCCATAATTAATAAAGTAAGGGTCAATTGAACATAAATGATATGTAGT
AAATTAATCTAATGGATAAGCGCTTGGAATGAAAGGTTATGCTGCAAATACTAAT
ATTGTTTTTGTGTATGGGATAGAGTTCTTGTGACTACAAAGGCAAGAATTTGGCT
GTTGAGTAGATGAATCAAGCCAGAAGCCGATTACCTAGCAATTAGCATCTTCT
ACCAGGGTGGTCAAACCTGAAATTTGTCAGTGTGATGTTGCTCAGGTAATAAAAA
AAGCCTAGCTACATCACTTTTCCATGTTGATATATATAGTGAATTAATAAATGTGT
TTAGGTTGGATCGTCGAACTGGAACCTTCTTGAGCCGAAACCACGGAGCAATTTG
GGATAACAAGCAGAGTGCCAAGTGGGGCATTGCAATTTAGGTTTGTAGTGACAGC
AGGGTACGATGGCAAGTGGATTTGGGCTAAATCAGTGCTGCCATCAGATTGGAA
AAATGGGGTGGTTTATGATACTGGACTTCAAATCACTGACATTGCTCAAGAAGGT
TGTTCCCATGTGATGATGGAAGTTGGAACCTAATTAGTTTCTTTTTTTTTTCTC
TCTTCTTAACTGTAACAACCTCGTGTGAATACACACACACAAAAGAATATATTTAA
TAAAATTATAGATTGATCAAGTTTGTAGTAGACATAGGAAAATTTATTCTTTCTTGT
TTCACATTCTTTTCGCTATAATAATCAATGATATATCTCCTTTTCCAGTGCTTTTAT
CATGTATTTATTAGTTTGGGATATCTTCAAGCAAATGCTCAAAGACCTTTTGGGTA
CAAATTGTTCAATAATCCCTCATGGGATGCAACATATGTAAATCTTTAGAAGCAC
ACGTAACGTCTACGAACTTTGCAAGTCTTTTCTTAAACGACATTTTATGGTAAA
ATCTTCTTAAAGTACGGCCAGTAAAAATTTACTATAAATCTAAATTTGGTGATCCA
CGTGTGAGCATCTGATCATAGTTTGGTTCGAGGTAAGGACATGTGAGCTCAATA
CGTCTCACAGACTGCACAAGTTAGATAAGGCTACAAACACATACACATCTACAAT
CAACTACAAATAAATAAAAATTTTGATTGACGTTTACTTATAATACCAACATCT
AATAATCGTCGAGATAAACTTTTTAAAGGCAACAATCAAATGTATGGTTGAGAA
AATTGGCAAGCACAATTTCTGAAACGTTTGCACCCGTATGCCCTTGTCATT