

IDENTIFICATION

Species: *Gossypium raimondii*

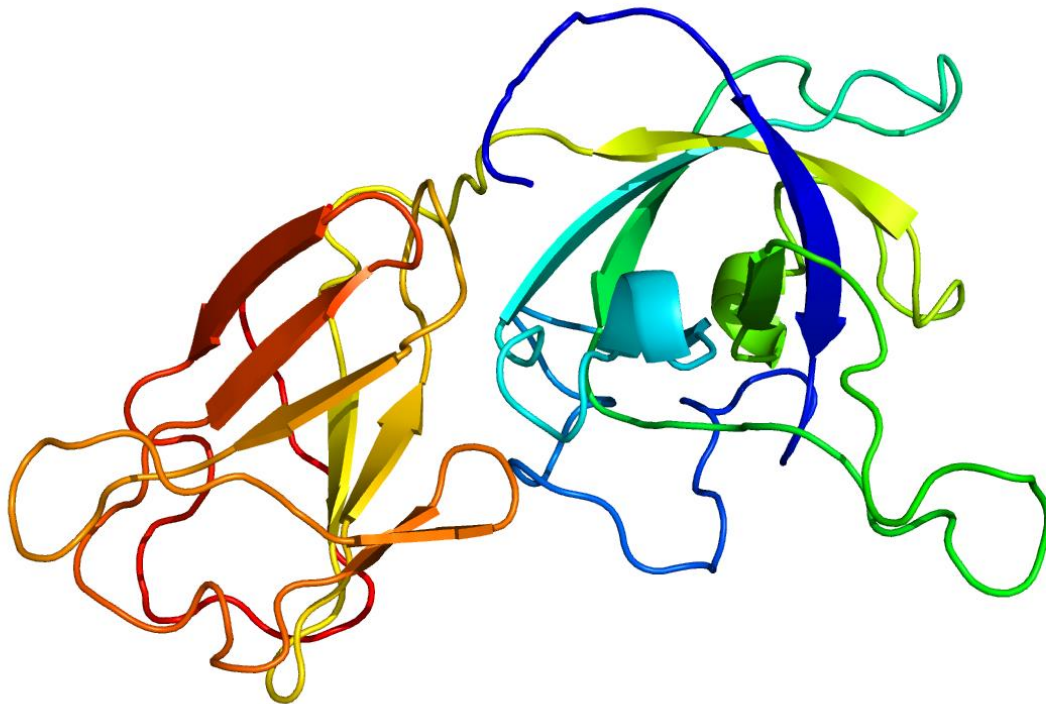
Locus: Gorai.005G142200

Gene Model: Gorai.005G142200.1

Description: GrEXPA-12

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

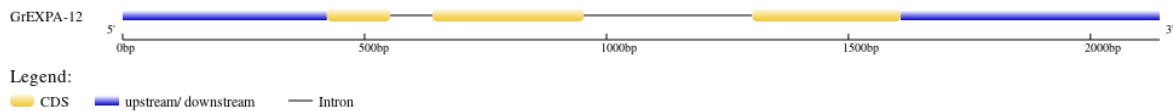
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Graimondii_v2_1

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

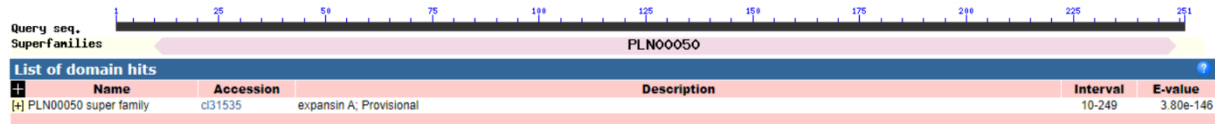
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>GrEXPA-12

MKMAFAKVFLLGFLAMVFGVQGYGGGWTNAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNL
YSQGYGTNTAALSTALFNGLSCGSCYEIKCMDGKWCLPGSIVVTATNFCPPNNAL
PNNAGGWCNPPLQHFDLSQPVFQHIAQYRAGIVPVA YRRLPCRKGGIRFTINGHSYF
NLVLITNVGGAGDVHAVAIAIKGSRTGWQPMSRNWQNWQSN TYLNGQSLSFKVTT
DGRTVVSNNVAPAGWSFGQTFTGRQFR*

CDS (coding sequence)

>GrEXPA-12

ATGAAAATGGCTTTTGCTAAGGTCCTTCTGTTGGGGTTTCTTGCGATGGTCTTTGG
TGTT CAGGATATGGTGGTGGTTGGACTAATGCACATGCAACCTTTATGGTGGG
AGTGATGCTTCAGGAACAATGGGTGGGGCTTGTGGTTATGGAAACCTGTATAGCC
AGGGTTATGGGACAAATACTGCAGCTTTGAGCACTGCTTTGTTTAAACAATGGGCT
GAGCTGTGGATCTTGCTATGAGATTAAGTGTATGGATGATGGAAAGTGGTGCCTG
CCTGGTTCCATTGTGGTCACAGCCACCAATTTCTGCCCTCCAAACAATGCTCTCCC
TAATAATGCAGGGGGCTGGTGCAACCCTCCTCTGCAACACTTTGACCTTTCTCAG
CCTGTTTTCCAACATATTGCTCAATACAGAGCTGGAATTGTGCCTGTTGCTTACAG
AAGGTTACCATGCAGAAGAAAGGGTGAATCAGGTTACCATTAATGGCCACTC
CTACTTCAACCTAGTCCTTATCACCAACGTTGGCGGTGCTGGTGTATGTACATGCG
GTGGCCATCAAGGGCTCCAGGACTGGTTGGCAGCCATGTCTAGAACTGGGGCC
AGAACTGGCAGAGCAACACCTACCTCAACGGACAAAGCCTCTCATTTAAGGTCAC
AACAAGCGACGGCCGTA CTGTGGTTTCCAACAATGTTGCCCCAGCTGGGTGGTCC
TTTGGGCAGACCTTCACTGGCCGCCAATTCCGCTAG

Nucleotide

>GrEXPA-12

GAAATCTACAAACCCACGCGGTTTCAACTTTCAACTGTACCTTCAGCAGCTCCCC
ATGTGCCTTTGTGTTTTTACCTATGAACTATTTTCTTTTTGTGAATAAACAATAG
GGCTTGGTCCCCTTTAGCTCAAAGTGGTAGTTAGGTTTAGTTGTAACCTTGCAACG
GTGCCATCCCCCAAATTTCTATAAATCCCCCTTCACCTTCTCCCCTTTTTCCTC
ACTCAGCTGCCTTGCACCTCATCTCCTACCTCTTTTTTCGCTCTTCCCATCTTCTC
CTCTTCATGTAATATTCTTATCCCTCTCATGTTAGTTTTAGTGCTTTTTAAGAAGGA
AAAAAAAAGTTTTACCATTTTGAGTTTTTTTATGTTTCTTACTCGCAAGTGCTTAA
ACAACTTCACTTGTTGTTTGTTCGCAGGAAAATGGCTTTTGCTAAGGTCTTTCTG

TTGGGGTTTCTTGCGATGGTCTTTGGTGTTCAGGGATATGGTGGTGGTTGGACTAA
TGCACATGCAACCTTTTATGGTGGGAGTGATGCTTCAGGAACAATGGGTATGCTT
CAAATGAAGCCATTTTTTAGGCACAACGGTTTGGGTTGGATGGCTTATTTCACTA
ATTCTTAACTTGGGTCTTTTTTAGGTGGGGCTTGTGGTTATGGAAACCTGTATAGC
CAGGGTTATGGGACAAATACTGCAGCTTTGAGCACTGCTTTGTTTAAACAATGGGC
TGAGCTGTGGATCTTGCTATGAGATTAAGTGTATGGATGATGGAAAGTGGTGCCT
GCCTGGTTCATTGTGGTCACAGCCACCAATTTCTGCCCTCCAAACAATGCTCTCC
CTAATAATGCAGGGGGCTGGTGCACCCTCCTCTGCAACACTTTGACCTTTCTCA
GCCTGTTTTCCAACATATTGCTCAATACAGAGCTGGAATTGTGCCTGTTGCTTACA
GAAGGTATTTTTTGCCTTTTGCTGCTTCCCTGTGAAATGGGCTTTCTAAAGAGGCC
TATTTATTTCTCTAACCCTCAGTAATTTCAAATTTAACTTGGCTAGTGGTCCAAT
TCTTTTAGTAATGTATGAAAAACCTTTTTAAGGCAGTAAAAAGGTCAATGGCAGC
ATATGAGGTCTGCTTTTCTCCCTATTAGAGTAATATTTAGGGTCAGTTTCTGTTTT
GCAAGGCAAACAACAACACTTTTGGTCATTTCCCTCTGGAAAATACATTGCTTTT
ACTTTGTTTAAATGGGTAGTAACCTGCAGTAACATCACTTACTTTTATTAACCATT
GGGTTTTTTACTTTGTAGGTTACCATGCAGAAGAAAGGGTGGAAATCAGGTTCCACC
ATTAATGGCCACTCCTACTTCAACCTAGTCCTTATCACCAACGTTGGCGGTGCTGG
TGATGTACATGCGGTGGCCATCAAGGGCTCCAGGACTGGTTGGCAGCCCATGTCT
AGAACTGGGGCCAGAACTGGCAGAGCAACACCTACCTCAACGGACAAAGCCTC
TCATTTAAGGTCACAACAAGCGACGGCCGTAAGTGTGGTTTCCAACAATGTTGCC
CAGCTGGGTGGTCCTTTGGGCAGACCTTCACTGGCCGCAATTCCGCTAGAGGAA
CACATTATCATCTTAGGCTTTTGAAGTTTTAATTAATAATTACTATATAAATATAC
CAAGCATCCGAAGTAGTATTTAACTAGCTTGACTTTTAGTATAGCTAGCATATTAT
ACTCTATCTATAGGGCCCTATAGTGGGACTTTCGGGTCACTCAAAAATGTGAAGG
GCTTATTTTAAAGTAGCCCTTTTATCATTTTGGGTTTTTAGTTTTATTATGGGGTAG
GTGTCCTAATTAAGGTACCTTTTTTTTTTAAAAAAGTATTAAGGGTCACTTTTCCTT
CTGTTGTTTGTCAAACAGGAGGAGATGGCAGAGGTGGGACTTTTACCACCCGCC
AGCAGTGTTAACCTAGTAGGTCCTCTGGTTTTTTTTTTTCTCCTTTTGGGATGTTGA
GAAGCATTGTTTGGCTTGTAAGCTCAATTCATCATCTTTTGTGGATGATTAATTT
TATCTCCTTGGATTTTATCATATATGTATGAGAGTAATTTGGAAATTTTGCAATGC
AAAACCTGAACTTTGATTTATTACGAT