

## IDENTIFICATION

**Species:** *Gossypium raimondii*

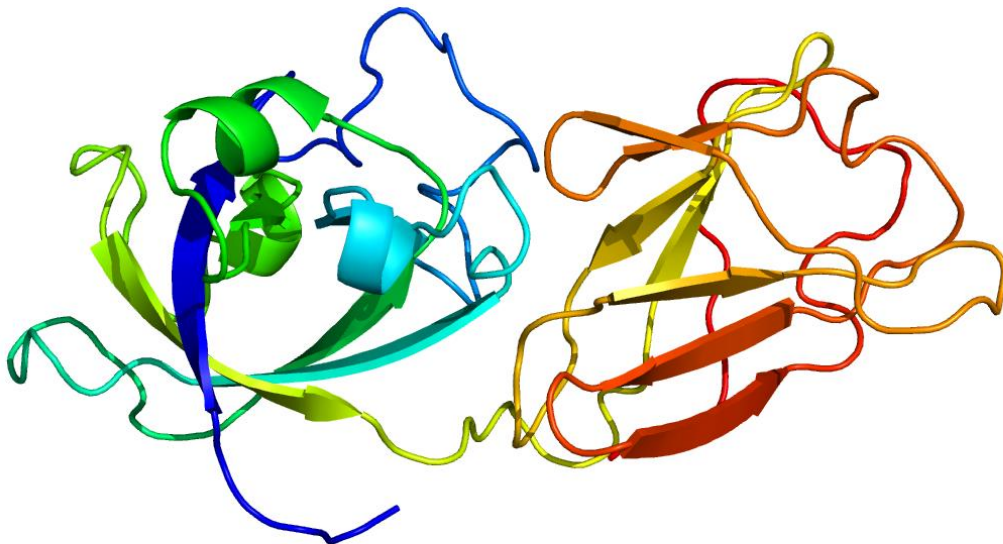
**Locus:** Gorai.006G015100

**Gene Model:** Gorai.006G015100.1

**Description:** GrEXPA-15

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

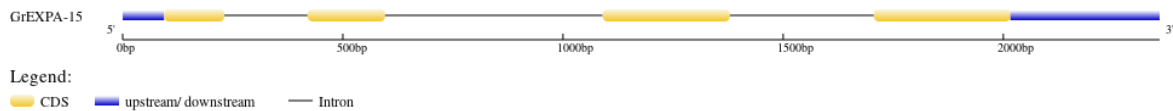
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Graimondii\\_v2\\_1](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Graimondii_v2_1)

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

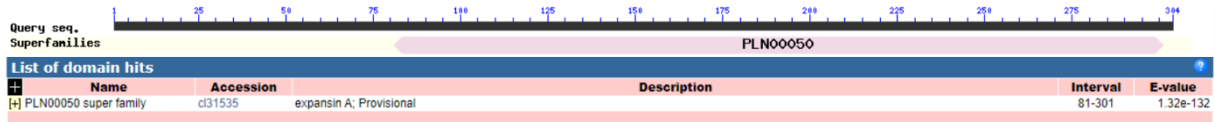
## EXTERNAL RESOURCES

[https://www.cottongen.org/species/Gossypium\\_raimondii/jgi\\_genome\\_221](https://www.cottongen.org/species/Gossypium_raimondii/jgi_genome_221)

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>GrEXPA-15

MQWVGPKSQQLKWRSNCSGLLTLALYLPFQHHPSFHFHKQLLSRAMAILGFFVTV  
LLVQVVNFVDGFPWNHHSHRPHRGYHGPWINAHATFYGGDASGTMGGACGYG  
NLYSQGYGVNTAALSSALFDNGMSCGACYELRCVNDPQWCLPGSIVVTATNFCPPG  
GWCDPNHHFDLSQPIFQHIAQYKAGIVPVIYRRVRCRRSGGIRFTINGHSYFNLVLIT  
NVGGAGDVHSAIKGSRTRWQQMSRNWQNWQSNAYLNGQSLSLVTTSDGRSVL  
SYNIAPPGWSFGQTYTGRQFRF\*

### CDS (coding sequence)

>GrEXPA-15

ATGCAGTGGGTTGGTCCCAAGTCCCAACAGCTCAAATGGCGTTCAAATTGTCAGT  
CAGGTTTGATTTTACTGCCCCTCTATTTATTTCCCTTCCAACACCACCCCTCTTTTC  
ATTTCCATAAACAACCTCCTTTCAAGAGCAATGGCAATTTTGGGGTTTTTTGTAGTT  
GTGTTACTTGTTCAGTCAACTTTGTTGATGGTTTTCCATGGAATCATCATCA  
TAGTCATCGTCCCATCGTGGATATCATGGACCATGGATCAATGCTCATGCCACTT  
TCTATGGAGGTGGTGTATGCGTCTGGAACAATGGGTGGAGCATGTGGGTATGGAA  
ACCTGTATAGCCAAGGATATGGTGTAAATACAGCAGCATTGAGCAGTGCATTGTT  
TGACAATGGAATGAGCTGTGGTGCATGTTATGAGCTGAGGTGCGTGAATGACCCG  
CAATGGTGCTTGCTGGTTCCATTGTGGTCCACCCTAATTCTGCCACCCCG  
TGGCTGGTGTGACCCTCCTAACCACCACTTTGACCTCTCTCAGCCTATTTCCAGC  
ACATTGCTCAGTACAAAGCTGGAATTGTCCCTGTTATTTACAGAAGGGTAAGATG  
CAGGAGAAGTGGGGGAATAAGGTTCCACCATTAATGGCCATTCTTACTTCAATTA  
GTGCTTATAACCAATGTTGGAGGTGCCGGTGATGTCCATTCAGTCGCCATTAAAG  
GTTCAAGGACCAGATGGCAACAAATGTCCAGAACTGGGGCCAAAACCTGGCAA  
GCAATGCTTACCTCAATGGCCAAAGCCTCTCCTTTCTCGTTACAACCAGTGATGGC  
CGCAGTGTCTCTTACAACATTGCTCCCCCTGGTTGGTCTTCGGTCAAACCTA  
CACCGGCCGCCAGTTCCGCTTCTAA

### Nucleotide

>GrEXPA-15

ACTTCCCAGCTATCCCCATATTTAAAAAAGAAAGAAAATCCCTACATTTTTTC  
CACAAAATCAATCAAGCCCCGAAAAAAGAACCCTAATGCAGTGGGTTGGTC  
CCAAGTCCCAACAGCTCAAATGGCGTTCAAATTGTCAGTCAGGTTTGATTTTGAC  
TGCCCTCTATTTATTTCCCTTCCAACACCACCCCTCTTTTCATTTCCATAAACAAC

CCTTTCAAGGTTCAATTTACTACTCCCCATTCTTTTTTCATTTCTCTTCCAGTTTTCTC  
TTTTTTCACHTTTAAAACAGCAAAATGGGAAAAAAATGGGGTTTGCTGCTTGTATT  
CTCCAGTAGTTTTAGACTTTTTTAAGCACAAATTTATCATTCTGAGTGGCTTATG  
GAGTTTGTATTTGTTTTTTTCATGTGCAGAGCAATGGCAATTTTGGGGTTTTTTGT  
AGTTGTGTTACTTGTTCAAGTCGTCAACTTTGTTGATGGTTTTCCATGGAATCATC  
ATCATAGTCATCGTCCCCATCGTGGATATCATGGACCATGGATCAATGCTCATGC  
CACTTTCTATGGAGGTGGTGTATGCGTCTGGAACAATGGGTACATTTCAATTTTCA  
AACCCCCCCCCCTTCACATTTTCTCCTTTTGGTTGTTTAAGCGTTAAACGCGAGT  
GTCAAATAATGCATGGATTGGATTGTTGTTGAGGTAATGGTCTGTAAAATTA  
TGCATTTTGTTTTTTCTACTTAATCCATTAGTATTTATTTAAAATTTTATTCATTTCT  
ATTATTATAAACTGGTTCATATAAGTAAAAAACTATGAGTATTCTATCAATCACG  
TTTATTTTTTAACAAAAAAAAGTAAATAGAGTTTTTAATAAAAATCAGTTTATTCT  
TTGATTTAATGAATCAAGGTTAATTTATTCATATTTTTTTAATGAAAAAAAATACA  
ATTTAATTAGTAATATAAGTATATTTTTTATTAGTACTTTCAACATTGGCTCAGATA  
TATATATCGAGTGTTGGGTAATAATATCTCATAATCAAATATGTGGTAGAAAAGT  
TGGATTTACATAATGGGGTTTTGGGTGTAGGTGGAGCATGTGGGTATGGAAACCT  
GTATAGCCAAGGATATGGTGTTAATACAGCAGCATTGAGCAGTGCATTGTTTGAC  
AATGGAATGAGCTGTGGTGCATGTTATGAGCTGAGGTGCGTGAATGACCCGCAAT  
GGTGCTTGCCTGGTTCCATTGTGGTCACCGCCACTAATTCTGCCACCCGGTGGC  
TGGTGTGACCCTCCTAACCACCCTTTGACCTCTCTCAGCCTATTTTCCAGCACAT  
TGCTCAGTACAAAGCTGGAATTGTCCCTGTTATTTACAGAAGGTAACCATAATTG  
CTTATTTTTTCACCTCGAAATTTCAAACAATAAAAATCCCATTGTACTTGTGCGGTTA  
TTTTGAACAGTTAAACTGTAAAAACCTGATAAGTTCTATATGTATTTTTTCAAAAA  
AAATATATATATATTTTTTTAAATTTTAACTAAAATATAAAAATGGCAGAAATATC  
TTTATAGTAATGGTTTTTTATTTTATATATAAAAAAATTATTAATTTTTTAAATTGAGT  
TGAAACATGATTGATGGACCACGTTAATTTAGATAATCTTTAAAAAATGGTAATT  
ACATTTAATGATAGAAAACCTGAATTGTTTTGCAGGGTAAGATGCAGGAGAAGT  
GGGGGAATAAGGTTACACCATTAATGGCCATTCTTACTTCAATTTAGTGCTTATAAC  
CAATGTTGGAGGTGCCGGTGTATGTCCATTCAGTCGCCATTAAGGTTCAAGGACC  
AGATGGCAACAAATGTCCAGAAACTGGGGCCAAAACCTGGCAAAGCAATGCTTAC  
CTCAATGGCCAAAGCCTCTCCTTTCTCGTTACAACCAGTGATGGCCGCAGTGTCTCT  
CTCTTACAACATTGCTCCCCCTGGTTGGTCTTCGGTCAAACCTACACCGGCCGCC  
AGTTCCGCTTCTAAGATCCGACGCAAATGTTATGACTGTTCTTTTAGGGCGAGTTA  
AAGTAGAATTTGAACCCAAAGCTTTATTATTATTTTAAATGGCGAGTTTTTGCAGTT  
CAGTTGGCTTTGAATTGAAGCCTGTAAGTTAACTGCTTAATCAAATTATGAAGGG  
GTGTTTTTTTTTTTTTTTAAATGCCAAAGGCACTTTTGTCTGCTTGTGACAAGCCAT  
TGAAATGCTCCCTTTTCTGCTGATGGCTAAAGTCTTTGTTTTTATGTACTTTTGAAC  
ACAATTATTGGTGAATTTTAGAAAGATTCAGCGATTTGTAGTGATGATAGAAAGT  
TCTTTTTGTTCATTATT