

IDENTIFICATION

Species: *Manihot esculenta*

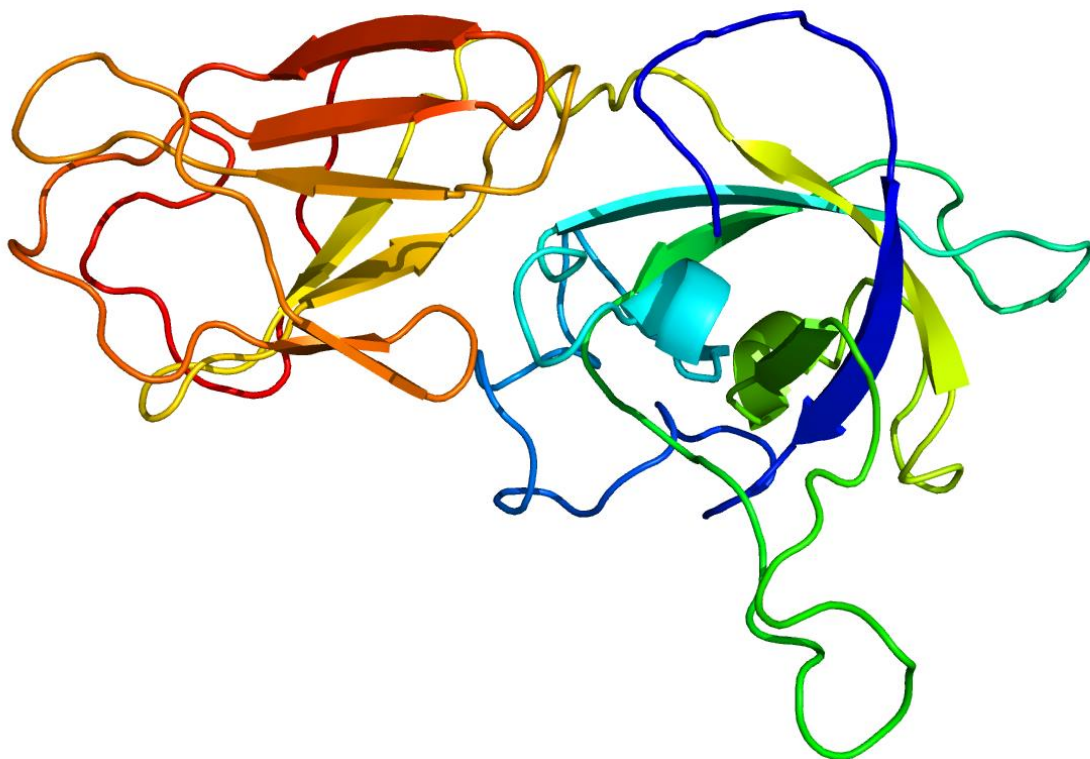
Locus: Manes.08G148500

Gene Model: Manes.08G148500.1

Description: MsEXPA-22

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mesculenta_v7_1

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T05761>

EXTERNAL RESOURCES

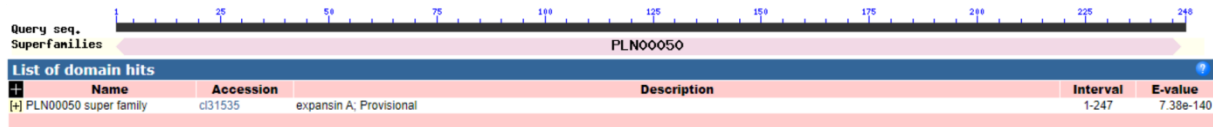
<https://cassavagenome.org/>

<https://cassavabase.org/>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>MsEXPA-22

MDFLGIYLITFLAISKRIHGYASGWSNAHATFYGGGDASGTMGGACGYGNLYSQGY
GTNTAALSTALFNNGLTGACFEIKCADDPTWCLTGSIIVTATNFCPSNSALPSNAGG
WCNPPLQHFDLSQPVFQHIAHSKAGIIPVQYRRVACRKIGGIRFTINGHAYFNLVLITN
VGGAGDVVSYSIKGSTTGWQLMSHNWQNWQSNLNLNGQALSFKVTTSDGDSIISN
NVAPPNWAYGQTFTGRQF*

CDS (coding sequence)

>MsEXPA-22

ATGGATTTTCTTGGCATTATCTGATAACTTTCCTAGCCATTAGCAAAAGAATTCA
TGGGTATGCAAGTGGATGGTCTAATGCTCATGCTACCTTCTATGGAGGTGGTGAT
GCTTCTGGCACAATGGGAGGAGCTTGTGGTACGGAAACCTTTACAGCCAAGGCT
ATGGGACAAACACAGCTGCTTTGAGCACTGCTCTATTCAACAATGGACTAAGCTG
TGGAGCATGTTTTGAAATCAAGTGTGCAGATGATCCTACGTGGTGCCTAACAGGT
TCCATAATTGTCACAGCAACAATTTTTGCCCTTCAAATAGTGCTCTCCAAGCAA
TGCAGGAGGCTGGTGCAATCCTCCCTTGCAACACTTTGATCTTTCTCAGCCTGTTT
TTCAACACATAGCTCATTCCAAAGCAGGGATAATCCCGGTTCAATACAGAAGGGT
TGCTTGCAGGAAAATTGGAGGAATAAGGTTCCACCATAAATGGACATGCATACTTC
AACCTTGTCTTATAACCAATGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
CAAAGGATCTACAAGTGGTGGCAACTAATGTCTCATAACTGGGGCCAAAATTGG
CAAAGCAACTCCAACCTTAATGGTCAAGCACTCTCTTTCAAGGTCACAACAAGTG
ATGGAGACTCTATCATCTCAAACAACGTTGCTCCTCCAAGTGGGCTTATGGCCA
AACCTTCACTGGTAGACAGTTCTAG

Nucleotide

>MsEXPA-22

ACAAACCTATGATGAAATTTAACTTTAACAAGACAAATCTTTTAGTGTCAAGCAA
TAAAGTTAAGGCTTTATCTTGGTGGGAAAACAGTCATTCTTGCTAATCTAATGCTT
TCTGAAGCAGACATGTTCCCTTCTTTTTCAAAAAAATCAAGATATCCTTTTTTCAGT
TTTCTTTATTAAGCTGGCGGCAAAAGTGACAACCTCATAAAATTATAGGCATACA
AGAGATGTCAATTATGCCTTTTTTTTTTTTATTCCATAATTTAATCCTGCACACATGG
GGCTATGAGCTTGGCAGCATTACAGCCAATGTTCTCTTTTGCACGTCTATAAATAC
AGCTTTTTCTTCTATACATCCATTGACTCTTGCCATCCAATCTGATTTCTCTAAGT
TCAGACTACTTCTGTAAGCACAAATCCTTCGTTATTTGTCTTCTATGTTGTCATATC

ATCACAAAACATAGGATCAGTGGATTTTTGAACTTTGTTTTCTTTACTCTTTCT
GCAGGAAATGGATTTTCTTGGCATTATCTGATAACTTTCCTAGCCATTAGCAAAA
GAATTCATGGGTATGCAAGTGGATGGTCTAATGCTCATGCTACCTTCTATGGAGG
TGGTGATGCTTCTGGCACAATGGGTAAGAACAAGCCCTTATTTGGTTGGAGTAA
TTCAATTAGGGAAATTCAAGTTCCTAGTAGGTGTTAAAATTGTATCTGCTTGATTG
GTATTTTACTTGATTTTCTGGAAAGTTGAAGGCATTTTTCCCTGAAGTTACTTTC
AGAAATTCACTTCCTAACTCATTGAAACCAACAAGACTAAGAAGCAAACACAAT
CAAAACCTGTTGAACAAGCATTTCCTTACTATGTAGTTCTTGGCTGAAGAAATTCT
TGGTTTGTGTAGGAGGAGCTTGTGGTTACGGAAACCTTTACAGCCAAGGCTATG
GGACAAACACAGCTGCTTTGAGCACTGCTCTATTCAACAATGGACTAACTTGTGG
AGCATGTTTTGAAATCAAGTGTGCAGATGATCCTACGTGGTGCCTAACAGGTTCC
ATAATTGTCACAGCAACAATTTTTGCCCTTCAAATAGTGCTCTCCAAGCAATG
CAGGAGGCTGGTGCAATCCTCCCTTGAACACTTTGATCTTTCTCAGCCTGTTTTT
CAACACATAGCTCATTCAAAGCAGGGATAATCCCGGTTCAATACAGAAGGTAA
AACTTTAAATTTTCTACAACCTGTTAAGCTTTCTGTTGAAACAATATACACCTGC
ACTCGTTGATAGATAAGGAGAAAGAGAATAGTCACAAAAATTTAATATGGTTTCG
GTGGTAAGGTACGTTAATGGAGAAGACTGAGATAAAGTTCCATTATAAAAAATA
TATAATATAGGATAGGAAATATACAATTATTTATACTCTGTAACCTTTCAGGTAAG
GTCAAATTCGACCCATGAGAAAATATATCAAAGTTCAAGCACATAATTAECTAT
TTCATCATTATTATTTTGTCAAGCCTCTTTCTTTAATCAGTTCTCCAATCAGTTAA
TTGTATTCACACAGATTGATTTTTGTTAAAATTATAGTGATTTTAATTTGAATTTT
TGGCTACGGTCTGGGTATGTACACATTTATTCTTATGTGAAAAAAAAAAAAACAAGC
CGAGGGGAGAGCCGGTGTGCACACGTGTGTGGTATGATCTTTGTTGAGGTCCTTC
CGATTGGGTACTTCACAGGCTGGTCCTTCGAGATCTACATTGGTTATAGATAAGT
GTGTATGAACTTATATATCACAATAAACCTTGTAAGGTATCATAATTTTGACTT
GAATTC AATAGTTGCAATCTGTGCGTATATGCACGTCTATTTAAAAGAAGTGTGTT
CACATTCTGTCTGCTTTTGTGTCAGGGTTGCTTGCAGGAAAATTGGAGGAATAAG
GTTCAACCATAAATGGACATGCATACTTCAACCTTGTCTTATAACCAATGTTGGTG
GTGCTGGTGATGTTGTGTCCGTCTCCATCAAAGGATCTACAACCTGGTTGGCAACT
AATGTCTCATAACTGGGGCCAAAATTGGCAAAGCAACTCCAACCTTAATGGTCAA
GCACTCTCTTTCAAGGTCACAACAAGTGATGGAGACTCTATCATCTCAAACAACG
TTGCTCCTCCCAACTGGGCTTATGGCAAACCTTCACTGGTAGACAGTTCTAGCTT
TTATAAACTGGGACTAAAACCTGACTAAAATCACTTAAAAAGATTATAAACCTA
AAGCTCCTAATGGTAATTAGTAGTGATTAATTATAAATGATTTGTAACTATGAT
ATGTGATGGTAATTGTAAAATAGTTACAATGGTGGTCATAGCAATGGGCCCTTTT
AGCCATGGCCCCAAATGCTACATTTCTTGGGTTGCTGTTCTTCAGTTCACACCCTG
TTTATGGGTTGATGTGTAATGTTGGTTTAGAAGATGAAAAGGGATTCTCTGTGCCT
CACCAATTTTCAAGGTTAGGGTAAAATCCCCACAGGTCATTGAAGGGTGTGAGAG
TTTTCTAGTTGACTGTATTTAAGCTTTTAGCTTGGAAAGTGTTCATGAAATGTC
ACTGTATGCAATAAATTCAATAAGTGAGATGGAATTGAATTTAATCCTTCAAATT
TGT