

IDENTIFICATION

Species: *Sesamum indicum*

Locus: XP_011088678

Gene Model: XP_011088678.1

Description: SinEXLA-01

Family: Expansin Like Alpha

3D structure:



GENOME DATABASES

NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Sesamum+indicum%5Borgn%5D>

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/gn:T04135>

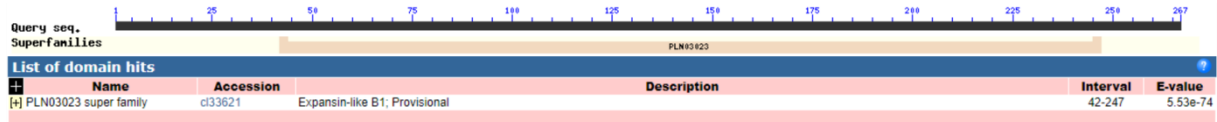
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>SinEXLA-01

MTGGAMLLIISLLLVAASSAIACDRCVHQSKVAFFSKAEALVSGACGYGSLAIGFNGGR
IAAAAPSIYKEGAGCGACFQMRCKNEDICSKEGTRIIVSDRNEDNGTDFVLSSRGMFMG
MAKKGMGQDILKLGVDVEYKRIPCDYKDKNLALGVEESSHNPNYLAVKFLYQGG
QTEIVAVDVAQVGSNNWKMMSRKYGAVWDTSRVPSGGLQFRFVVTSGFDGKWWY
AKNVLPADWKNGVIYDSGLQITDIAQEGCSPCDLQQPTYKHH

CDS (coding sequence)

>SinEXLA-01

TGATAATGTGAAAGGCGCGTTAAGGGCAAGTGCTTGTCTCTTTCCTTCTCATCTCA
TCGCATCACAAGATTTCAAATATAAGATTCAGCACACAATATTTATTTATATAAT
ATATTACAGCAACATATGAGTTAGGATTTACCTGTTTCTCTTCTCCACCCCTTACG
CCTTCCCCCTCACACTATATATATCTCTACTCTGCTCATGATACCCATCACCCCA
GAGAGAACTAATTACATAGAAGATGACAGGTGGTGCTATGCTGTTGATTATATC
TCTCCTCCTGGTTGCCTCCTCTGCAATCGCGTGCATCGCTGCGTCCACCAATCAA
AAGTTGCTTTCTTTTCAAAGCTGAAGCCCTTGTGTCGGGAGCTTGTGGGTATGGT
TCTCTGGCAATAGGATTCAACGGGGGTTCGCAATTGCAGCCGCCGCACCCTCCATTT
ACAAAGAAGGAGCTGGTTGCGGCGCATGTTTTTCAGATGAGATGCAAGAATGAAG
ATATTTGCAGTAAAGAAGGGACTAGGATAATAGTGAGTGATCGGAATGAAGATA
ACGGGACTGACTTTGTATTGAGCAGCAGAGGTTTCATGGGGATGGCGAAGAAGG
GAATGGGTCAGGACATATTGAACTTGGGGTGGTTGATGTTGAATACAAGAGGA
TACCATGTGATTACAAGGACAAGAATCTGGCACTTGGTGTGGAAGAATCAAGCC
ACAACCCTAATTATTTAGCCGTTAAGTTCTTATATCAAGGTGGTCAAACAGAAAT
TGTCGCAGTCGACGTGGCTCAGGTTGGATCATCAAATTGGAAGATGATGAGTAGA
AAGTACGGTGCTGTATGGGACACAAGTAGGGTGCCGAGTGGGGGTTTGCAGTTCC
GTTTTGTAGTGACTTCAGGGTTCGATGGGAAATGGTATTGGGCCAAAAACGTGCT
GCCTGCGGATTGGAAAAACGGTGTGATTTATGATTCGGGCCTCAAATCACTGAT
ATTGCTCAAGAAGGCTGCTCTCCTTGTGACCTGCAACAACCCACTTACAAACATC
ATTAATTATACTACTACTTGTACTTCACTACACAACATCATCATCATCCT
TAATAATCCCATTTGTTGGTGGTTGTAAATAAAATAGCAGTTTTACTACTAGTGTT
ATATATTTCTACAAATAGAGTAGATTAGAA

Nucleotide

>SinEXLA-01

TGTTCCATTTTTGAGTTTGAACCTCGCTGTTGTAGATTATGAATGATATAGGGGGTT
GGGAGTGGTTGTATATAGAAATAGATTGATCCATCAAAATCCCAATTTCTCTGTA
TATTGCTGACAGTAATCGTTTTTCATAAATCGAATTAATGTGATGTAATAATGAGT
AGTGGGTTGTTGTAGGATATCCCATATTGTAAGGAATTTGATTGTGATGAGTTAG
TTAACTGAAGGGGGGAAAAGAAGGCCAAAAGGCCAAATAATAGCAGAAGAAAAG
GATATCTGAGTTGAGAGGGCAACTGAATTTGTTAAGAAATCGAGAATAGCATTGC
GTGTACCAATTTGTTAAGAACTCAAAAACCACACCACCTCAGGAAAGTGGATGG
ATCCACATGAAAATCAGTATAAAAACAGACCATTTTGTTTAAAAAAGTCGGTGTG
TCCAAACCCACTAACACTGCCAACCCAATTAATAATATACACTTTTTAATTTTTTG
AAAGGATGATAATGTGAAAGGCGCGTTAAGGGCAAGTGCTTGTCTCTTTCCTTCT
CATCTCATCGCATCACAGATTTCAAATATAAGATTCAGCACACAATATTTATTTA
TATAATATATTACAGCAACATATGAGTTAGGATTTACCTGTTTCTCTTCTCCACCC
CTTACGCCCTTCCCCCTCACACTATATATATCTCTACTCTGCTCATGATACCCATCA
CCCCAGAGAGAACTAATTACATAGAAGATGACAGGTGGTGTCTATGCTGTTGAT
TATATCTCTCTCTGGTTGCCTCCTCTGCAATCGCGTGCATCGCTGCGTCCACC
AATCAAAAGTTGCTTTCTTTTCCAAAGCTGAAGCCCTTGTGTGTAAGATTTATTA
TGATTCAATATTCAACATTAATTTTCATCCATATTTGTGTTTGAATTGAAAAAATA
CAAGTAACTAATAATGCAGCGGGAGCTTGTGGGTATGGTTCTCTGGCAATAGGAT
TCAACGGGGGTCGCATTGCAGCCGCCGCACCCTCCATTTACAAAGAAGGAGCTGG
TTGCGGCGCATGTTTTCAGGTATGTATCTCATCCTTAATTGAATGGATCTACCTTT
TAATATATATATATACATGATGAGATGATAATGATGTTGAATATGTAGATGAG
ATGCAAGAATGAAGATATTTGCAGTAAAGAAGGGACTAGGATAATAGTGAGTGA
TCGGAATGAAGATAACGGGACTGACTTTGTATTGAGCAGCAGAGGTTTCATGGGG
ATGGCGAAGAAGGGAATGGGTCAGGACATATTGAAACTTGGGGTGGTTGATGTT
GAATACAAGAGGTTAGCACCCTTACACATATACCACATACACTAAATAAATATT
ATTATTATTGAAGAAAGAGATAAATCTGAAATATTAATTATGAGATTATGATATT
TGGAAGAGGAGAAGTAGACCCACCACAAAGTATAGGAAATACTTTATGGTATTG
GCCATCTCTCTGTAATTGGATTCCAACCTTATATGATATGAATTACAGGATACCA
TGTGATTACAAGGACAAGAATCTGGCACTTGGTGTGGAAGAATCAAGCCACAAC
CCTAATTATTTAGCCGTTAAGTTCTTATATCAAGGTGGTCAAACAGAAATTGTCGC
AGTCGACGTGGCTCAGGTGTGATTTCATTGTAACATAAAAACAATTAGAAAAAT
ATTTATATATAAGGTTATTTTTTTGATGCGTACGTGTAGGTTGGATCATCAAATTG
GAAGATGATGAGTAGAAAGTACGGTGTGTATGGGACACAAGTAGGGTGCCGAG
TGGGGGTTTGCAGTTCCGTTTTGTAGTGACTTCAGGGTTCGATGGGAAATGGTATT
GGGCCAAAACGTGCTGCCTGCGGATTGGAAAAACGGTGTGATTTATGATTCGGG
CCTCCAAATCACTGATATTGCTCAAGAAGGCTGCTCTCCTTGTGACCTGCAACAA
CCCCTTACAAACATCATTAAATATACTACTACTACTTGTACTTCACTACACAACA
TCATCATCATCCTTAATAATCCCATTTGTTGGTGGTTGTAAATAAAATAGCAG
TTTTACTACTAGTGTTATATATTTCTACAAATAGAGTAGATTAGAATGGGGCTTCT
CATTTATATCCCATATATAATATCCAAAAATAAAATTGCCGTTCCGATTCTCAAT
AGCAAGTATGGAGCTTTTGGGGACAGGAGCAAGAGGCACCCAATGGGCCACCGC
AAACGCTATTGCCCAAACCTTAACCACTCATCTACTCTTTCTCAACTTGGAAACA
TTCAACTTAACCAAATATCTTGTTTAACTTCATACCACCTTTCTTTAATTTACAATT
TTTCAAAATACTAATAATAAATGCATACTTGTTTTATGTTGTTCTTTGTTATACAA
GTGCTGGGACAATTAACACTTTTTTCAGTCCCACAATTAACAAAATAGGTTTCATA

AAATTA AAAAATATGGTATTTTTTTGTTCTAAAGACAACAATCACCGAATTAGGC
ACGTATCTGCCTAATTAAGAAAATGAGATTGCACTTCTTGTCCTATATATAGGAC
CATAAAATATGGGCTATTGCAAGTTTAGTCCCACATGAAGAGGTTA