

IDENTIFICATION

Species: *Salix purpurea*

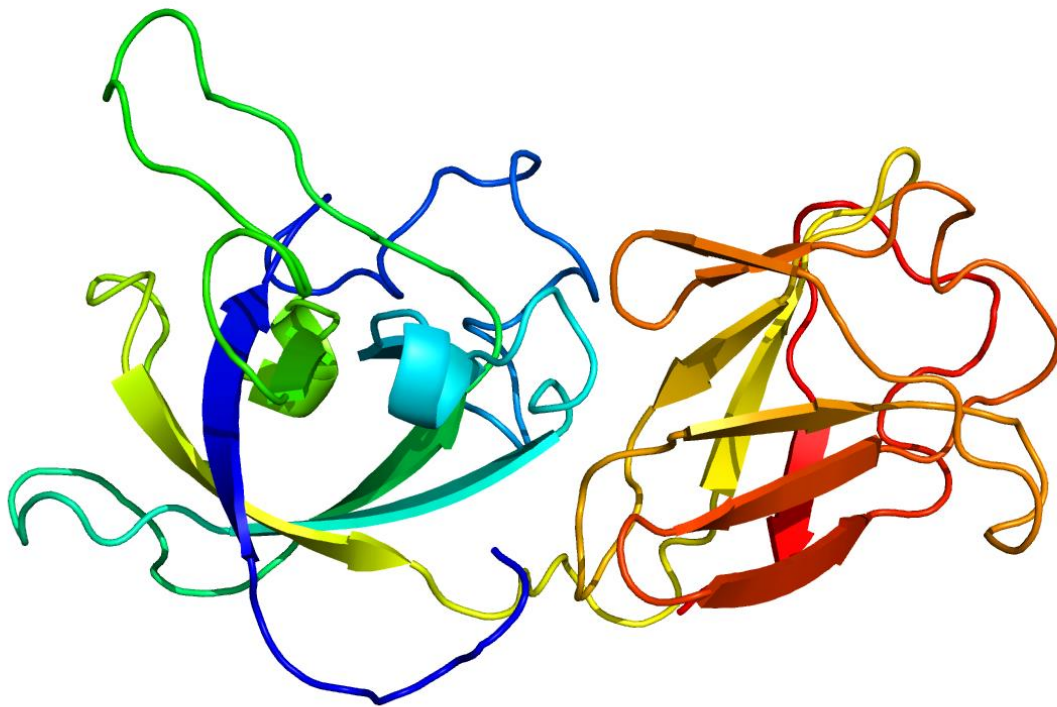
Locus: Sapur.010G128800

Gene Model: Sapur.010G128800.1.p

Description: SprEXPA-14

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

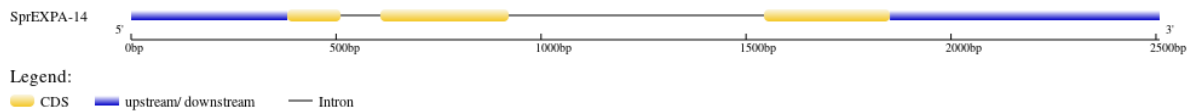
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Spurpurea_v5_1

KEGG:-

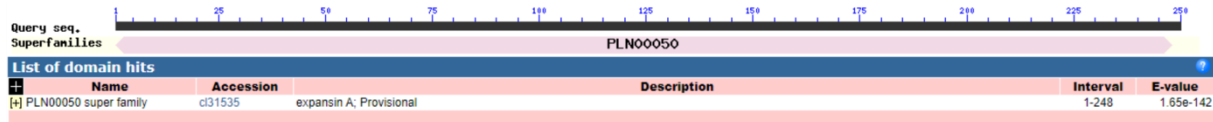
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>SprEXPA-14

MALTGIFLVGLLAMVSSVNGYGGGGWINAHATFYGGGDASGTMGGACGYGNLYSQ
GYGTNTAALSTALFNGLSCGSCYEIRCVSDPKWCLPGSIVITATNFCPPNNALPNA
GGWCNPPQHFDLSQPVFQHIAQFRAGIVPVSYRRVPCRRRGGIRFTINGHSYFNLVLI
TNVGGAGDVHSVSVKGSRTGWQPMSRNWQNWQSNNYLNQSLSFKVTTSDGRT
LVSYNVAPSSWSFGQTFSGAQFR*

CDS (coding sequence)

>SprEXPA-14

ATGGCTCTAACTGGAATCTTCTTGGTGGGTCTCCTTGCAATGGTTTCATCTGTAA
TGGTTATGGTGGTGGAGGCTGGATTAATGCTCATGCAACATTCTACGGAGGTGGT
GATGCTTCTGGGACAATGGGTGGGGCTTGCGGTTATGGGAACTTGTACAGCCAGG
GGTATGGTACTAACACTGCAGCTTTGAGCACAGCTCTGTTCAACAACGGGCTAAG
CTGTGGATCTTGCTACGAGATTAGGTGCGTGAGTGACCCCAAATGGTGTCTGCCT
GGCTCCATTGTTATCACCGCCACCAACTTCTGCCCTCCGAACAATGCCCTGCCTAA
CAATGCAGGGGGCTGGTGCAATCCTCCTCAGCACCATTTCGATCTCTCCAGCCT
GTCTTCCAACACATTGCCCAATTCAGAGCTGGAATTGTGCCCGTGTCTTACAGGA
GGGTACCCTGCAGGAGGAGAGGAGGCATAAGGTTTACAATCAACGGTCACTCTT
ACTTCAATCTAGTCTGATTACTAACGTTGGTGGCGCTGGTGATGTGCATTCTGTG
TCCGTCAAGGGGTCAAGAACTGGTTGGCAACCAATGTCCAGGAACTGGGGTCAA
AATTGGCAGAGCAACAATTATCTCAACGGACAAAGCCTTTCATTTAAGGTCACCA
CCAGTGATGGCCGTACCCTTGTCTCCTACAACGTGGCTCCTTCTAGCTGGTCTTTC
GGGCAGACCTTCTCCGGTGCCAGTTTCGTTAG

Nucleotide

>SprEXPA-14

CAAAGCTAACATGTGCTCTTGTTTTTCAAACCTGCAACTTTTTTATGCCGTAGCGG
TTTATGGTGCCCCAGCTGCTCTTCAAGGATGTGTTTATGTGACTAAGTGACGGT
GGTGGCCAAAATAGCAACTCCCCCTGCTAAATTTCTATAAATACTACCTCATCCC
CTCCCAACTTCTCCACTCACCTGCTTCTCATTGCTCTTTTCGTGCTCTCTCCTTTTC
TCTCCTCTCAAGTTTCAATCTTCGTGTAATAATTCTGTCTATCTTCTCTCACATTG
CTCTGTTATGTATTGTTTCTTTTGTACCACACACAAAAAAGTGAGCTTCGTGGG

TTTTCAAAAAAACTAAAATAGATCATCTCTTTGTGCAGGAAGATGGCTCTAACT
GGAATCTTCTTGGTGGGTCTCCTTGCAATGGTTTCATCTGTTAATGGTTATGGTGG
TGGAGGCTGGATTAATGCTCATGCAACATTCTACGGAGGTGGTGTGCTTCTGGG
ACAATGGGTATGGCTGTTCTTCGGGAAAGAAGAACTTTTTAAAGAAATTAATCTC
TTTTAGGGGCACCCGTTTGACTAATTTGCATAAAAACATGTAATTCAGGTGGGG
CTTGCGGTTATGGGAACCTTGTACAGCCAGGGGTATGGTACTAACACTGCAGCTTT
GAGCACAGCTCTGTTCAACAACGGGCTAAGCTGTGGATCTTGCTACGAGATTAGG
TGCGTGAGTGACCCCAAATGGTGTCTGCCTGGCTCCATTGTTATCACCGCCACCA
ACTTCTGCCCTCCGAACAATGCCCTGCCTAACAATGCAGGGGGCTGGTGAATCC
TCCTCAGCACCATTTCGATCTCTCCCAGCCTGTCTTCCAACACATTGCCCAATTCA
GAGCTGGAATTGTGCCCGTGTCTTACAGGAGGTACGCCTCTGTCTACTTGAGCGC
CCCATATAGGCCTTTTGAAGTAGAATTTTGGCTGCCATACTGTTTATAATGAATTT
AGTCTCACTTTACCCTGGATTAAGCTGCTGGCGAGGTTTATCTAGGTCCTTAACCA
GTTTCCATGTACTTTTTAACTCTATATTGTTCTTCTCGGTTCTACCCACTAGTTTCC
CCGTATAAACAGCACTGCAAACACCAAAAACGGTGTGCGACTACTACCTTGAAAAGT
TTAGTTTTCCCGCAGTCAACCTTCCCTCTCAAAAAGAAAACTTGGCATTCTTGT
TCTAGTTTTTTCATAACGGAGGTGAACATGCCGAATGATGAAATGTTTTTAACAA
TTTTTTTTTTTTAAAGGTTTATCATTTATGTTTCTGTGGTCCCCGCTCTATGCTTTTTCC
CACGAGCTGTTCAAAAATAAAAATAAAAAGACCAGTTTCCTCTTGCAAGTCTCCCA
TCCCTGCTAGTTATTTTTTATTGTCCCTTACCTGTAATTTTCCCTTGGCCGGACAT
GACAGATTGTCCTTTTGCCCTTGTTCATGGCTGAACCCTCTTTTCTGGCTTCGGTAT
CTGTGTTTCGTAAACTGTTTTGGTGGTTGTTGTTTGTAGGGTACCCTGCAGGAGGAG
AGGAGGCATAAGGTTCAACAATCAACGGTCACTCTTACTTCAATCTAGTCCTGATT
ACTAACGTTGGTGGCGCTGGTGTGATGTGCATTCTGTGTCCGTCAAGGGGTCAAGAA
CTGGTTGGCAACCAATGTCCAGGAACCTGGGGTCAAAATTGGCAGAGCAACAATT
ATCTCAACGGACAAAGCCTTTCATTTAAGGTCACCACCAGTGATGGCCGTACCCT
TGTCTCCTACAACGTGGCTCCTTCTAGCTGGTCTTTTCGGGCAGACCTTCTCCGGTG
CCCAGTTTCGTTAGGGACCGTGCTTCTCCTGGTGGCTCCGACTGTCCTCTCACCGA
ACTAATAAAGTTGCAGCATGTTAGGTCTTGTAATCTTAAGCTAGTTTACAAAAGT
AGTGTTAGTATGGTTTTAGTATATACTAATATACTCCTCGCATCTCAATTGGAG
GTCAGGTCAGAGTTAGGCCTCCTGGGTCAAAATGAGAAGGGCTTATTTTTAAATAG
CTCACCACTCATTTTGAGCTTAATTGAGATGCTCAGCTACTTATTCAGGGGAATTT
TTCTCTGTCTTCTGGTTTTGCCATCTTCTTCTGTGGTGAAAAAAGGGGCAGAGG
ATCTTGGCAGAGGTGGTCTTTGACCACCCGCCGCTTGTATTTTTTCTCTCCTTCCA
TGGCCTTGATTGGTCTTGGTCGTCCTTTTGTTTTTCTCTATATATTTATATATTTA
TATGTAATATTGTAAGGTCAGTGTGATCAGCTTTTGTGCTGAATTATGTCCTTGGTTT
TTAAGTCCGAGTTGTTTCGAGACCAGGTGTAACCTTCCAATTGCTACTACCAGTAA
TGATGAAAGTTGTAGTAGAGTGCTATTAATCTACTTATCTTTCGCTGTTTCCCACT
TTCTCTTCTGTTATTGTTACACAAAATGAAACGAAATAAATATCATTCTTCATCC
G