

IDENTIFICATION

Species: *Prunus persica*

Locus: Prupe.3G265800

Gene Model: Prupe.3G265800.3.p

Description: PrpEXPA-11

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

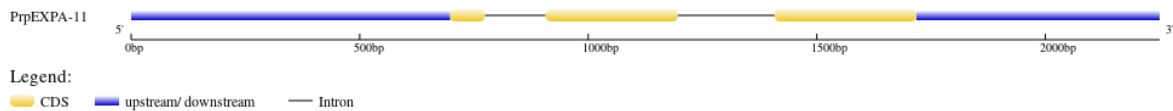
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Ppersica_v2_1

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/gn:T03092>

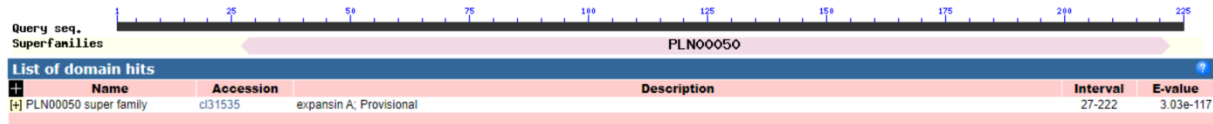
EXTERNAL RESOURCES

https://www.rosaceae.org/species/prunus_persica/genome_v2.0.a1

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>PrpEXPA-11

MGTMGAGPMLMQPFMEVVMLQAQWVCGACGYGNLYSQGYGTNTAALSTALFNN
GLSCGACYEIRC VNDPQWCLPGTIVVTATNFCPPGGWCDPPQQHFDLSQPVFLHIAQ
YRAGVVPVSYRRVRCKRRGGIRFTVNGHSYFNLVLTNVGGAGDVQSVAIKGSRTR
WQLMSRNWQNWQSNLNGQSL SFLVTTSDGRRLVSYNVAPPNWSFGQTYTGRQ
FLY*

CDS (coding sequence)

>PrpEXPA-11

ATGGGTACTATGGGGGCTGGTCCAATGCTCATGCAACCTTTTATGGAGGTGGTGA
TGCTTCAGGCACAATGGGTATGTGGGGCTTGTGGCTATGGGAACCTGTACAGCCA
GGGCTATGGGACTAACACAGCAGCACTAAGCACTGCATTGTTCAACAATGGCTTG
AGCTGTGGGGCATGCTATGAGATCAGGTGTGTAATGACCCACAGTGGTGCCTCC
CTGGCACCATTTGTGGTCACAGCGACAACTTTTGCCCACCAGGTGGCTGGTGTGA
TCCTCCACAGCAACACTTTGATCTCTCTCAGCCTGTCTTCTGCACATTGCACAAT
ACAGAGCTGGAGTTGTCCCTGTATCATA CAGAAGGGTGAGATGCAAGAGAAGAG
GAGGCATAAGGTTACAGTGAATGGCCATTCGTA CTCACTTAGTGCTTGTGAC
AAACGTTGGTGGTGTGCTGGAGATGTGCAGTCTGTGGCCATCAAGGGCTCTAGGACC
CGGTGGCAACTAATGTCAAGAACTGGGGGCAAACTGGCAGAGCAACTCAAAC
CTAAATGGACAGAGCCTCTCTTTTCTTGTGACCACCAGTGATGGCCGCAGATTGG
TTTCATATAACGTTGCCCTCCTAATTGGTCATTTGGGCAGACATATACTGGGAGA
CAGTTTCTCTATTA

Nucleotide

>PrpEXPA-11

TGAATTAATAAGTTGGACAGTAAATAAATTCCATCATGGCAATAAAGAAGAATA
AATATGAGCAGCTCCTAAAATTTACCATTATCAGTATCTCTGTCTTCACATGGATG
AGTCTGAGAGACATATTTTCTACTTGAGCAGTTGAGAGAGCCAAAGTTACTCTGT
CACAAATTTGTGGCAATTGCCAAATGGGAACTTCAAAAAACCACGCGTTTCAT
CCTTTAAAACCGCTCTCAGTCGAAAATACTGCATTGATTCTACTAACAGATCATG
AGAGTCCTAAAACCACTTAGCTCTGCTTGGTCCCAACAGCTCAA AATTGTCAGGT
TGTCATTT CAGATGTGATGTGCGACCGACTTCTATTTATTCTTCTTCAAAGTTCAA

CAATCAAACCCTCCTCCCTCTTCATTTCAATTCCTCACTTCTGCGTGCTTGCTTTCA
AACTTCATCATTTTCCTAATTGTAATAACTCTCTCTCTTTCTCCTAATTCCCTTTT
TTCTCTCATAAACATGAACATAAAAAGATTACATGTACAGTACACTACTGTACTA
GTTACTTACTCATAGCTAGACAAAAGAGTTCTTCCTGCTATGAATGCCTAAAAGAG
CTCACAAACTTCACACGTCTTTGTGCAGGAAAAATGACTTCTTTGGGGATTCTTCT
ACTTGGGTTTCTCTCAGTTGTCTCCTCTGTCAATGGGTACTATGGGGGCTGGTCCA
ATGCTCATGCAACCTTTTATGGAGGTGGTGATGCTTCAGGCACAATGGGTATGTT
TAGCTTTATGATTTTTTTCCTTTCTTATTTAACTTATGATAGGTGACAAGCACCTTT
GCTGCAAAAAGATTAGAACTTTCATTCTGTTCCCTTCTACTTATTATATTTGGACA
TGCAATTTTTTTTTTAGGTGGGGCTTGTGGCTATGGGAACCTGTACAGCCAGGGCT
ATGGGACTAACACAGCAGCACTAAGCACTGCATTGTTCAACAATGGCTTGAGCTG
TGGGGCATGCTATGAGATCAGGTGTGTAATGACCCACAGTGGTGCCTCCCTGGC
ACCATTGTGGTCACAGCGACAAACTTTTGCCACCAGGTGGCTGGTGTGATCCTC
CACAGCAACACTTTGATCTCTCTCAGCCTGTCTTCCTGCACATTGCACAATACAGA
GCTGGAGTTGTCCCTGTATCATAACAGAAGGTAAGCTAAATCTTATGTCTCTATTAA
TGCCAACCAGTGGAAAGAGGCCTTGACTTGCAGACAGTAGTCTTATGTTTCGAACC
ATGGCACAATGTGTACGAGAAAATCCCCCTCCCCCTTCTAACTTTGGCCCAAAA
AAAAAAAGTTCTCTAATAATTAGGTTTTAAAGTGCTAATTAAGGCTTAATTATTAT
GATTATTATGTGTTTTGCAGGGTGAGATGCAAGAGAAGAGGAGGCATAAGGTTT
ACAGTGAATGGCCATTCGTACTTCAACTTAGTGCTTGTGACAAACGTTGGTGGTG
CTGGAGATGTGCAGTCTGTGGCCATCAAGGGCTCTAGGACCCGGTGGCAACTAAT
GTCAAGAAACTGGGGGCAAACTGGCAGAGCAACTCAAACCTAAATGGACAGAG
CCTCTCTTTTCTTGTGACCACCAGTGATGGCCGCAGATTGGTTTTCATATAACGTTG
CCCCTCCTAATTGGTCATTTGGGCAGACATATACTGGGAGACAGTTTCTCTATTAA
TTAATTAATCAATTAATTATCTGTCTGGGTGTGCTTAATGAAGCTTCTTTAGTCTT
CCACTTCGTTTTAGTTATATGTGGTAAGTTTACTATCAGCAGACAAAAAGCTGAAG
TAATTCTGAGGAGGAAGGATGGAGTGTAGCTAATAGCTATAGTTGTTGGAAGAAT
ATGAAAAACGGTTTTACTTTGAAGTGAGTGGCCCTTTTCATTATTTGATAATAGATT
GTGAGTTTTTGCAGTTCATGGCTGGGATTGTTCTGAAGCCTGATGGCCATATCTGC
TAGAGAGAGAGAAAGAGAGACAGAGAGAGATTATGTTTCTTAAGGCAGTTTGGC
AGTGGAAATTTTACCACCCGCTGTTAATTTTCATGAAGTTATGAATATTGAATAGAA
GAGGTGTGTTTTTACTAGTTACTAGCAAATGCTATATGGCAGAAGGTATGTTTGCT
AATTGCCTGTGTAATGTCAATAAACCTGCTTATGCGCCTTTTTTATTACATTCCAGA
TACAATAATACTAAAGGCAACAACCTTATTACGC