

## IDENTIFICATION

**Species:** *Salix purpurea*

**Locus:** Sapur.008G069600

**Gene Model:** Sapur.008G069600.1.p

**Description:** SprEXPA-12

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

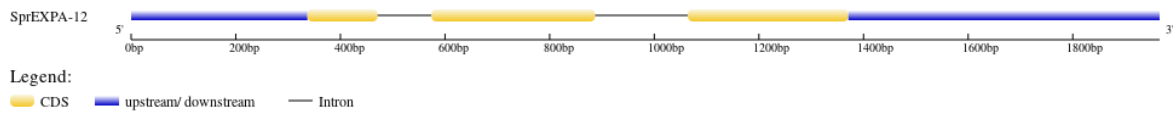
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Spurpurea\\_v5\\_1](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Spurpurea_v5_1)

KEGG:-

## EXTERNAL RESOURCES

-

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE

Query seq. Superfamilies

PLN00050

Name	Accession	Description	Interval	E-value
PLN00050 super family	c131535	expansin A; Provisional	3-250	6.59e-142

## SEQUENCES

### Peptide

>SprEXPA-12

MKMALAGIFLVGILVMVSSVNGHGGGGWINARATFYGGGDASGTMGGACGYGNL  
YSQGYGTNTAALSTALFNGLSCGSCYEIRCVNDPKWCLPGSILVTATNFCPPNNALP  
NNAGGWCNPPQHFDLSQPVFQHIAQYRAGVVPVSYRRVPCRRRGGIRFTINGHSYF  
NLVLITNVGGAGDVHAVSIKGSRTGWQPMSRNWQNWQSNLNLDGQSLSFKVTTS  
DGRTVVSYNVAPSRWSFGQTFSGAQFR\*

### CDS (coding sequence)

>SprEXPA-12

ATGAAAATGGCTTTAGCTGGAATTTTCTTGGTTGGTATCCTTGTAATGGTCTCATC  
TGTTAATGGTCACGGTGGTGGAGTTGGATTAATGCTCGTGCAACCTTCTACGGA  
GGCGGTGATGCTTCTGGCACAATGGGGGGGGCTTGCGGCTATGGGAACCTGTACA  
GTCAGGGGTATGGTACAAACACTGCAGCTTTGAGCACAGCTCTGTTCAATAGCGG  
GCTAAGTTGTGGATCTTGCTATGAGATTAGGTGTGTGAACGACCCCAAATGGTGC  
CTGCCCTGGCTCCATTTTGGTACAGCCACCAATTTCTGCCCTCCAAACAATGCCCT  
GCCTAACAATGCAGGGGGCTGGTGTAAACCCTCCTCAACACCACTTTGATCTCTCT  
CAGCCTGTCTTCCAGCACATTGCCCAATACAGAGCTGGAGTTGTACCTGTGTCTTA  
CAGAAGGGTTCCCTGCAGAAGGAGAGGAGGCATAAGATTCACAATCAATGGCCA  
CTCTTACTTTAATCTAGTCCTGATAACCAACGTTGGTGGTGCTGGTGTATGTGCATG  
CTGTGTCCATCAAGGGGTCCAGGACTGGTTGGCAACCTATGTCAAGGAACTGGGG  
GCAAATTGGCAAAGCAACAGTAATCTCGACGGACAAAGCCTGTCATTTAAGGT  
CACCACCAGTGATGGCCGCACTGTGGTCTCCTACAATGTTGCTCCTTCTCGCTGGT  
CCTTCGGCCAGACCTTCTCCGGTGCCCAGTTCGGTTAG

### Nucleotide

>SprEXPA-12

GGTCATGGTCCCCCAGCTGCTTCAAGGGTGCGCGCGTGCGATTGTTTTGTGTGACT  
TGGTGACAATGGTGGCAAATAGTTACCCTAAGTACCTCCTGCCAAATCTCTATA  
TATTCTCCCCCATCCCCTCTCAACTTTCTCCACTCCAGCTTCTCCCATTTTCTCTAG  
CTTGCTTTCTTTAATCTCAAGGTATAATCTTTGCATGTAACAACCCTCTCTTCTC  
TCACATTTGCTTCTCAAATATTGTTTCTTGTAAATGGATCTCTCAAATAAA  
CCGATTAAGGTGATGTTTTTTTTTTTAAATCTGAACTGGTTTACTTCTTTGTGCAGG

AAAATGGCTTTAGCTGGAATTTTCTTGGTTGGTATCCTTGTAATGGTCTCATCTGT  
TAATGGTCACGGTGGTGGAGGTTGGATTAATGCTCGTGCAACCTTCTACGGAGGC  
GGTGATGCTTCTGGCACAATGGGTATGCCTCTTTGCAGAAACGAAGAACCTTTTT  
GAGAAATTACACCCTTTATGGCGCACCGTTTGTCTATTTTTGCTGGTTTTGATAAA  
TTTTGTAACTCCAGGGGGGGCTTGCGGCTATGGGAACTTGTACAGTCAGGGGTAT  
GGTACAAACACTGCAGCTTTGAGCACAGCTCTGTTCAATAGCGGGCTAAGTTGTG  
GATCTTGCTATGAGATTAGGTGTGTGAACGACCCCAAATGGTGCCTGCCTGGCTC  
CATTTTGGTCACAGCCACCAATTTCTGCCCTCCAAACAATGCCCTGCCTAACAAATG  
CAGGGGGCTGGTGTAAACCCTCCTCAACACCCTTTGATCTCTCTCAGCCTGTCTTC  
CAGCACATTGCCCAATACAGAGCTGGAGTTGTACCTGTGTCTTACAGAAGGTCAG  
TCTCTAGCTCCTTGAGCTTCGAATTTAACCATGGAGGGAAATAATGTCTTGAATA  
AGGTGTTTTAATGAAACTAATCTTTTTTTTTGCTTAATCAAGTGTCTGGTGAGGGT  
TATTTTCGCTTTAACCAGTCTCTTTCTGTGCTAAATGTCTTGGTGGCCTCGTTTTT  
GTAGGGTCCCTGCAGAAGGAGAGGAGGCATAAGATTACAATCAATGGCCACT  
CTTACTTTAATCTAGTCCTGATAACCAACGTTGGTGGTGTGCTGGTGATGTGCATGCT  
GTGTCCATCAAGGGGTCCAGGACTGGTTGGCAACCTATGTCAAGGAACTGGGGG  
CAAATTTGGCAAAGCAACAGTAATCTCGACGGACAAAGCCTGTCATTTAAGGTC  
ACCACCAGTGATGGCCGCACTGTGGTCTCCTACAATGTTGCTCCTTCTCGCTGGTC  
CTTCGGCCAGACCTTCTCCGGTGCCCAAGTTCCGTTAGGCTCCAGATCTGTTCTTCC  
AGCGCAGTAAAGTTTTAGCGTGTTAGGTCTTGTGTTTAGGTAGTAGTGTACGGT  
ATCAAAAGTGGTATTAGTATGGTTTTAGTATACTAATATACTTGTATCTCAATC  
GGAGGTCAGTCTTTAGGTCAGGATGAGAAGGGCTTATTTTACATGGCACTACTCA  
TTTTGAGCTGATTGGGTTCGCGCAAGCGTTGTCCTATTCAAGAGCTCTTTATTAGTC  
TTGGGGCTTTTCCTTTTCTTTTTTCTTCCGCCGTGAGAAGGGCAGAAGATGATGGC  
AGGGGTGGACTTTTACCACCCGCCGCTAGTATTTAACTAGTTGCTTCTTTTTTCTT  
GCTCCTACTTCCCTTCAAGGGATTTGGGAGCTTTTTTATTTCTTCTTTCTTGTAAAGCT  
GATTGTGGTCAGCGTCTGCTGAATTATGTCCTATGGTTTATATGCTTGTAGTGTTT  
AAGACTTTGAAGTGTAAGTTACCGATTTCCATCAGTGATGAAATTAGTGGTGGTA  
GAATGGTGTGTATTAATCCAAGCATCTTTTGTCTTCTTTCGTTTCTTCTGTTAGCCG  
TATGACAACGCCCGTG