

IDENTIFICATION

Species: *Lactuca sativa*

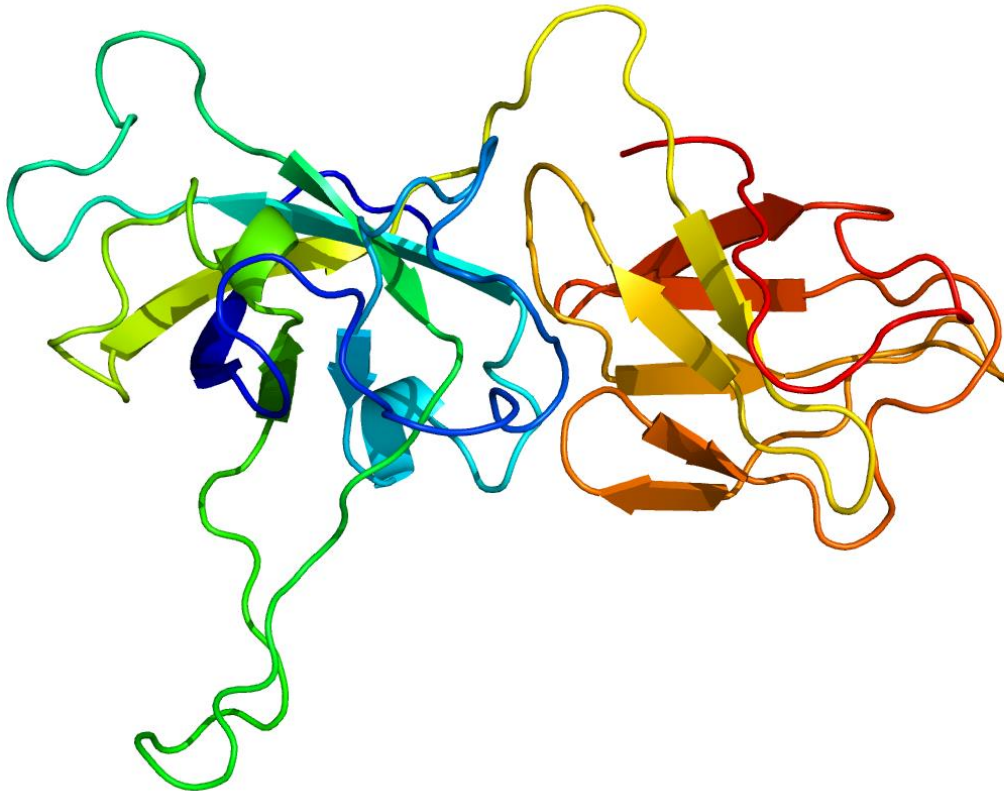
Locus: Lsat_1_v5_gn_8_73960

Gene Model: Lsat_1_v5_gn_8_73960.1

Description: LsEXPA-28

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Lsativa_V8

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T05352>

EXTERNAL RESOURCES

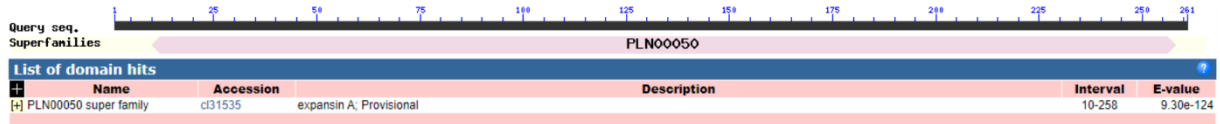
<https://lgr.genomecenter.ucdavis.edu/>

<https://www.lettucegdb.com/>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>LsEXPA-28

MTKMVITGGIVFLIVTLLSVTEARIPGNYAGGAWQGAHATFYGGSDASGTMGGACG
YGNLYSQGYGVNTAALSTALFNGLSCGSCFEIKCANDPRWCHPGSPSIFITATNFCP
PNFALPNDNGGWCNPPRTHFDLAMPFLKIAEYRAGIVPVSYRRVPCRKAGGIRFTIN
GFRYFNLVLISNVAGAGDIQKAWVKGKTNWMSMSRNWQNWQSNVLTGQSLSF
RVTGSDRRTSTSWNIVPANWQFGQTFGKNFRI*

CDS (coding sequence)

>LsEXPA-28

ATGACTAAAATGGTAATCACCGGCGGCATTGTCTTCCTCATTGTCACTCTATTGTC
GGTAACCGAAGCTAGAATCCCCGGAAGACTACGCCGGCGGGGCATGGCAAGGTGC
TCATGCTACCTTCTACGGCGGCAGTGACGCTTCCGGTACTATGGGAGGTGCTTGT
GGATACGGCAACCTATACAGCCAAGGCTACGGCGTTAACACGGCGGGCGTTGAGC
ACAGCTCTGTTCAATAACGGACTTAGTTGCGGTTCTTGCTTTGAAATCAAATGTGC
CAACGACCCACGGTGGTGCCACCCCGGAAGCCCCTCTATCTTCATCACCGCCACC
AACTTCTGCCACCGAATTTGCCTTACCAAACGACAATGGTGGTTGGTGCAACC
CTCCTCGCACTCACTTTGACCTCGCCATGCCCATGTTTCTTAAAATTGCAGAGTAT
CGTGCCGGAATCGTCCCCGTCTCTTACCGCCGAGTCCCTTGTAGGAAGGCAGGCG
GGATTAGGTTACAATTAACGGTTTCCGTTACTTCAACTTGGTTTTGATCAGCAAT
GTTGCGGGTGCGGGTGATATTCAAAGGCGTGGGTGAAAGGAACAAAGACTAAT
TGGATGAGCATGAGCCGTAAGTGGGGTCAAAGTGGCAATCTAACGCTGTTCTTA
CCGGTCAATCCCTCTCTTTCAGGGTTACAGGCAGTGACCGACGTACCTCCACCTC
ATGGAACATTGTTCCCTGCCAATTGGCAGTTCGGTCAAACCTTCACCGGGAAAAAT
TTCCGAATCTAG

Nucleotide

>LsEXPA-28

CCACCGCCACCAGCCACCGTTCCTCCAGCAAAGTACAGTGAACCATGACTAAAAT
GGTAATCACCGGCGGCATTGTCTTCCTCATTGTCACTCTATTGTCGGTAACCGAAG
CTAGAATCCCCGGAAGACTACGCCGGCGGGGCATGGCAAGGTGCTCATGCTACCTT
CTACGGCGGCAGTGACGCTTCCGGTACTATGGGTATGTTAACAGTCACCGGAATA

TTCCTTGGTTTATAACTTCACTACAAATTCGAAATTTCCAATGCAAAATGTTGACT
TTACATTTGTTTCACAGGAGGTGCTTGTGGATACGGCAACCTATACAGCCAAGGC
TACGGCGTTAACACGGCGGCGTTGAGCACAGCTCTGTTCAATAACGGACTTAGTT
GCGGTTCTTGCTTTGAAATCAAATGTGCCAACGACCCACGGTGGTGCCACCCCGG
AAGCCCCTCTATCTTCATCACCGCCACCAACTTCTGCCACCGAATTTGCGCTTAC
CAAACGACAATGGTGGTTGGTGCAACCCTCCTCGCACTCACTTTGACCTCGCCAT
GCCCATGTTTCTTAAAATTGCAGAGTATCGTGCCGGAATCGTCCCCGTCTCTTACC
GCCGGTATGCCTTTCTCTCCTCCGCGTTTCTTTTCAATAACATAATCCAGTGAA
ACATACAACATTTTATGCATGAGGTACAAGTTACCAATGATTTCGACCGATTTGAC
ATAAATACCCCGAGGCGAGAATATACATCTATTATCTATATCTGTTTTCTATGATT
TGACTAAAATGCCCTGGAACATATTGATTGCGAGCATGTTACTGGTTTAGTGGT
TTGCCGTACCTGTAGACGACTAATCGCCTCTATTGTCCTTTCTAGTTGTAGAATTT
TCATTTTACTACCCTGAACTATAGCATTTATTAACCTAGCACCCTTTAAATAATTA
AATCACTCAATCAAATATAAAAGTTTCTTGATTTCCAAATGATCGGCTTTTTAGAT
TTGTTAATTGTTATTCCATGCTTTTCATTCGCATTTTAAAATATTTAAAGTGGAAC
TTAATTTGACTTTTATATCATTATGATTGTCTTTCCCTTTTTAAAAAATAAATAA
AGGCACTTTTTATTTAAAGCTTTATTTATTTGATCATGTGCGAATATAACTAAAA
ACTTGATAGCGTTATTGAGAGAGGGTTTGTACTACGACCAATCGATTTTGGTCAC
GTGATTAGAGTAAATTCTGTAGGTTCCACGGTACTTTTGGTATACCCTGCAACACC
CTATACGCTTTCATGATTTTCATCCTTCTTATACAAAATCAATGCCGTTGGTTGCGC
AAGAGAATGTACTAAAACCACAATTATTATTTTATATTTTCGAATATATTAATTAT
TTTAAAAAATGAGTTTGTGTTGATTCAAGGAGAGTTTTTTTTTTAGGTTAGTTAATTA
TTTTTTAGGTCAATAATAACAATCGTTAGATTTTATTAATGTTTTATTTTGTGTT
TTTTGTTTGCCGCAGTTTATTTAACAATGTTTCAACCTGCTTCTTTATACTAATATT
TAACATTCTAAAGTTTTATTATTTTGGACTAATTATTTTATACCATTTTTATTCT
AATATTAATTGAATTTGTAAGTATCATATAATTTTATTTACTCAATATTTTA
ATGCACTGTTTTGGTTTACACATTGTAATATATTGTTTTTATTTGGTATTATTGTGA
AGTACTTTTATTTTCTAAGAGGTCTATTTAAAAAATAAATATTAAAAAAATATTTG
GTATTATTGTGAAGTACTTTTTATTTGGTGTATTGTAAAGTAAGTTTGGCGTACTG
CTTCCCTAGCTTTTGGAAATTGACAAAACCTGACCCTTGTATTTGTTATTTATTTCCAC
AGAGTCCCTTGTAGGAAGGCAGGCGGGATTAGGTTCACAATTAACGGTTTCCGTT
ACTTCAACTTGGTTTTGATCAGCAATGTTGCGGGTGCGGGTGATATTCAAAGGC
GTGGGTGAAAGGAACAAGACTAATTGGATGAGCATGAGCCGTAACCTGGGGTCA
AACTGGCAATCTAACGCTGTTCTTACCGGTCAATCCCTCTCTTTCAGGGTTACAG
GCAGTGACCGACGTACCTCCACCTCATGGAACATTGTTCCCTGCCAATTGGCAGTT
CGGTCAAACCTTACCAGGAAAAAATTTCCGAATCTAGGAAATGAACACAACCTTGC
GGCATCTTTTCTCATGCTGATTCAATTTCTACAATCGATTGACTTTTTAAACCATC
ATATGTGGTTTTTTCGCAAAAAGAAAAAAAATTGTTTCAGGAACAAAAGAAGTGC
AAAGTATGATGATTTATAGTGTTCTTTGTATTTTTATGAAATAATTGATTAGTGTA
CCACGAAAAACAACCTATGATAGTTAGGGAGGTAAAATGCTCTGACTATTGGGG
TATTGTTTTTAAGAAGGGGGTGTAAATGCAAACTCCTCAAATGTAGGGTTTGT
GTAATTGTTAGGTTGAGGCATCAAATATATGCAAGCCCTGTAGTGGTAAAATTTG
TGAAGAATGGGTAGTTTGAAAATATTGTAAGTGGCCCCATTTATAATTATGAAA
AGGTATA