

## IDENTIFICATION

**Species:** *Elaeis guineensis*

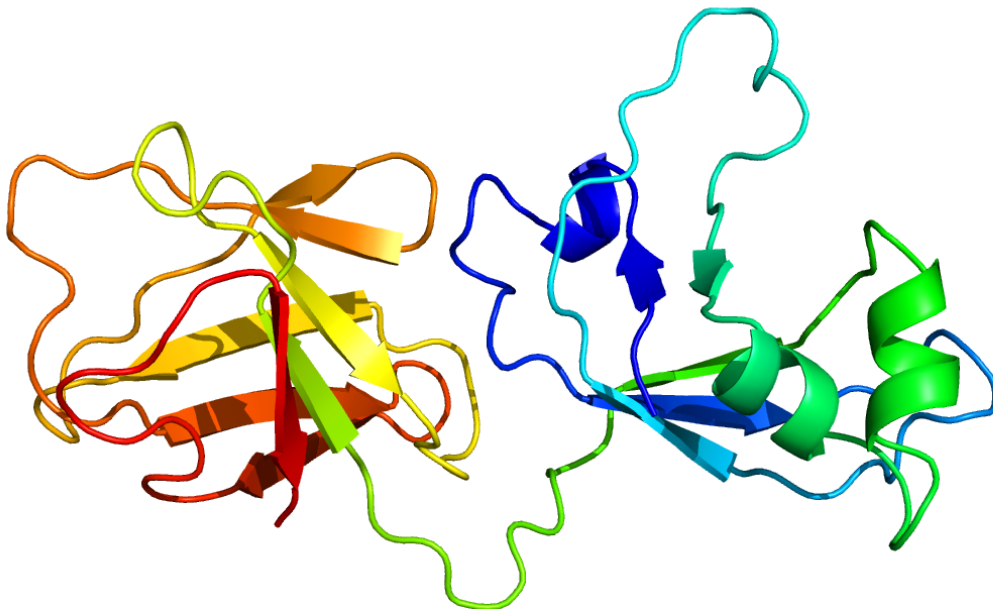
**Locus:** XP\_019705227

**Gene Model:** XP\_019705227.1

**Description:** EgEXPB-01

**Family:** Beta Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

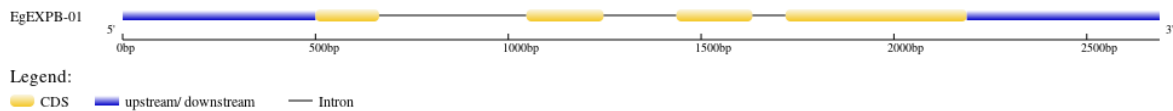
NCBI: [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=txid51953\[orgn\]](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=txid51953[orgn])

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T03921>

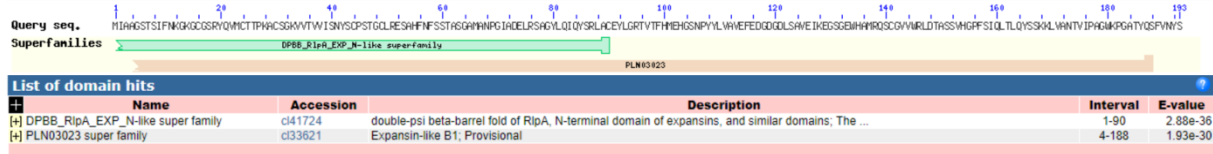
## EXTERNAL RESOURCES

-

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>EgEXPB-01

MIAAGSTSIFNKGKGCGRYQVMCTTPKACSGKVVTVVISNYSCTPGCLRESAHFNF  
SSTASGAMANPGIADELRSAGYLQIQYSRLACEYLGRTVTFHMEHGSNPYYLVAVEF  
EDGDGDLSAVEIKEGSGEWHAMRQSCGVVWRLDTASSVHGPFISIQLTLQYSSKKLV  
ANTVIPAGWKPGATYQSFVNYS

### CDS (coding sequence)

>EgEXPB-01

GTGATGAAGCAAGATATGGAGGATATGTTTCAGCCGCCATTTTCAGAGCTGCATCC  
AGGAGCCATGCCAGTTGCTTGATGCGCTCTTATAATCAGATGAACGGGGTACCTG  
CTTGTGCTTGGGGCGATCTCCTGTGGAAACTCAAAAACAATGGGGATTTGAGGG  
GAATGGATATCAACCCTGGAATATATATATCTGCTTCGATACACTGGTGAAGCAG  
TTAAGTTAGGAATTGTTTCGAGAAGAAGAGCCGGCAGACATTGCTTATATGGGAAT  
GCCGTGGATCAAGTCCCCTTTTCTGCCATGATTGCCGCTGGAAGTACTTCTATCTT  
CAACAAAGGCAAGGGCTGTGGTTCTCGCTATCAGGTGATGTGCACCACTCCCAAG  
GCATGTTTCAGGGAAGGTGGTGACGGTCGTGATCTCCAATACTCATGCCCCAGCA  
CTGGATGCTTAAGAGAATCCGCTCATTTCATTTTCAGCAGCACCCGCATCTGGAGC  
AATGGCCAACCCGGGCATAGCTGATGAGCTAAGGAGCGCTGGATACTCCAAT  
CCAATACTCAAGACTTGCATGCGAGTATCTAGGCAGGACAGTCACCTTCCACATG  
GAACATGGGTCCAATCCCTACTACTTGGTAGCAGTGGAGTTCGAGGACGGTGACG  
GAGACCTGTCTGCTGTGGAGATTAAGGAAGTTCTGGTGAGTGGCATGCCATGAG  
ACAATCATGTGGTGTGGTATGGAGGCTCGACACTGCATCATCGGTCCATGGGCCA  
TTCTCAATTCAGTTGACATTGCAGTACTCCAGCAAGAAGTTGGTGGCCAACACCG  
TAATTCCGGCGGGGTGGAAGCCAGGAGCCACCTATCAGTCTTTTGTAACTATAG  
CTAGTTGTGAGAATTTGTGCATCTCCACGTAACATAACCATATAAACAGTGCATGT  
AGTTGTTACGCATGCCATGTATGGCTTCATAATTGTACTTTTATCTTGATGACCGC  
ATGTGATCTAATATTAATGAAATGGCGATGGATTATGTTTT

### Nucleotide

>EgEXPB-01

TCGCAACACACTTACGATTGGCTTATAGGACACTCTTCTTTCAATATTTCCCTTTAT  
ATATACCCCAAAGTATGATATGGACTGTGTAATGTATCAAAAGATAGCTCTAATTTT  
GGTCTATAAAGTTTTGATATTGAAGCATCTTTTTTTATGTTGACAATTAGAAAAAT  
GAAAAACAACTTGAATAAAAAAATTGCTGTCGTGAGGTTTCCTGCTTCCTACCCA  
TGTTTATATCAGATTTTGTATTTCATGGTTTTATGCTTCCTGCTTCCTTTTATATTG  
AGCAAGTTCTATTCTTTGCATATAATTTTCAGCTGTAAATATGATAAGTTTGTAC  
ACTATTTCAAGCTTTCCCTATAACATAGATGGTCGCCAAGCTTATCTCGAGGAAA  
AGCAGACTACTGGTTCACGAGGCAAGTGTGGGATAAACTCTTTTTTAGTTTTTCAC  
ACATGAATTTATGTCCTATTACATAAAACATTATGTAATAAAGCTATTTATTAGGT  
GATGAAGCAAGATATGGAGGATATGTTTCAGCCGCCATTTTCAGAGCTGCATCCAG  
GAGCCATGCCAGTTGCTTGATGCGCTCTTATAATCAGATGAACGGGGTACCTGCT  
TGTGCTTGGGGCGATCTCCTGTGGAAAACAAAAACAATGGGGATTTGAGGGGT  
GCGTCTTCGCTCTTACTTCTATACTTGTAGTTTATTTGTTCAACAAAGAGTATGT  
TAACCCAAAAAAGAAACAAAGAGTAGAATGCACCCTTATATTTGATA  
GTATTGCGGACTCATTCTATATGGTCTTTTCATGGACACATTGAATTCGAATCTA  
AATTAATGTAGGTATATTACTTCTGATTGTGATGCTGTTGCCATAATTCATGAAAA  
CCAAAGCTACACTAATTCGCTTGAAGCTTCCAGAGCTGATGTGTTAAAAGCGAGT  
ATCGATGTGCATGCCAAAGGGACTACTTGCTTGGCTTTGGCTAAAAGAATTTTATG  
ACATGCTTTGAAAGTTTGTGGACTGATTTGCCTCTCTTTTTGGGAAGGAATGGATA  
TCAACCCTGGAATATATATATCTGCTTCGATACACTGGTGAAGCAGTTAAGTTAG  
GAATTGTTTCGAGAAGAAGAGCCGGCAGACATTGCTTATATGGGAATGCCGTGGA  
TCAAGTCCCCTTTTCTGCCATGATTGCCGCTGGAAGTACTTCTATCTTCAACAAAG  
GCAAGGGCTGTGGTTCTCGCTATCAGGTATGCAATTCCATGCGTGCCTTCACTTG  
GTGTACATTTAATATAATTCTATAGCTGCCAAGTTTTTTACCAATGTCCTTATA  
TAGTTCGCATGCCAAATATTGCTCTCCTGTTAACTCCATGAAATAAGAACCAACA  
ACACTTCAATTTCTTTATTAATAATGACATTTCTTGAACGCATGCAGGTGATGTG  
CACCCTCCCAAGGCATGTTTCAGGGAAGGTGGTGACGGTCGTGATCTCCAACCTAC  
TCATGCCCCAGCACTGGATGCTTAAGAGAATCCGCTCATTTCATTTTCAGCAGCA  
CCGCATCTGGAGCAATGGCCAACCCGGGCATAGCTGATGAGCTAAGGAGCGCTG  
GATACCTCCAAATCCAATACTCAAGGTACAAATTCCAACAAGATCTACAAATTC  
CTTAATTATAACATCTATCACCACCAAACTAAAACCTTGTTTGTATATATTTTCAG  
ACTTGCATGCGAGTATCTAGGCAGGACAGTCACCTTCCACATGGAACATGGGTCC  
AATCCCTACTACTTGGTAGCAGTGGAGTTCGAGGACGGTGACGGAGACCTGTCTG  
CTGTGGAGATTAAGGAAGGTTCTGGTGAGTGGCATGCCATGAGACAATCATGTGG  
TGTGGTATGGAGGCTCGACACTGCATCATCGGTCCATGGGCCATTCTCAATTCAG  
TTGACATTGCAGTACTCCAGCAAGAAGTTGGTGGCCAACACCGTAATCCGGCGG  
GGTGAAGCCAGGAGCCACCTATCAGTCTTTTGTAACTATAGCTAGTTGTGAGA  
ATTTGTGCATCTCCACGTAACATAACATATAAACAGTGCATGTAGTTGTTACGCAT  
GCCATGTATGGCTTCATAATTGTAATTTTATCTTGATGACCGCATGTGATCTAATA  
TTAATGAAATGGCGATGGATTATGTTTTTCGTTTTGGTGAAGATAGAACTACTTCCG  
GCGCAATCATGGTAGAAAAGGGGGCTTGATCCGCGGCATTCCCTCATCCGCAGG  
CTCCCCTGTTAAATATAAGCCCTTGCTTTGTTAGCAGTCAATTACCATATCATTT  
TTTATTATTATTTTTTTTTAAAAGGAGCTGGCGGACAACGCTTATAAGCGTCCTTGG  
GGTCCACTTAAGAGCATTGCCGTGGGCGTTTTCGTTAAAAAGCGACGGGTATTAGC  
GTCGTCGGAAGCCGGTTCAACAAAAATAAGCAACGGCTATAATCGTCGTCGGGA  
TCCATTAGCCGTTATGGTTTTAACTTTACCACCCTTTCACGCGTTGTTATTTAGCG  
GTGAATTTCCACTCTCTTGTACCCGATGCTTCCACGATGCTTTGTGCGCGTCGGTA

AAGGTAAGAATTTTGATCGATAATTTTTATTTTTTTTTGTAATAGATAGATACTA  
TTATTTGAAACTTAGGTGGGTAGCTATTT