

IDENTIFICATION

Species: *Lactuca sativa*

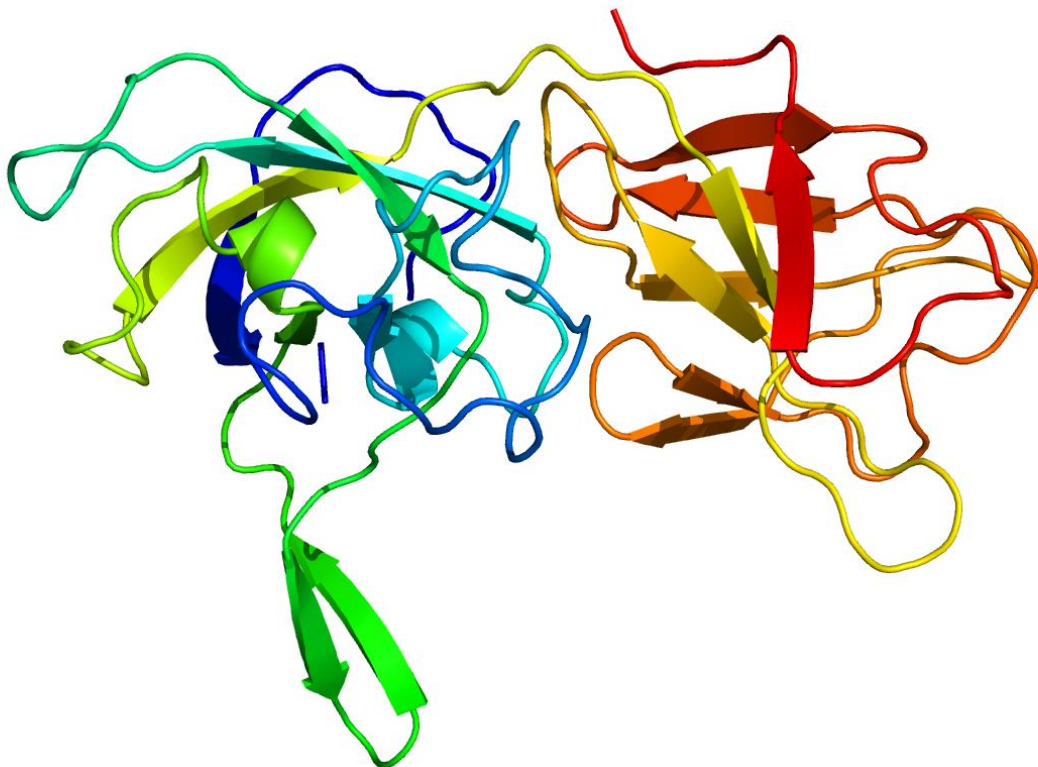
Locus: Lsat_1_v5_gn_3_4521

Gene Model: Lsat_1_v5_gn_3_4521.1

Description: LsEXPA-10

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

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

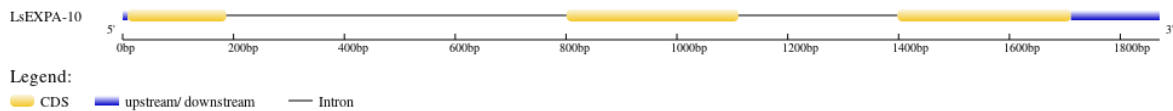
KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T05352>

EXTERNAL RESOURCES

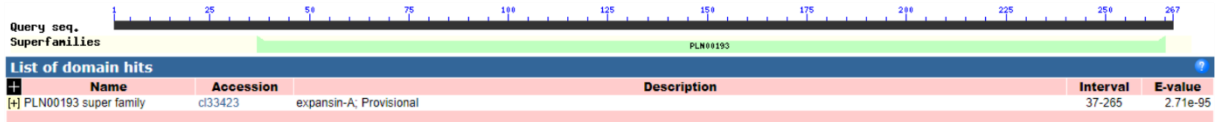
<https://lgr.genomecenter.ucdavis.edu/>

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>LsEXPA-10

MASWVFCIFLTVTTFVVFDSVLVYGAGYTVPRAPT VYRPSAWTLAHATFYGDESASS
TMGGACGYGNLVTNGYGTNTAAVSSTVFSNGYACGQCYQIKCTRSPWCSKGIATVT
ATNLCPPNWSKNSNSGGWCNPPRTHFDMAKPAFMQIAQWKAGIVPVMYRRVPCVR
KGGLRFSFQNGYWLLVYVMNVGGAGDIKSMWVKGTKTGWLSMSHNWGASYQA
FATLRGQALSFRLTSYTTKQTITAYNVAPANWNLGLTYQAKVNFH*

CDS (coding sequence)

>LsEXPA-10

ATGGCTTCATGGGTATTTTGCATCTTCCTTACAGTCACCACATTTGTCGTGTTTGA
TTCGGTTTTAGTTTATGGAGCGGGTTACACTGTCCCTCGTGCACCAACTGTGTATC
GCCAAGTGCATGGACTCTCGCACATGCCACGTTTTATGGGGACGAATCCGCATC
TTCAACCATGGGGGGTGTGTTGGATATGGGAACTTGGTCACAAACGGGTATGGT
ACAAATACAGCAGCAGTGAGCTCAACAGTATTCAGCAATGGATACGCGTGTGGT
CAATGCTACCAAATAAAGTGTACCCGATCTCCATGGTGCTCAAAGGCATCGCGA
CTGTAACAGCCACCAACCTCTGTCCACCCA ACTGGTCTAAAAATTCAAATAGCGG
CGGATGGTGCAACCCACCTCGAACCCATTTTCGACATGGCTAAGCCCGCTTTCATG
CAAATCGCCAGTGGAAAGCCGGAATTGTCCCTGTCATGTATCGGAGGGTCCCCT
GTGTGAGGAAAGGTGGTCTTAGGTTTTCGTTCCAGGGAAATGGTTATTGGCTGTT
GGTTTATGTGATGAACGTGGGTGGTGCTGGTGACATTAAAAGTATGTGGGTCAA
GAACTAAGACGGGTTGGTTAAGCATGAGCCATAACTGGGGAGCATCGTATCAA
GCTTTTGCGACACTTCGTGGTCAAGCATTATCCTTTAGGCTAACTTCTTACACAAC
CAAACAGACAATAACAGCTTACAATGTTGCTCCGGCTAACTGGAACCTCGGCTTG
ACTTACCAAGCTAAAGTCAACTTCCATTGA

Nucleotide

>LsEXPA-10

CAAAAACAAATGGCTTCATGGGTATTTTGCATCTTCCTTACAGTCACCACATTTGT
CGTGTGTTGATTCGGTTTTAGTTTATGGAGCGGGTTACACTGTCCCTCGTGCACCAA
CTGTGTATCGCCAAGTGCATGGACTCTCGCACATGCCACGTTTTATGGGGACGA
ATCCGCATCTTCAACCATGGGTACTACTTCTTAAATTTGTACACTATTTCTTCAA
ATAAGTGGCTTTTTATAGAAAATATACAAAGTTACATAACTTTAGTTTCAACAAG

ATGCAATGTTTAACTGATTAACCAGGCGAAACATGGTTGCATAGTCACTGTTAG
GTTTGGTGTGCTTATTAGGTTACTAAGGTTTGAACCCTAAATTAATTTGATTG
TTTGAATTGCACAAAATAACTTATGGTGGCTACTACGGCTTAGTTTAAGTTATAA
AGACTTTTGAATAATTTGTTTTAATTTAACTTATTATCTTATTGCGGTATAATACCT
TTAACAAGCACTTTGAGTGTTTGGATTGAACAAAAAAGTTTTTTAGATAACATTTT
ATCAATCTATTTCCTTTTGGCAGTTGGTACCACACAAGCCAATCAAAAATAAAGAT
TTAACTAATGTGATACTTGGTTCCGATTGTAATGTGGCATAATTTGGTACCAAACG
AACTTGGCTTGCATATTTCTTCTAAATTAAGAACCATGCATTTTGGTGCAT
AAATATGCATTTAATTAATTAAGGTTCCTTTTGTACCTGTTGAAATCTCTTAATTA
ACGATTTTCAATTGATATCAGGGGGTGGCTTGTGGATATGGGAACTTGGTCACAAA
CGGGTATGGTACAAATACAGCAGCAGTGAGCTCAACAGTATTCAGCAATGGATA
CGCGTGTGGTCAATGCTACCAAATAAAGTGTACCCGATCTCCATGGTGTCAAAA
GGCATCGCGACTGTAACAGCCACCAACCTCTGTCCACCCAACCTGGTCTAAAAATT
CAAATAGCGGCGGATGGTGCAACCCACCTCGAACCCATTTGACATGGCTAAGCC
CGCTTTCATGCAAATCGCCCAGTGGAAAGCCGGAATTGTCCCTGTCATGTATCGG
AGGTATGTGTACTTCTTAATTTACCAACAAGGTAACCCACTTTGAAGTGGGCCC
CATCCCACATTTTACTAAGAACCACCCCAAAAAAATCTCTTCTTTGCTAAAACAA
CCCCTCTTAGCACCCCTTTTTTTGCTAAAAACTCCCTCTTTGACACCATTTTTTTGTC
AAAAAAAACATAAACTTTCAAAAAGTTTATACATTTTCTAATTTTGTTCAGTTTT
ATACATAATGGACAAGTCCCATTTATGATGTGTCATTTACGTTCTAAATTGCGTT
TTTCTTGTAGGGTCCCGTGTGTGAGGAAAGGTGGTCTTAGGTTTTCGTTCCAGGGA
AATGGTTATTGGCTGTTGGTTTTATGTGATGAACGTGGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
AAAGTATGTGGGTCAAAGGAACTAAGACGGGTGGTTAAGCATGAGCCATAACT
GGGAGCATCGTATCAAGCTTTTGGCAGACTTCGTGGTCAAGCATTATCCTTTAG
GCTAACTTCTTACACAACCAAACAGACAATAACAGCTTACAATGTTGCTCCGGCT
AACTGGAACCTCGGCTTACTTACCAAGCTAAAGTCAACTTCCATTGATTTATCA
ACATGATGTGTTGTTAATTTTTTTGAAATTTTTCTTTAGTGATCGATTTTCATGCGA
CACATTTTTTTTGGACGTTTAAAGTTGTCGTATAATTTGTGATATTGATTGTGGTACGT
AAGTTTTTGTACATGAATATCATTGTGTTATTACTTTT