

IDENTIFICATION

Species: *Gossypium raimondii*

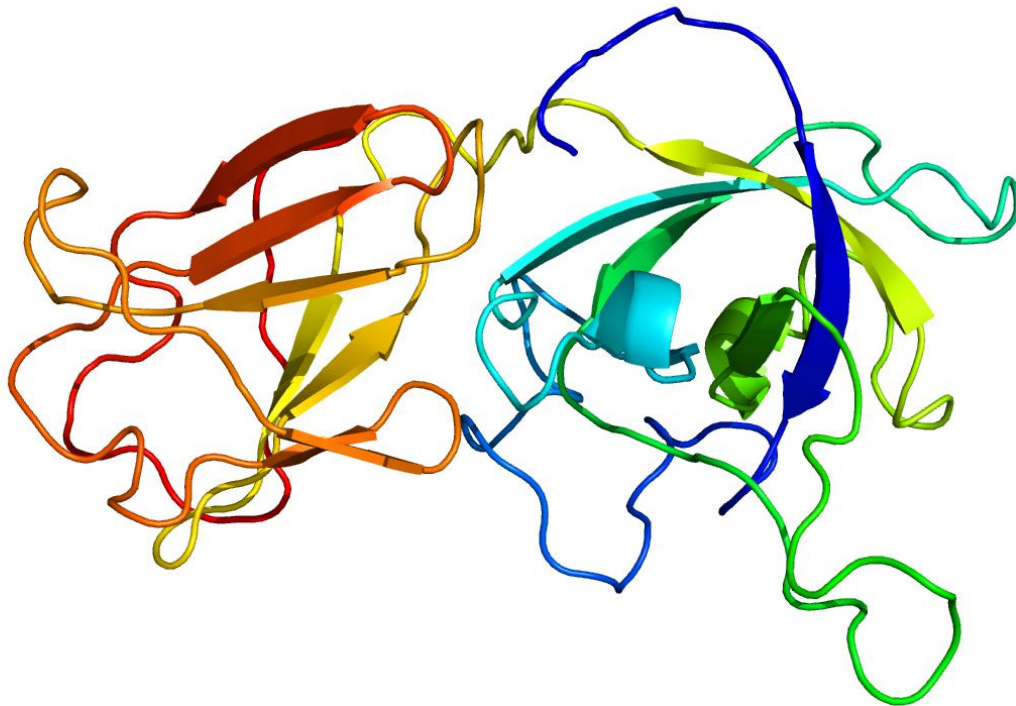
Locus: Gorai.005G142200

Gene Model: Gorai.005G142200.2

Description: GrEXPA-13

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

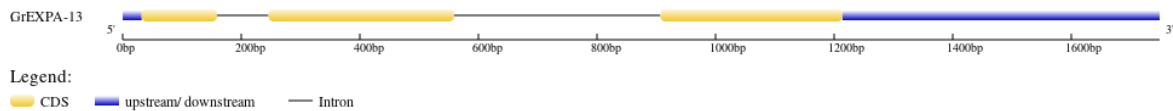
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Graimondii_v2_1

Kegg: <https://www.genome.jp/entry/T04129>

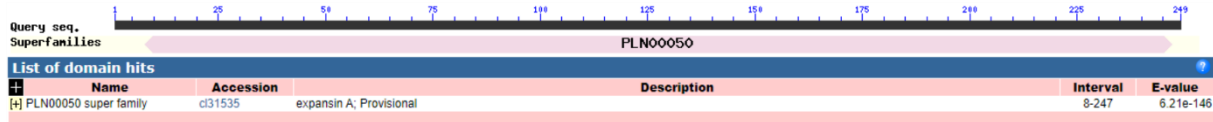
EXTERNAL RESOURCES

https://www.cottongen.org/species/Gossypium_raimondii/jgi_genome_221

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>GrEXPA-13

MAFAKVFLGLAMVFGVQGYGGGWTNAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQ
GYGTNTAALSTALFNGLSCGSCYEIKCMDDGKWCLPGSIVVTATNFCPPNNALPNN
AGGWCNPPLQHFDLSQPVFQHIAQYRAGIVPVA YRRLPCRKGGIRFTINGHSYFNLV
LITNVGGAGDVHAVAIAKGSRTGWQPMSRNWQNWQSN TYLNGQSLSFKVTTS DGR
TVVSNVAPAGWSFGQTFTGRQFR*

CDS (coding sequence)

>GrEXPA-13

ATGGCTTTTGCTAAGGTCTTTCTGTTGGGGTTTCTTGCGATGGTCTTTGGTGTTC
GGGATATGGTGGTGGTTGGACTAATGCACATGCAACCTTTATGGTGGGAGTGAT
GCTTCAGGAACAATGGGTGGGGCTTGTGGTTATGGAAACCTGTATAGCCAGGGTT
ATGGGACAAATACTGCAGCTTTGAGCACTGCTTTGTTTAAACAATGGGCTGAGCTG
TGGATCTTGCTATGAGATTAAGTGTATGGATGATGGAAAGTGGTGCCTGCCTGGT
TCCATTGTGGTCACAGCCACCAATTTCTGCCCTCCAAACAATGCTCTCCCTAATAA
TGCAGGGGGCTGGTGCAACCCTCCTCTGCAACACTTTGACCTTTCTCAGCCTGTTT
TCCAACATATTGCTCAATACAGAGCTGGAATTGTGCCTGTTGCTTACAGAAGGTT
ACCATGCAGAAGAAAGGGTGAATCAGGTTACCATTAAATGGCCACTCCTACTTC
AACCTAGTCCTTATACCAACGTTGGCGGTGCTGGTGTATGACATGCGGTGGCCA
TCAAGGGCTCCAGGACTGGTTGGCAGCCCATGTCTAGAAACTGGGGCCAGA
GGCAGAGCAACACCTACCTCAACGGACAAAGCCTCTCATTTAAGGTCACAACAA
GCGACGGCCGTACTGTGGTTTCCAACAATGTTGCCCCAGCTGGGTGGTCCTTTGG
GCAGACCTTCACTGGCCGCAATTCCGCTAG

Nucleotide

>GrEXPA-13

ACAACTTCACTTGTGTTTGTTCGCAGGAAAATGGCTTTTGCTAAGGTCTTTCTG
TTGGGGTTTCTTGCGATGGTCTTTGGTGTTCAGGGATATGGTGGTGGTTGGACTAA
TGCACATGCAACCTTTTATGGTGGGAGTGATGCTTCAGGAACAATGGGTATGCTT
CAAATGAAGCCATTTTTTAGGCACAACGGTTTGGGTTGGATGGCTTATTTACTA
ATTCTTAACTTGGGTCTTTTTTAGGTGGGGCTTGTGGTTATGGAAACCTGTATAGC
CAGGTTATGGGACAAATACTGCAGCTTTGAGCACTGCTTTGTTTAAACAATGGGC
TGAGCTGTGGATCTTGCTATGAGATTAAGTGTATGGATGATGGAAAGTGGTGCCT
GCCTGGTTCCATTGTGGTCACAGCCACCAATTTCTGCCCTCCAAACAATGCTCTCC

CTAATAATGCAGGGGGCTGGTGCAACCCTCCTCTGCAACACTTTGACCTTTCTCA
GCCTGTTTTCCAACATATTGCTCAATACAGAGCTGGAATTGTGCCTGTTGCTTACA
GAAGGTATTTTTTGCCTTTTGCTGCTTCCCTGTGAAATGGGCTTTCTAAAGAGGCC
TATTTATTTCTCTAACCCTCAGTAATTTCAAATTTAACTTGGCTAGTGGTCCAAT
TCTTTTAGTAATGTATGAAAAACCTTTTTAAGGCAGTAAAAAGGTCAATGGCAGC
ATATGAGGTCTGCTTTTCTCCCTATTAGAGTAATATTTAGGGTCAGTTTCTGTTTT
GCAAGGCAAACAACAACACTTTTGGTCATTTCCCTCTGGAAAATACATTGCTTTT
ACTTTGTTTAATGGGTAGTAAGTGCAGTAACATCACTTACTTTTATTAACCATT
GGGTTTTTTACTTTGTAGGTTACCATGCAGAAGAAAGGGTGGAAATCAGGTTCAAC
ATTAATGGCCACTCCTACTTCAACCTAGTCCTTATCACCAACGTTGGCGGTGCTGG
TGATGTACATGCGGTGGCCATCAAGGGCTCCAGGACTGGTTGGCAGCCCATGTCT
AGAAACTGGGGCCAGAAGTGGCAGAGCAACACCTACCTCAACGGACAAAGCCTC
TCATTTAAGGTCAACAAGCGACGGCCGTAAGTGGTTTCCAACAATGTTGCC
CAGCTGGGTGGTCCTTTGGGCAGACCTTCACTGGCCGCAATTCCGCTAGAGGAA
CACATTATCATCTTAGGCTTTTGAAGTTTTAATTAATAATTACTATATAAATATAC
CAAGCATCCGAAGTAGTATTTAACTAGCTTTAGTATAGCTAGCATATTAT
ACTCTATCTATAGGGCCCTATAGTGGGACTTTCGGGTCACTCAAAAATGTGAAGG
GCTTATTTTAAAGTAGCCCTTTTATCATTTTGGGTTTTTATGTTTTATTATGGGGTAG
GTGTCCTAATTAAGGTACCTTTTTTTTTAAAAAAGTATTAAGGGTCACTTTTCCTT
CTGTTGTTTGTCAAACAGGAGGAGATGGCAGAGGTGGGACTTTTACCACCCGCC
AGCAGTGTTAACCTAGTAGGTCCTCTGGTTTTTTTTTTTCTCCTTTTGGGATGTTGA
GAAGCATTGTTTGGCTTGTAAGCTCAATTCATCATCTTTTGCTGGATGATTAATTT
TATCTCCTTGGATTTTATCATATATGTATGAGAGTAATTTGGAAATTTTGCAATGC
AAAACCTGAACTTTGATTTATTACGAT