

IDENTIFICATION

Species: *Chenopodium quinoa*

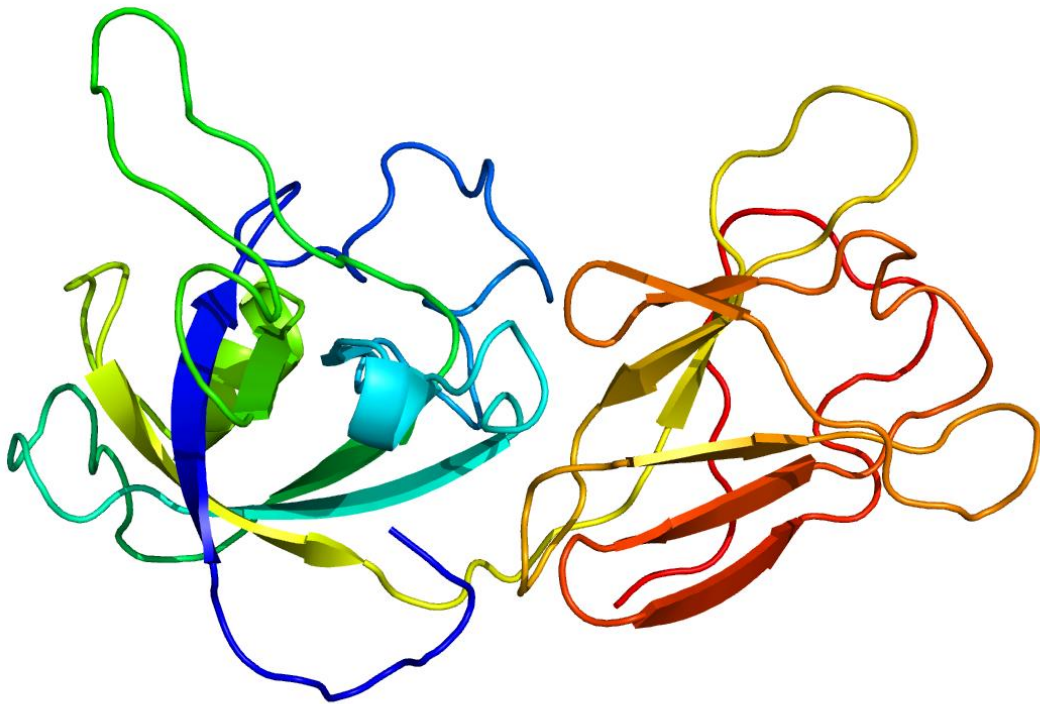
Locus: AUR62039364

Gene Model: AUR62039364

Description: CqEXPA-49

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Cquinoa_v1_0

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T05764>

EXTERNAL RESOURCES

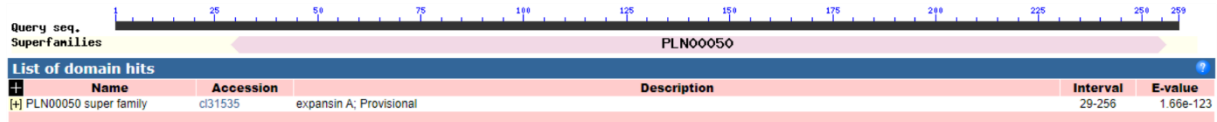
<https://www.cbrc.kaust.edu.sa/chenopodiumdb/>

<http://quinoa.kazusa.or.jp/index.html>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>CqEXPA-49

MAFIIQPLIFSLCSFFALVHARIPGVFTGGGWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNL
YSQGYGVNTAALSTALFNSGQSCGACFELKCADDPRWCHPGSPSILITATNFCPPNYA
LPSDNGGWCNPPRPHFDLAMPNFLKIAEYRAGIVPVAFRRVPCRKKGIRFTINGFRY
FNLVLITNVAGAGDLVRASVKGSKTGWMSMSRNWQNWQSNVVLVGQALSFRVTA
SDRRSSTSWNIAPPNWQFGQTFIGKNFRV*

CDS (coding sequence)

>CqEXPA-49

ATGGCCTTTATTATCCAACCTTTGATTTTCTCTCTATGTTCTTTTTTTGCTCTTGTC
ATGCTAGGATCCCTGGTGTCTTTACTGGGGGCGGTTGGCAAAGCGCTCATGCTAC
CTTTTACGGTGGCTCTGATGCCTCCGGAACCATGGGAGGTGCCTGTGGGTACGGA
AACTTGTATAGTCAAGGGTACGGGGTGAATACGGCTGCACTCAGTACTGCCCTGT
TCAACAGTGGCCAGAGTTGCGGGGCGTGCTTCGAGCTCAAGTGTGCTGATGACCC
GCGCTGGTGCCACCCGGGAAGCCCTTCCATCCTCATCACTGCCACCAATTTTTGCC
CGCCAAATTACGCGCTGCCTAGTGATAATGGCGGTTGGTGTAAACCCTCCTCGCCC
ACATTCGACCTCGCTATGCCCATGTTTCTTAAGATTGCTGAATATCGTGCCGGCA
TTGTTCTGTTGCCTTCCGCGGGTTCATGTGCAAAGAAGGGTGGTATTCGATTC
ACAATCAACGGCTTCCGTTACTTCAACTTGGTATTAATCACCAATGTCGCAGGTG
CTGGTGATTTAGTAAGGGCGAGTGTTAAAGGATCAAAGACTGGGTGGATGAGTA
TGAGCCGTAACCTGGGGCCAAAACCTGGCAATCCAACCTCCGTTCTTGTTGGTCAAGC
ACTTTCATTCCGTGTCACAGCCAGTGACCGTAGAAGTTCACCTCTTGGAACATTG
CCCCTCCTAATTGGCAATTTGGTCAAACATTCATTGGCAAAAACCTTTAGGGTCTA
A

Nucleotide

>CqEXPA-49

ACCACCTCATACTCTATACACAACAACAACTACTTTCCCAATACCCCCTGAATTTT
TCTTCCTAATGGCCTTTATTATCCAACCTTTGATTTTCTCTCTATGTTCTTTTTTTGC
TCTTGTCATGCTAGGATCCCTGGTGTCTTTACTGGGGGCGGTTGGCAAAGCGCTC
ATGCTACCTTTTACGGTGGCTCTGATGCCTCCGGAACCATGGGTATGCATGCATA
CTATTGTCACATTGTTGTTGTATTATTAGTGTTATGTCCCAGGGTCTAGTGGTCCGT

ATGTTCTTTTAGCCTGTTTGGTGGGAAACACCGGGACATTCCAAACTAGAACAT
ACGGACCACTGGTATTAATTTAATAGAATTGAAATTGTTAACTGAATTATTATTAT
TATTATTTTGTGGGAAATTGTAGGAGGTGCCTGTGGGTACGGAACTTGTATA
GTCAAGGGTACGGGGTGAATACGGCTGCACTCAGTACTGCCCTGTTCAACAGTGG
CCAGAGTTGCGGGGCGTGCTTCGAGCTCAAGTGTGCTGATGACCCGCGCTGGTGC
CACCCGGGAAGCCCTTCCATCCTCATCACTGCCACCAATTTTTGCCCGCCAAATTA
CGCGCTGCCTAGTGATAATGGCGGTTGGTGTAAACCCTCCTCGCCACATTTGAC
CTCGCTATGCCCATGTTTCTTAAGATTGCTGAATATCGTGCCGGCATTGTTCTGT
TGCCTCCGCGGTAACTTTTCTTTTTCTCTCCTCTGCTTTTGCTCTGTTTTGAGTGT
TGTTCTTTACTCTGTTTTGGTGCTTTATTTTATTTGTTGTGAAAGAGAAATGTGATG
ATTTACCAATCAATATGTGACAGTTGGGAAAGTCGCGTAAGTTATAAATAACCCT
TATGTTTCGGTCCAGTAATATTGTTGCAAGTAAATTACAAGTATGTAATACTTCGT
ATAAGTGTATAACTAGTCCACCTTCGTCCACTAAAACTAAAACGGTTATGATAC
ATGTAACCCTTTAACTATTAACATGCAATTTTAAAAAGGTAAACTTTTACTCCCTG
TGACAATATTATATGTCGTGTTATCAATGCGTAACAATTTATGATATTTCCTTTTT
AAGAGAGAATGAGCTGCAGTATTAGCTTACACTACTAATGCAATCGTCTATAATT
TGTAAGTTTTAAAGCCTTTCCTTTTTTGGAAATAAAGCATCTCTAATTGTTGAGTTT
AGGCTTTTCTTTTTTGAAGTTGTTATGAATTTGGCTTTAGAGAAAAAGAAGTCAGA
TTCATATTTGTTGCATCTTTATTGCATGGATGAAAAGGCTGCCTCTTGAATCTTAT
TCAATTTTTAAGAGTACTTTGTATGGTACTAGACCTACTAGTACCCTTCCCTATTT
ATTTGTCATTTATATTTAATTGTCCAAAATTTTATAGAATTAGTGAAATAAATGTT
TTAAAAAAATTTATTTGGAATATCTTTTATTTTACTAAATAGGTAAAAAAATTAAT
TAGGATTTTTGTAAATTTTTTTTTTTTACAAATGGTTATCTTACGTTTTCAATAAA
GAAAAGCCAATTTTTAAAATGAGTTTTCTTTTTTTAAATCACATCTTATCACTCAA
TAATCTTCTTCAAAAAGATATATTCTTGACCCTAGGGTGGGAAGTAAGATCAAAA
CCTTTGCTTGACATTTGCCCAATTGATAAGGATAATTTGAAGTACATATTCATGT
TCCTAATTAAGAAGGATTCTATTCAGATATATATTATATGCATAATAGGAGTAC
TATGGTTGATTGAGTAAATTGATTAACTTTTTACTCAATTATTTGATGGAAACTA
AAGTACTAAAATGACGAGTATTATTTTTATTTTCAATATGCATTAATTAGAATAGA
CGGTTCATTAAGTACATAAAAGTAGAGTCACAAAGAGTACGATTCTCTAATATTA
CTCAATACAGCATGTATCACACACTAACCTCGTGAGGACATGACCTAATATGCCA
CACAAGCAATATTTTTTTTTTAAACGTGGTTTGATGGATAAATATGATTAAATTC
TTTTATTTTTGGTTGTAGGGTCCATGTGAAAGAAGGGTGGTATTCGATTCACA
ATCAACGGCTTCCGTTACTTCAACTTGGTATTAATCACCAATGTCGCAGGTGCTGG
TGATTTAGTAAGGGCGAGTGTTAAAGGATCAAAGACTGGGTGGATGAGTATGAG
CCGTAACTGGGGCCAAAACCTGGCAATCCAACCTCCGTTCTTGTGTTGGTCAAGCACTT
TCATTCGTTGCACAGCCAGTGACCGTAGAAGTTCCACCTCTTGAACATTGCC
CTCCTAATTGGCAATTTGGTCAAACATTCATTGGCAAAAACCTTAGGGTCTAATA
AAGTCCTAATAGTATCCGAAATACCAAATGTACCCTATTTAGTTGTCACTTTTCT
TTATTTTTCTTCCCTTAATTTGAGGGAAATGGGAGGAAAACCTGGGGGTGTTTTT
GTCTTTTGATAGTCAAGTGTCTTTTTGACTTTGTAGGTGTGATTGGAAAAGAATGA
GTGGGAAAATTTGTA AAAAGTCGAAGCGGCTAAGAAAATGGTGTGATGAAGCCCGC
GACTTTGCTTATACGAAGTACTAGTTTGTGTTATAATTGACCAATATGATCTATAA
TGATATATGAATACAAGTATTTAATCTTCTTAGCTAATTGGAGTTGTTAGCTACCT
TAATTGTATGCTTGATTTGCGTTATAATTCAAAAAACATACAGTATATAGTGGTTC
AAAGAGTAGGAAAATGGAGAAATACCAACTATTAAGTGGACAATTGT