

IDENTIFICATION

Species: *Aquilegia coerulea*

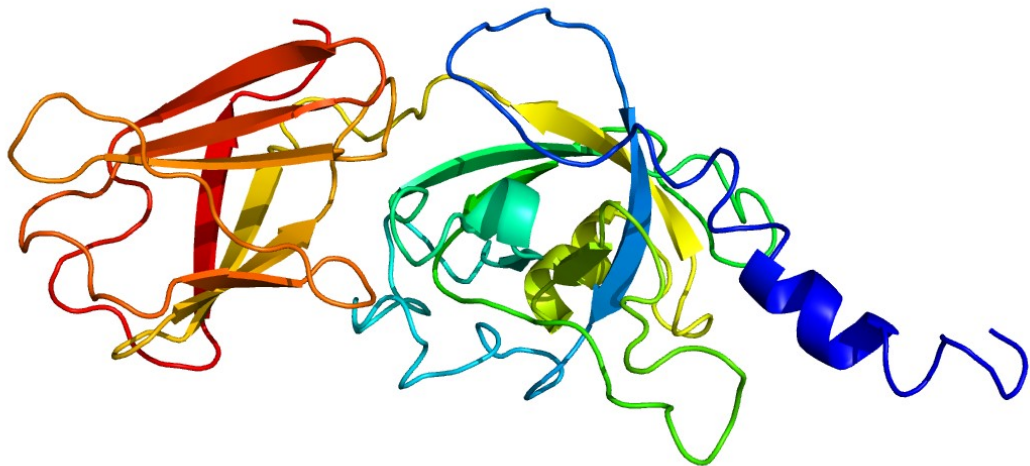
Locus: Aqcoe1G110000

Gene Model: Aqcoe1G110000.1.p

Description: AcEXPA-01

Family: Alpha Expansin

3D structure:

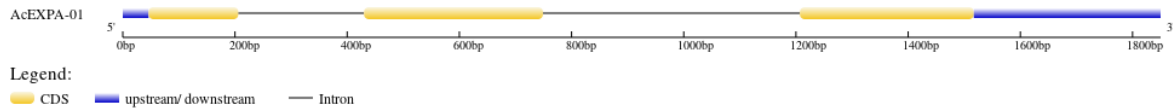


GENOME DATABASES

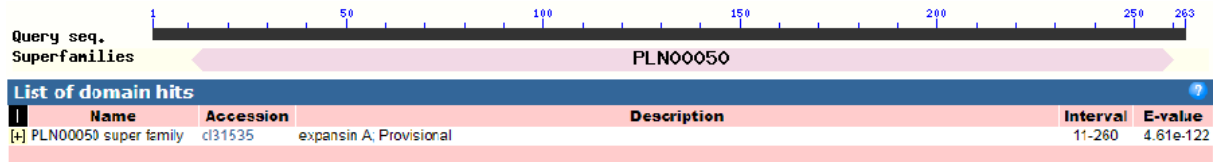
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Acoerulea_v3_1

EXTERNAL RESOURCES

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>AcEXPA-01

MAIVMKSAAAFCLVSLISFLSIVNARIPGVYTGGSWQNAHATFYGGSDASGTMGGAC
GYGNLYSQGYGVNTAALSTALFNGLSCGSCFEIKCADDPRWCHAGSPSIFITATNFC
PPNYALPNDNGGWCNPPRPHFDLAMPMFLKIAEYRAGIVPVAFRRIPCRKQGGIRFTI
NGFRYFNLVLISNVAGAGDITRVMVKGTKTGWMSMSRNWQNWQSNVAVLVGQAL
SFRVTGSDRRTSTSWNIVPAHWQFGQTFTGKNFRV*

CDS (coding sequence)

>AcEXPA-01

ATGGCCATTGTGATGAAGAGTGCTGCAGCTTTCTGTCTTGTTTCTTTAATATCATT
TTTATCAATTGTTAATGCTCGAATCCCTGGAGTTTACACTGGTGGTTCATGGCAGA
ATGCTCATGCTACTTTTTATGGAGGCAGTGATGCTTCTGGA ACTATGGGTGGAGC
TTGTGGATATGGAAATCTTTACAGTCAAGTTATGGTGTAACACAGCAGCATT
AGCACAGCTCTTTTCAACAGTGGTTTAAAGTTGTGGTTCTTGTTTTGAGATTAATG
TGCTGATGATCCAAGATGGTGCCATGCTGGTAGTCCATCCATCTTCATTACTGCTA
CTAACTTTTGCCACCTAACTATGCTCTCCCTAATGACAATGGTGGTTGGTGTAA
CCTCCTCGTCTCACTTTGATCTTGCTATGCCTATGTTCCCTAAAATCGCCGAGTA
TCGTGCCGGAATTGTTCCAGTTGCCTTTCGGAGGATCCCATGTAGGAAACAAGGA
GGAATCAGATTCACAATCAATGGTTTCCGTTACTTCAATTTAGTTTTAATCTCAA
CGTGGCAGGAGCAGGAGATATAACTCGTGTGATGGTTAAGGGTACCAAGACAGG
TTGGATGAGTATGAGTCGTA ACTGGGGGCAA AATTGGCAATCAAATGCAGTATTG
GTTGGTCAAGCTCTTTCATT CAGAGTTACTGGTAGTGATCGACG TACTTCTACTTC
ATGGAATATTGTTCCCTGCTCATTGGCAATTTGGTCAA AACTTTC ACTGGCAA AACT
TCAGAGTTTAA

Nucleotide

>AcEXPA-01

TCAC TTTCCCTTTTCTCTACTCTGTTTTTTTTACTTGTAGAAAGAAAATGGCCATTGT
GATGAAGAGTGCTGCAGCTTTCTGTCTTGTCTTTAATATCATT TTTTATCAATTGT
TAATGCTCGAATCCCTGGAGTTTACACTGGTGGTTCATGGCAGAATGCTCATGCT
ACTTTTTATGGAGGCAGTGATGCTTCTGGA ACTATGGGTATCTAACAAAACCCCC
CATTCTCTAGTCTTTATTTCAAGCAATGGTTCAGACTTCAGAGTTCTAGTCCCCTG
TTTTTTTTCCCATTTATGACTAAAATGCTTGAAATGTTTCTTAAACTAGTTAAATGT
ATGAAAAACCCTAACAGATTTTATCATTTTCAGACCCAAATACAAAACCCCCATT
GTTTGATTTTTCTGCTTTGTTTTGTTTGTCTTTGTAGGTGGAGCTTGTGGATATGG
AAATCTTTACAGTCAAGGTTATGGTGTAAACACAGCAGCATTAAAGCACAGCTCTT
TTCAACAGTGGTTTAAAGTTGTGGTTCTTGT TTTTGAGATTAAATGTGCTGATGATCC
AAGATGGTGCCATGCTGGTAGTCCATCCATCTTCATTACTGCTACTAACTTTTGCC
CACCTAACTATGCTCTCCCTAATGACAATGGTGGTTGGTGTAAATCCTCCTCGTCCT
CACTTTGATCTTGCTATGCCTATGTTCCCTTAAAATCGCCGAGTATCGTGCCGGAAT
TGTTCCAGTTGCCTTTTCGGAGGTAAAACAAAAGATTTCTTCTCAATGATAACTCTT
GTTTGTGAGATTTCTCTGTTTTTTTTCTTTCCAAACAAGTTAAGTTTTGGTCAGTTT
CCGGCCGTTTCTCGTCCGTACATTCACCTATAATACCCCTACTTTATTACCATAAT
TAATAGAATTCAAAGGTAGTTTGGTCATTTTATTTAATGGTCCTTTTCGGAAAATAC
TGGTCTCGGGACCAGAAGATGTACGACTATTATGTCGCGTGTGTGAAAACAAAGA
AGCATAAATCCTGGGGTCCAAAGTTGTTCTGTAAATGTAATAAAGGTGTTTGATG
AACTCCACGCGTTTTTCGGTTAAAGTTGCACACA ACTCTATGCACTGCTACAAAG
TAACCGAAATTCGTCCTATTATTTTAACTTTTTTTTTTATTATTATTAAGACAAAAC
TACCCTTCTAACATTTTGT TTTGTGAACTCAGGATCCCATGTAGGAAACAAGGAG
GAATCAGATTCACAATCAATGGTTTCCGTTACTTCAATTTAGTTTTAATCTCAAAC
GTGGCAGGAGCAGGAGATATAACTCGTGTGATGGTTAAGGGTACCAAGACAGGT
TGGATGAGTATGAGTCGTA ACTGGGGGCAA AATTGGCAATCAAATGCAGTATTG
GTTGGTCAAGCTCTTTCATT CAGAGTTACTGGTAGTGATCGACGTA CTTCTACTTC
ATGGAATATTGTTCCCTGCTCATTGGCAATTTGGTCAA ACTTTCCTGGCAAAA ACT
TCAGAGTTTAAAATTTACCGCCTTTTATTGGCGCCATTTTACTGTTTTTTACTCTTC
TTTTTTTTTTCTGAGGTGAAGGTGATGTGTGATGAGAACTTTTGACAATGTTGGTT
TAGGTTTTTGGGTGGGGGAGAAAGAGAAAGTGTAGGGTGTGCTGAAGTGGCTGC
AAAAAGCATGCAGCCCGCAGCTTTGATATAGTATTTAGAAA ACTATTAATATAAA
GTGTA CTTAATTATTAATAGTCATTCAGTAAATCACTGATATGACTGTGATTATCT
TCCTTCTAATTGTCTTATTTCTAAGTGTAAAGACATACTTTGTGGGAGAATTGTATT
CCTACTTGAT