

IDENTIFICATION

Species: *Salix purpurea*

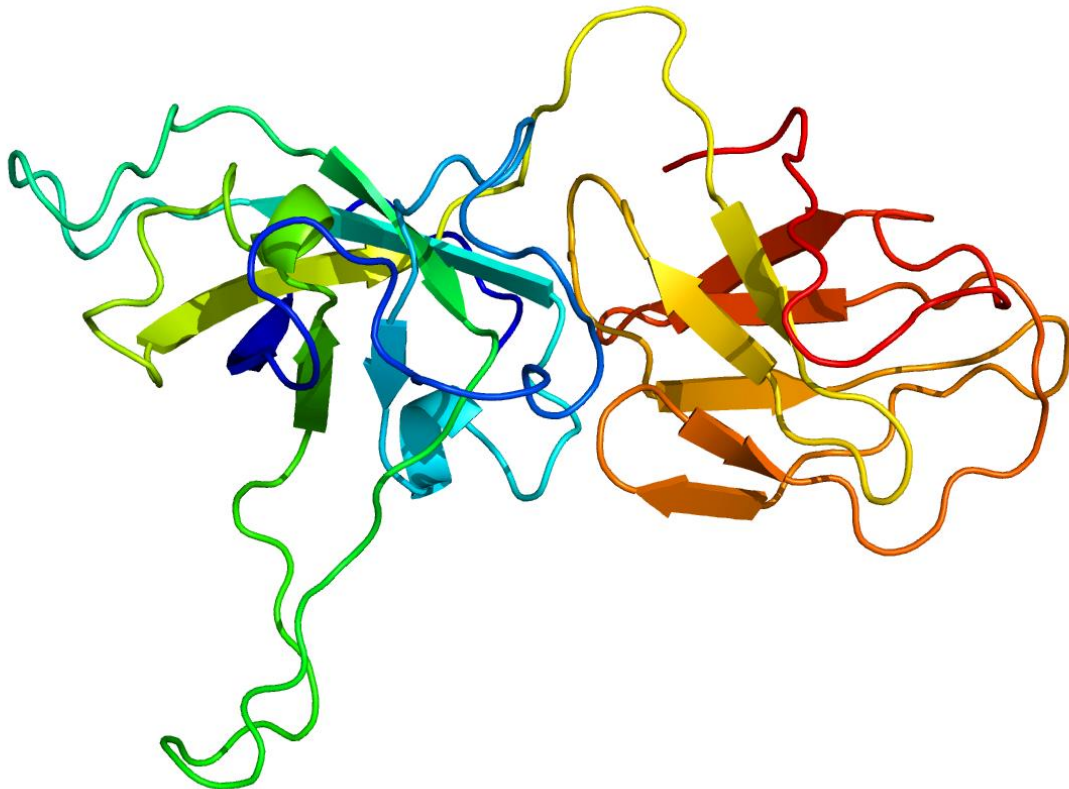
Locus: Sapur.002G134300

Gene Model: Sapur.002G134300.1.p

Description: SprEXPA-05

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

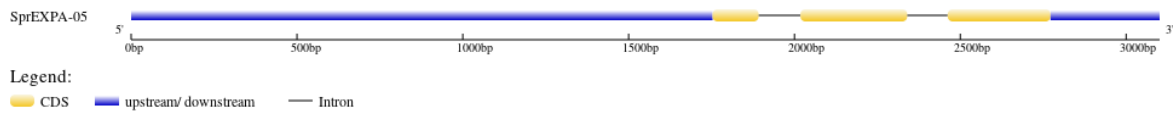
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Spurpurea_v5_1

KEGG:-

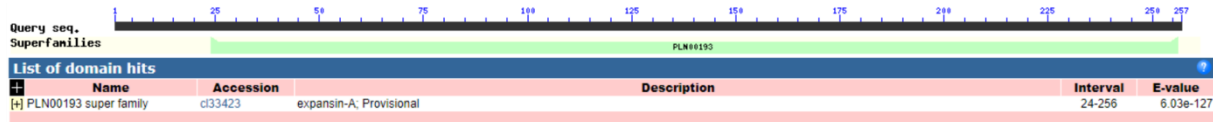
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>SprEXPA-05

MASLSVLSYAIFLFLGIYCTQCRFGSAAWQQAHAATFYGGSDASGTMGGACGYGNLY
TDGYGIKTAALSTALFNDGKSCGGCYQIVCDSSKVPQWCLGGKYITITATNFCPPNYN
LPNDNGGWCNPPRPHFDMSQPAFLTIKRYRAGIVPILFRKVGCNRSGGIRFTINGKNY
FELVLISNVGGAGDISRVWIKGSNSNQWEAMSRNWGSNWQSLSYLNGQSLSFKIQTS
NGKTRTALNVAPSNWVFGQSFKSNVQF*

CDS (coding sequence)

>SprEXPA-05

ATGGCAAGCCTTTCTGTTCTAAGCTACGCAATCTTTTTGTTCTCCTGGGTATATACTG
CACGCAATGTCGCTTCGGCTCTGCGGCTTGGCAACAAGCCCATGCAACTTTCTAC
GGGGGAAGTGATGCTTCTGGTACAATGGGTGGTGCCTGTGGATATGGAAACCTTT
ACACTGATGGCTATGGAATAAAAACCTGCGGCACTGAGCACAGCCTTGTTCAATGA
TGGCAAGTCATGTGGCGGGTGCTATCAGATAGTCTGTGATTCAAGCAAGGTTCTCT
CAATGGTGCCTCGGGGGTAAATATATTACAATCACGGCTACTAATTTCTGTCCTCC
AAACTATAACCTCCCTAATGACAATGGAGGCTGGTGCAATCCTCCTCGACCGCAT
TTCGACATGTCTCAACCTGCTTTCCTGACCATTGCCAAGTACAGAGCTGGAATTGT
ACCTATTCTGTTTCAGAAAGGTGGGCTGCAACAGAAGTGGAGGCATCAGATTTACC
ATCAACGGAAAGAACTACTTTGAGCTGGTGCTCATATCCAATGTCGGTGGAGCTG
GGGATATCTCCAGGGTATGGATCAAAGGGTCTAATTCTAATCAATGGGAAGCCAT
GTCAAGAACTGGGGGTCCAATTGGCAGAGCCTGAGCTATCTAAATGGTCAGAG
CTTGTCCTTTAAAATCCAAACCAGCAATGGGAAGACCCGGACAGCACTCAACGTG
GCACCTTCCAATTGGGTATTTGGGCAGTCCTTCAAAGCAATGTCCAATTCTAA

Nucleotide

>SprEXPA-05

TAAACACCTTCTTAATAATTAGTTCATTTTTTCGTTGAAATAAAAAGGGGAACCATA
TTTTGTTGTATGTTTAAACTCGCATTACTAGAAGAAAGAGTTGTTTTTTACAAAGT
CAACGTGCCGTA CTCTTCAGTACCGGAGCTGATGCGTTACGGAAGTTGTGGTTG
TTGATGGCGTTTGTATGTAACACATTGGTTTGAGCAAATATGATGAGCACGAGTTA
AGGCCAAGGCGGGCTCAGCATGAATTAGTTAACACAAGATACTCTAATGCTTCAC
ATTTCTGAAATTAAGTTGGTGATTGAAGCAATTATTCATAATTTCTCTTCTTAAA

CCAACCAAACAATATGATCCCATGTGTGAATCATTTATTGGTTGGCTGTGTGAGC
TCACTGGGGGATGTCATCACCCATGTGCCATGAACGTGAACATCCCCCAAGACATG
CCGAGTTAAACGGTACCGTAGTCATAACAATGCGTACATAAATAGATGATTGACT
TATATTTTATCTTAAACTTCATCCATAAATATGTTTATTTATTGATGACAAGTCAT
AATAGCTTTTTAAATATACCTAGTGGTGGTTGCTTGTATAGTTGCGAGCACAAAAG
AAAATTATTTGCAAGTCACATATGATGTTTTTTTCATCGAATTACTTTGAATAGTTT
AGTTGTAGTCTTCAATTCATATCCTTGCTAGGCGTTAGTTATGGAAAAGTTGGCGT
TACCTATAACCCCTGCTATACTTAATTGTCTGTTTGGCAATTTGCATGTCAACTGT
ACCATAACGTACAACGAATCTTACAGGTAACCTTTTGTCTGGTTCCGGATTTGC
CCAAATCCCAAGAACTTGAGCAATAAGTGGATGAATCCTATGGGTTTCGTTCTTGC
AGGTTGTGGGTGACGGCAGCATGCATGCATACACATACAGGTACAGATACACAC
ACACACATACTCACACATAGACATACATACATGCATACACACATACTCATAcata
CACACATATGAAAAGTCACATATTCCTGATTTAATTATAACTATGGATATTGCCGT
TAAAGGGATGAGGGGGAATGCGAAACGTATTAATTCGACACCTTTCTAATCTAGT
CGTAACATGGAGAATATGATAAATAAATAAATTCACGTAAGTACTAGATGTATATTATT
TTTTTATTGTGAGAGTACATGTACATGGTTGATCAATCAACTGCCCAATGCATCTT
AAAATAACTTTTCTACCGAGAGGAGATTATTTTACGAGCGTCTTCAAGTAACGTT
GGAAGAAGTAAATTCCTTAGAGAGTGGATATCTAGCTTATCTTTGATCAAAGTTA
TATATAGGAAGCATACCACCTAACTTTCTTTTTCCCATTTAATTTGGAGGAGCACA
CTTTGATATCATGAAAAATATCATGAATGTGTTGCACATCTAGAAAATCAAATG
ACTCTTTGAAAAACACTCCTTTAGATTAATGTTGAAAATTTCAAATAATTCAGG
CATATAGAAATTTCTTGCGTAATGTCCTTGTGCCATTGCATGATTATGGAATATA
TTGCGCTCAGTCAACATGGCTGCAATCAATTTCCCACTTTTCACATTGCATGAAT
GATATTTAATGAGCAGACAGAATGCAAGTAGTGAATATAAATAGTTGCCGAGTT
TTGCATCTTCTTCATCAAATTAAGTACTAGCTCTAGCAATATATAGCAAATAA
ACCAGCCTCCATTGTCGTGGAGGAAAGATAATATCATGGCAAGCCTTTCTGTTCT
AAGCTACGCAATCTTTTTGTTCTGGGTATATACTGCACGCAATGTCGCTTCGGCT
CTGCGGCTTGGAACAAGCCCATGCAACTTTCTACGGGGGAAGTGATGCTTCTGG
TACAATGGGTAAGTGCTTATTTACTTTGATATTTCTCTCTTTCTATGTACTTCAAG
GGAAAGTATTGCGATGCAAGATGTGATACATCTGTTTCAAAAAGTGCTGACTGTT
TTGAGTTAATGATGCCCATTTAGGTGGTGCCTGTGGATATGGAAACCTTTACT
GATGGCTATGGAATAAAAAGTGCAGCACTGAGCACAGCCTTGTTCATGATGGCA
AGTCATGTGGCGGGTGCTATCAGATAGTCTGTGATTCAAGCAAGGTTCCCTCAATG
GTGCCTCGGGGGTAAATATATTACAATCACGGCTACTAATTTCTGTCCTCCAACT
ATAACCTCCCTAATGACAATGGAGGCTGGTGCAATCCTCCTCGACCGCATTTCGA
CATGTCTCAACCTGCTTTCCTGACCATTGCCAAGTACAGAGCTGGAATTGTACCTA
TTCTGTTTCAAGTATGTTCTTATTAATATTTAATACTTTCCATTCTGAGTCTCTT
GACATTATATTTTGGAAATATTATAGCTAAAAGTGGAACTGTGTTCTCGTGTCTT
ATTATTTCTGGTGTATCATCAGGGTGGGCTGCAACAGAAGTGGAGGCATCAGATT
TACCATCAACGGAAAGAACTACTTTGAGCTGGTGCTCATATCCAATGTCGGTGGA
GCTGGGGATATCTCCAGGGTATGGATCAAAGGGTCTAATTCTAATCAATGGGAAG
CCATGTCAAGAACTGGGGGTCCAATTGGCAGAGCCTGAGCTATCTAAATGGTCA
GAGCTTGTCTTTAAAATCCAAACCAGCAATGGGAAGACCCGGACAGCACTCAA
CGTGGCACCTTCCAATTGGGTATTTGGGCAGTCTTCAAAGCAATGTCCAATTCT
AATTCTAAATCATGCACAGAAGTTCTGATAATGTGCTTATTTCCCTTTGCATCCT
GTCGTCTTAATTTGTTGATGTGCTCTTTGTTTTTTTCGGTTTGTCTGCACTGTATTT
TAGGACGTCTATGTTTAAACCATCTTGGGTGTGGCTTAGAATTTAACGGTTAAGC

CCACAGCGAAAAGGGAGAACTTGTGTAAGCACACTGGTCCATTATTATAAACAT
TTCCTGATTCCCCTGCTATTATTCTCTCCCTTTATGATACCTCGTCTAATTATTAC
TAGGTTGGGCCTGCTCCATGGCCGGACCATTCTTTAATGTAATTATTGC