

IDENTIFICATION

Species: *Prunus persica*

Locus: Prupe.4G183400

Gene Model: Prupe.4G183400.1.p

Description: PrpEXPA-12

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

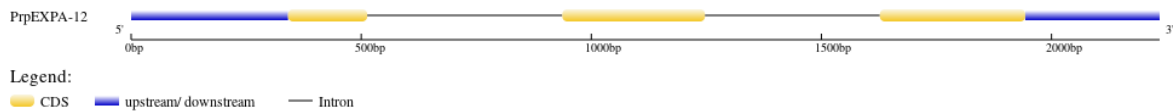
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Ppersica_v2_1

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/gn:T03092>

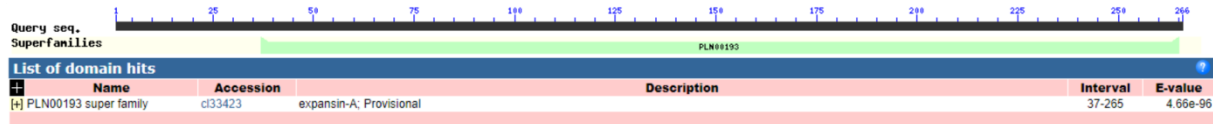
EXTERNAL RESOURCES

https://www.rosaceae.org/species/prunus_persica/genome_v2.0.a1

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>PrpEXPA-12

MAPPLGLSAVSSCASFWHIFLLVSMVLEGMIIVNVEASGWLSGHATFYGTNQDPATL
GGACGYDNTFHAGFGVNTAAVSSLFRGGEACGACYQVTCNYRIDPKWCLQRRAV
TVTATNFCPPNNNGGWCNAPHQHFD MSTPAFLRIARQGN EGIVPVIYRRVSCQRRGG
VRFTLKGQSNFNMVMISNVGGSDVKA AWIRGSRMRRGTWLP MHRNWGANWQSS
IDLRNQKLSFKLTLVDGRSLVFSNVVPSTWSFGQTFSSRNQF*

CDS (coding sequence)

>PrpEXPA-12

ATGGCGCCTCCTCTTGGTCTTTCTGCAGTTTCTTCTTGTGCTTCTTTTTGGCATATT
TTCTTGTTGGTTAGTATGGTTTTGGAGGGCATGATCATCGTCAATGTCGAAGCCAG
CGGCTGGCTCAGTGGCCATGCAACTTTCTATGGGACGAACCAGGACCCCGCCACC
CTTGGGGGTGCTTGTGGTTATGACAACACCTTCCATGCGGGGTTTGGAGTGAACA
CAGCAGCAGTGAGCAGCACACTTTTCAGAGGAGGGGAGGCATGCGGGGCTTGT
ACCAAGTGACCTGCAACTACAGGATCGATCCCAAGTGGTGCCTTCAACGCCGTGC
CGTTACGGTTACGGCCACCAATTTCTGCCCCCGAACAACAACGGAGGGTGGTGC
AATGCTCCTCACCAGCACTTTGACATGTCGACGCCAGCTTTTCTTCGCATTGCACG
ACAAGGCAATGAAGGCATAGTTCCTGTCATTTATAGAAGGGTGTCTGTCAAAGA
AGAGGAGGGGTTTCGATTCACCTTGAAGGGACAGTCAAATTTCAACATGGTGATG
ATATCCAACGTTGGAGGAAGTGGGGACGTGAAGGCTGCATGGATACGGGGGTCG
AGGATGAGGAGAGGGACGTGGCTGCCATGCACAGGAATTGGGGTGCAAATTGG
CAAAGCAGCATCGATCTCCGAAACCAAAGCTCTCTTTCAAGCTCACCTTGGTTG
ATGGAAGATCACTAGTATTTTCCAATGTTGTTTCTTCCACTTGGAGTTTTGGACAA
ACATTTTCATCCCGCAACCAGTTCTGA

Nucleotide

>PrpEXPA-12

CAAAGTTAGCTGCTCTCTCACATGCACTTGCTCTATCATGTCTCATAACTGTCATT
CCCGATCGTACATAACCTTTCCGTA CTCTTCATATTCACAGGACGTGGAAAAACG
CGTTTTGTAAAAA AAAAACTAATTTGTTCATTTTATTGTATGCATAATA
ATTCATTAAGGTT CATGATCTACATTTTATTTAGTCACCGACGAGCGTTTCGATG
AGTCTATAAATAGTCAGGGAAGCTGCCTTTC AAGGAAGCATTGAAGCTTATAGA

GTTTGCCTCAGAACAAGTATAGAAACCTGTGTGCCTGTCTAGAGTTTAGAGGGGA
ATTATTCAATGGCGCCTCCTCTTGGTCTTTCTGCAGTTTCTTCTTGTGCTTCTTTTT
GGCATATTTTCTTGTGGTTAGTATGGTTTTGGAGGGCATGATCATCGTCAATGTC
GAAGCCAGCGGCTGGCTCAGTGGCCATGCAACTTTCTATGGGACGAACCAGGAC
CCCGCCACCCTTGGTAAGTGTACGTTTTGACAAAATAAATGCTGTCTTTTACATA
AGTAGCTAATATATTGCTAAAACCTTTTATATATGTAAAGTTGTTTTTGCCTTCAGAT
CCTCTACTTATGGTTTTGACGGTGATCTTGTGCTTGTGTTTAGAACTATGTAATTTT
TTATATATAATTATCTAATTGCCACCCAAGATGTGTTTTAGTTCTTAAACCTCGAAG
TTTCGGACATAAGTGCAAGATCAGCCCTAACAAGATCATCAATATTCTATTTTGT
GAATAATGTGTATCGAGATCATTAGTAACTAATGTGTAATATCGTAGCAAATAAT
TGTTTTTCTTCATTCTTTTGTGGTTCAATTGGTGATCATAATTAATAAAGTGTAG
ATAACATTATGGATTGATGGTGACATGAAATATATATGCATATAGGGGGTGCTTG
TGGTTATGACAACACCTTCCATGCGGGGTTTGGAGTGAACACAGCAGCAGTGAGC
AGCACACTTTTCAGAGGAGGGGAGGCATGCGGGGCTTGTACCAGTGACCTGC
AACTACAGGATCGATCCCAAGTGGTGCCTTCAACGCCGTGCCGTTACGGTTACGG
CCACCAATTTCTGCCCCCGAACAACAACGGAGGGTGGTGCAATGCTCCTCACCA
GCACTTTGACATGTGACGCCAGCTTTTCTTCGCATTGCACGACAAGGCAATGAA
GGCATAGTTCCTGTCAATTTATAGAAGGTAGTATAACAGAACAATCAATGATGGCT
AATATTATTGCACAAAAAATATAATTAATAAATAGGCATTATTCATACAATTACAA
ATTAATAATTCCAACCTGCACTAACTAGCTTTTCACGAACATGCTGCAGTATATAT
ATAATCTAATTACAGATTGGGACTGTAATCCAAATTGGATTTGATTGACGTGGAT
TTACATTTGTTTGCCTTTCTCCGCGCAGACATGCACGTAAAGAAAGGGTGTAGTT
TGATATGCATTGTTAATTTACTATGATATTTTGATATACATTGTTGACTCATTCTCT
CAATTGCTTACGTATGTTTTGGATAAATTGGTTGTCTAACATCATAACCTCTACTT
TGGAATTGCAACTAGGGTGTGTCGTTCAAAGAAGAGGAGGGGTTTCGATTCACCTT
GAAGGGACAGTCAAATTTCAACATGGTGATGATATCCAACGTTGGAGGAAGTGG
GGACGTGAAGGCTGCATGGATACGGGGGTCGAGGATGAGGAGAGGGACGTGGCT
GCCCATGCACAGGAATTGGGGTGCAAATTGGCAAAGCAGCATCGATCTCCGAAA
CCAAAAGCTCTCTTTCAAGCTCACCTTGGTTGATGGAAGATCACTAGTATTTTCCA
ATGTTGTTCCCTTCCACTTGGAGTTTTGGACAAACATTTTCATCCCGCAACCAGTTC
TGATAATCTTAATTTAATTAATAATTAGCTCTCCATGCTTGCAAATTAAGGAG
ACACCAATATAGATATATATGACCATGGCTAGCAACATGTACCCAAACAAGGCA
CTTAATTAATTGCTTTGCAAATTGCAATGGGTCAAGGGCATTTCGTATTTATCTTAT
TTATAGCTCAAACCTATTGAGGCAATGAAAATTAAGGATATTGCCTCTGTGTTTTAC
TTGCTTTATGCATATTGCTACTTGCTCCACCAAAAAGTTGGGAGCCGCTATTGTTA
ATTATATTCATTCAACTG