

IDENTIFICATION

Species: *Carica papaya*

Locus: evm.model.supercontig_212.10

Gene Model: evm.model.supercontig_212.10

Description: CpEXPB-03

Family: Beta Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

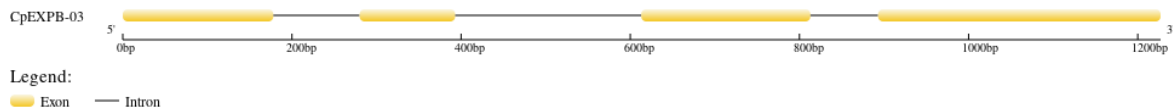
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Cpapaya_ASGPBv0_4

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T05151>

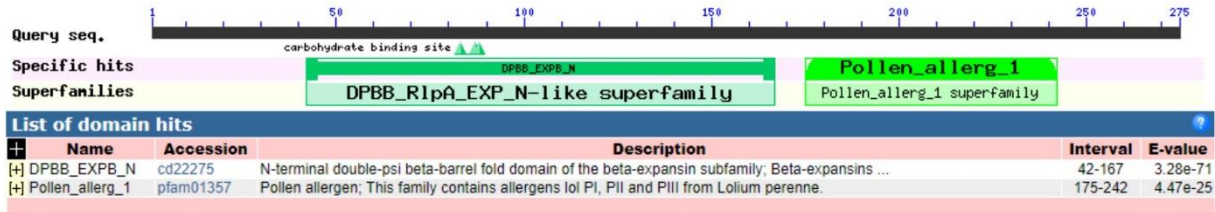
EXTERNAL RESOURCES

<http://asgpb.mhpc.hawaii.edu/papaya/>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>CpEXPB-03

MEFSFRCSLYLLL VYLCLLLESCHCFYPKLLNFSDSQTDSDWSPAAATWYGSPTGAG
TDGGACGYGPTVDQPPFSAMVSAGGASLFKEGKGGCACYQVKCTSDDNKVCSGNP
VSVVITDNCPPGPCASDSIHFDLSGTAFGAMANSDDADQLRNAGVLKIQYRKVECN
PQKTVTFHIDSGSNSNYFATLIEYEDGDGELAGVELKQALDSDTWLPMQQSWGAVW
KLDSGSTLRAPFSLRLTAMGTNDTLIVTAVIPAGWQPGQSYRSLVNFKP*

CDS (coding sequence)

>CpEXPB-03

ATGGAGTTTTTCATTTAGATGTTTCGTTATACCTTTTACTCGTATATTTGTGTCTGT
TTAGAATCTTGTCACTGTTTCTACCCTAAGTTGCTTAATTTTCCGACTCACAAAC
TGATTCCGATTGGTCACCTGCTGCTGCTACATGGTATGGTAGCCCCACTGGTGCCG
GTACTGATGGTGGAGCTTGTGGATACGGGCTACTGTGACCAACCTCCATTCTC
TGCAATGGTATCGGCAGGAGGTGCTTCCCTCTTTAAGGAAGCAAAGGATGTGGA
GCCTGTTATCAGGTAAAGTGTACATCTGATGATAATAAAGTATGCTCAGGAAATC
CAGTGAGCGTAGTAATTACAGACAACCTGCCAGGTGGTCCATGCGCATCAGATTC
GATTCATTTTGATTTAAGTGGTACTGCTTTTGGAGCCATGGCTAATTCTGATGACG
CAGATCAACTTCGCAACGCTGGAGTATTGAAAATTCAGTATAGAAAAGTTGAGTG
CAACTATCCTCAAAAAACGGTGACTTTTCATATTGATTCGGGCTCCAACCTCAACT
ATTTTGCAACGCTAATTGAATACGAAGATGGAGATGGAGAGCTTGCTGGAGTTGA
ATTGAAACAAGCTCTAGACTCAGACACTTGGCTACCCATGCAACAGTCATGGGGT
GCTGTTTGGAAACTTGACTCTGGCTCTACTCTACGTGCTCCTTTTTCCTCCGGT
AACTGCAATGGGGACCAATGACACTTTGATTGTTACTGCTGTAATTCCTGCTGGT
GGCAACCGGGTCAATCATATAGATCACTTGTC AATTTCAAACCCTAA

Nucleotide

>CpEXPB-03

ATGGAGTTTTTCATTTAGATGTTTCGTTATACCTTTTACTCGTATATTTGTGTCTGT
TTAGAATCTTGTCACTGTTTCTACCCTAAGTTGCTTAATTTTCCGACTCACAAAC

TGATTCCGATTGGTCACCTGCTGCTGCTACATGGTATGGTAGCCCCACTGGTGCCG
GTA CTGATGGTAATCTCCTATTTACACGTATATAACACATTATATATACATATATA
TACTCCATTCATTTAACATTAATTATATACACATGTATGTATGTGTATCATATAGG
TGGAGCTTGTGGATACGGGCCTACTGTGACCAACCTCCATTCTCTGCAATGGTA
TCGGCAGGAGGTGCTTCCCTCTTTAAGGAAGGCAAAGGATGTGGAGCCTGTTATC
AGGTACCATATGCCAACCTATTATCAATATGTGTGTGGTGTGTGTGTATCTATAAT
ATATTAATTCCTTAACCATTAATGTTGGTGGACTTATTTTGAAAATGTTGGTGACA
GTATCACCCCCTTCGAATTTGACATATGCATATATATGTATGTATATTCAAAGTTT
CCTTTCTTTCACTACCTACTGCTAATTTTTGGATTATGGATATTATTGATTCAGGTA
AAGTGTACATCTGATGATAATAAAGTATGCTCAGGAAATCCAGTGAGCGTAGTAA
TTACAGACA ACTGCCAGGTGGTCCATGCGCATCAGATTCGATTCATTTTGATTTA
AGTGGTACTGCTTTTGGAGCCATGGCTAATTCTGATGACGCAGATCAACTTCGCA
ACGCTGGAGTATTGAAAATTCAGTATAGAAAGTAATTTAATATTAATTTATTATT
GATATTTAATTTTTTTCTTTAAATAATACATAATTTTTTTCTTTAAAAATTTGATAGA
GTTGAGTGCAACTATCCTCAAAAACGGTGACTTTTCATATTGATTCGGGCTCCA
ACTCCA ACTATTTTGCAACGCTAATTGAATACGAAGATGGAGATGGAGAGCTTGC
TGGAGTTGAATTGAAACAAGCTCTAGACTCAGACACTTGGCTACCCATGCAACAG
TCATGGGGTGCTGTTTGGAACTTGACTCTGGCTCTACTCTACGTGCTCCTTTTTC
ACTCCGGTTAACTGCAATGGGGACCAATGACACTTTGATTGTTACTGCTGTAATTC
CTGCTGGTTGGCAACCGGGTCAATCATATAGATCACTTGTCAATTTCAAACCCTA
A