

IDENTIFICATION

Species: *Cicer arietinum*

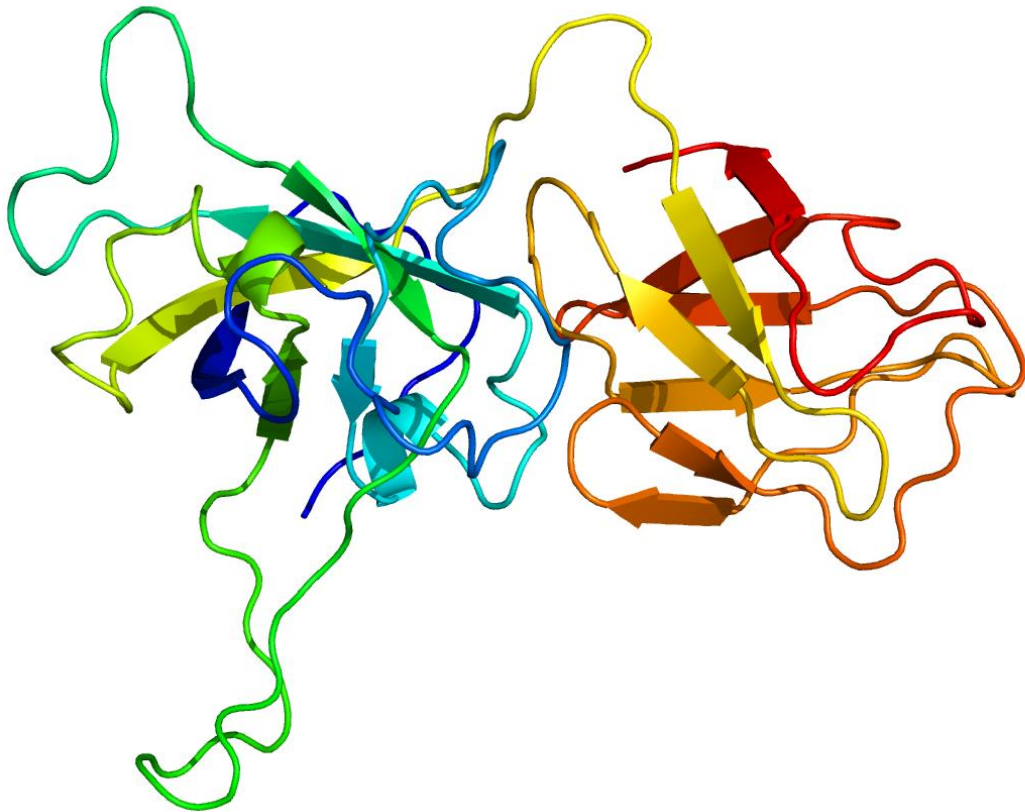
Locus: Ca_21133

Gene Model: Ca_21133

Description: CarEXPA-08

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Carietinum_v1_0

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T02819>

EXTERNAL RESOURCES

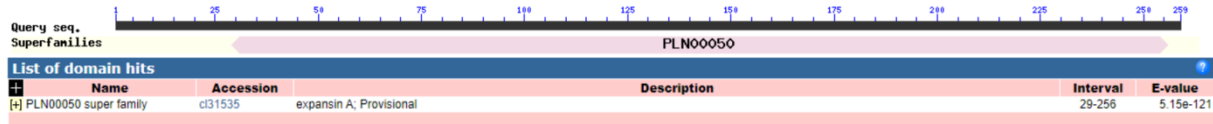
https://www.pulsedb.org/bio_data/80

<http://www.cicer.info/databases.php>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>CarEXPA-08

MAATVLLSIASLASLFLVATTARIPGFYSGGPWQTAHATFYGGSDASGTMGGACGYG
NLYSQGYGVNTAALSTALFNGLSCGSCFEIKCDQDPRWCNPGNPSILITATNFCPPN
FAQPSDNGGWCNPPRPHFDLAMPMLKIAQYRAGIVPVA YRRVPCRKKGIRFTING
FRYFNLVLITNVAGAGDIIRVSVKGTNTAWMSMSRNWQNWQSNAVFVGQALSFR
VTGSDRRTSTSWNVAPPNWQFGQTFSGKNFRI*

CDS (coding sequence)

>CarEXPA-08

ATGGCTGCAACTGTTCTCCTCTCCATTGCATCATTGGCCTCACTTTTTGTTGCAAC
CACTGCTAGAAATCCCTGGTTTTTACAGTGGTGGCCCATGGCAAACCTGCTCATGCT
ACTTTCTATGGTGGCAGTGATGCCTCTGGAACAATGGGTGGTGGTGTGTTGGGTATG
GAAACTTATACAGTCAAGGATATGGTGTAAACACAGCAGCACTAAGCACAGCAC
TATTCAACAATGGATTAAGCTGTGGTTCATGTTTTGAGATCAAGTGTGACCAAGA
TCCACGTTGGTGTAAACCCTGGTAACCCTTCAATCTTAATCACTGCAACAAATTTTT
GTCCACCAAAATTTGCTCAACCTAGTGACAATGGTGGTGGTGTAAACCCACCTCG
ACCACACTTTGATCTTGCTATGCCTATGTTCCCTAAGATCGCTCAATACCGTGCCG
GAATCGTCCCGTCCGCTTACCGCCGGGTGCCATGTAGAAAGAAAGGAGGCATCA
GATTCACAATCAACGGTTTCCGTTACTTTAACTTGGTTTTAATCACCAACGTCGCG
GGTGCAGGAGATATCATAACGCGTGAGTGTGAAAGGAACTAACACCGCTTGGATG
AGTATGAGCCGTAACCTGGGGGCAAAATTGGCAATCCAACGCTGTTTTTGTGGGCC
AGGCTCTCTCTTTTAGAGTTACCGGCAGTGACCGACGTACATCAACCTCATGGAA
CGTGGCACCACCTAATTGGCAGTTTGGACAAACCTTCAGTGGAAGAATTTCCGT
ATCTAA

Nucleotide

>CarEXPA-08

ATGGCTGCAACTGTTCTCCTCTCCATTGCATCATTGGCCTCACTTTTTGTTGCAAC
CACTGCTAGAAATCCCTGGTTTTTACAGTGGTGGCCCATGGCAAACCTGCTCATGCT
ACTTTCTATGGTGGCAGTGATGCCTCTGGAACAATGGGTAAACCCTTCACACTTCT
CTCATTCTTTCATTACATTTTAATCTTCAACTCTGTTTTCCCTGTTTTCTACTACCC
ATTTTCCCCCAAATCATCACCCTTCTTGTATAAATCCACTCACCATTTTCCATT

TTCAATTTACACATAACTCTACTAAAATGCACCAATTTTTCAACCATTTTAACCC
CAACCCCTCTTTTCTTTACATTTTTCTGTAAAATATTGTTCTGTTTCGTCTTTTCA
AAAAAACCATTTCTCAAACCCATGTTCTAGGTCCCCAAATATTTAACCAACCAA
AGTTTTCTCTTTTATGCTACCCTTTAACTCAAAATCCAACCTACACAACATAAATTT
ACAATCTTTCCCTCGCATTTTTCCATTCACCTTCAAAATCAACACAAATAAATTAC
AGCTATAAAACACACTAAACCCATCTTTTTAATAAAAATAAAATATTTAGTGATTT
GACATGCCTAATTTTAATGTAAATTATTTTATTTTTGGGTAATTTTCAGGTGGTGC
TTGTGGGTATGGAACTTATACAGTCAAGGATATGGTGTAACACAGCAGCACTA
AGCACAGCACTATTCAACAATGGATTAAGCTGTGGTTCATGTTTTGAGATCAAGT
GTGACCAAGATCCACGTTGGTGTAACCCTGGTAACCCTTCAATCTTAATCACTGC
AACAAATTTTTGTCCACCAAATTTTGCTCAACCTAGTGACAATGGTGGTTGGTGTA
ACCCACCTCGACCACACTTTGATCTTGCTATGCCTATGTTCCCTAAGATCGCTCAA
TACCGTGCCGAATCGTCCCCGTCGCTTACCGCCGGTGAGTTCAACCACCCCTTTC
TTTGTCTTTGCTTTTCATTTTATGGGTTGCTTTCAATTTTTTCATCTTTTTTGAGGTTT
TCACTGTTTGGTAGCATACAAATAAGATGAAAACTAGTAAGTAAAAATCTGA
GTTTTCTTTCTTTTTCTATCATTTTTTTTATTTCTTAAAATTATGAACCTGCACATA
TACTTTGTGCATGTGTAGTCCTACTTTTAAATTAATCAGAATTAATTAATTTGATT
TTTAGAATTAATTATAATTTAAGATTTTGGTAGATTTTGAATTAGAAAGTGATTTT
TATATTAATAATTTATTGATGAAGTAACTCTTATTTTTTTTATAATCAAAAATCACT
TTATACTTAATGTTACTGTCCCCACAAATACAAAAAATGTGGAAATTTTTTGCCTT
TTTGCCAATATTTTTCTTTCCAAACACCGTTTGTTTTTTTAGGAAACAATCCAAA
ATTATGTTAGAATCTCCTTCGCTGTTTTCATCAGAGTCACACTCAAGTGTTTTGTC
GATTTACACTGATAAATAGGAACCAAGAAAATTAGAAGAACCATTTTTCTTCT
AACATTGTTGAGCAATAATTTTTTTTGTGTTTGCAGTATAATTATCATGAGAAACCA
TTAATGTTACTAATACTGCATTTAGATGCATATTTTCATGTATGAACAATTAATCTA
TTTTGGTGAAAGTGGATTTTAACTTGATCCATATTTGTCAAATTAATGTGTAACCA
TATTCATTTAAAGCTCTTTTTTCTTTTATCACTTTTGTGTTCTTTCGGTGTTTTGGT
GCATATGCTTTAGTATCGGTGGTCAGTGCCAAATGACTAAAATAACCTCAAATTA
GAAACAAATCTAGTTCTTCTAGGGTATTGTAGTCATTCACATTTTTGCAAATAGTA
CTTCGAGGGTATGCTAGTAATTACGACTATATAAATATAAATATCCGGAAAACCTG
GACTTAAAGTCAGAGAAAACATCTTTCGTAGTTCCATACCGATGTTAGGTCACAC
ATCCTTAGAAAAAGGTTCAATTTTCGGGGTTTTGTAACAAATTAATAATTACATGC
TTTTCAAATCTTGAAATTTAATAATCACAGTCATCAATGTTAATTAGTACTATTAT
TTTTATTTACATTGACTAATTAGCTTTTTAATAGGTAATGGTAAATTTATTTTGA
ATTTGTCTAATTTTAAATTCAACAATAATTTAACAGGATCACATATTGATTTTA
TTCATTGTTTCGACAGTATGGCACATGTTGGTTTCAAATGTCTGAAATTTTAATT
TGATAGATTGCATTGGAACCTAAATAGTTTAGATTTTTATATCAAATTTACTGACAA
AAAAAATCAGGAAAAAAAACATAAATTGAAATAATTGAATTGAACCTTTTATG
TAATTTATTTGGTTACATTGCATATGCAGGGTGCCATGTAGAAAGAAAGGAGGCA
TCAGATTCACAATCAACGGTTTCCGTTACTTTAACTTGGTTTTAATCACCAACGTC
GCGGGTGCAGGAGATATCATACGCGTGAGTGTGAAAGGAACTAACACCGCTTGG
ATGAGTATGAGCCGTAACCTGGGGGCAAAATTGGCAATCCAACGCTGTTTTTGTGG
GCCAGGCTCTCTTTTTAGAGTTACCGGCAGTGACCGACGTACATCAACCTCATG
GAACGTGGCACCACCTAATTGGCAGTTTGGACAAACCTTCAGTGGAAGAATTC
CGTATCTAA