

IDENTIFICATION

Species: *Gossypium raimondii*

Locus: Gorai.001G111100

Gene Model: Gorai.001G111100.1

Description: GrEXPA-02

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

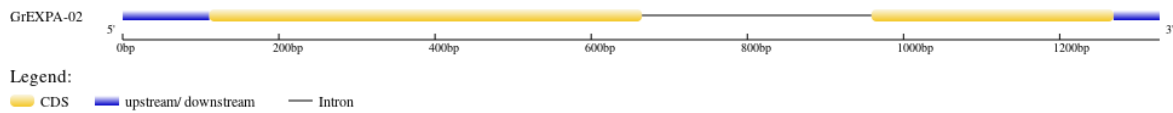
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Graimondii_v2_1

Kegg: <https://www.genome.jp/entry/T04129>

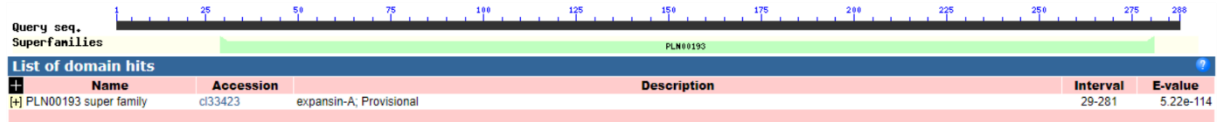
EXTERNAL RESOURCES

https://www.cottongen.org/species/Gossypium_raimondii/jgi_genome_221

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>GrEXPA-02

MAVASVACILLFLSSTMWMGEARIPGVYSGGAWQNAHATFYGGSDASGTMGMYF
SLILLISHFRLNKTLLKSTNTDFAGGACGYGNLYSQGYGVNTAALSTALFNNGFSCGAC
FEIKCASDPQWCHSGSPSIFITATNFCPPNYALPSDNGGWCNPPRPHFDLAMPFLKIA
EYRAGIVPVSYRRVPCRKRGGIRFTINGFRYFNLVLISNVAGSGNIVKASVKGSRTGW
MSMGRNWGQNWQSNVVLVGQSLFRVTGSDRRTSTSWNIVPAHWQFGQTFTGKNF
RV*

CDS (coding sequence)

>GrEXPA-02

ATGGCAGTGGCGAGTGTAGTAGCATGCAATTTGCTGTTTCTCTCCTCCACAATGTG
GATGGGTGAAGCTAGAATTCCTGGAGTTTATTCTGGTGGCGCATGGCAAACGCC
CATGCTACCTTCTATGGTGGTTCTGACGCTTCGGGCACCATGGGTATGTACTTTTC
CCTCATTCTCTTAATTCACATTTTCAGACTCAACAAAACACTCAAATCCACCAACA
CTGACTTTGCAGGAGGAGCTTGTGGGTATGGAACTTGTACAGCCAAGGATATGG
AGTTAACACGGCGGCATTAAGCACTGCGTTGTTCAACAATGGGTTCAGCTGCGGT
GCTTGCTTTGAGATCAAGTGTGCTAGTGATCCACAGTGGTGCCATTCAGGGAGCC
CATCCATATTCATCACTGCAACCAACTTTTGCCACCAAACACTACGCTCTCCCAAGC
GACAATGGCGGCTGGTGTAAACCCTCCTCGTCCTCACTTTGACCTCGCCATGCCCAT
GTTCCCTAAGATTGCAGAGTACCGTGCCGGTATTGTTCCCGTTTCCCTACCGCCGGG
TGCCATGCCGAAAAGGGGAGGGATAAGGTTCAACAATCAATGGATTCCGATACT
TCAACTTAGTGTTGATTTCCAACGTGGCGGGTTCAGGGAATATCGTGAAGGCTAG
TGTGAAAGGATCAAGGACAGGGTGGATGAGCATGGGTTCGAAATTGGGGTCAGAA
TTGGCAGTCAAACGTTGTGCTGGTTGGTCAGTCACTCTCATTAGGGTCACAGGC
AGTGACAGACGCACTTCCACCTCTTGAACATCGTCCCCGCCATTGGCAATTTG
GTCAAACATTCACGGGCAAAAATTCAGAGTTTGA

Nucleotide

>GrEXPA-02

ACCACAACCCCACTCTTGCTCTCTTCTCTTCCCTTCTTCTCTACAGATTTTCAG
TAACTTATATAGAGTTTAAATTATAGTGTTGAGGTTGTTGGAGGAGGGGCAAAAA
TGGCAGTGGCGAGTGTAGTAGCATGCAATTTGCTGTTTCTCTCCTCCACAATGTGG
ATGGGTGAAGCTAGAATTCCTGGAGTTTATTCTGGTGGCGCATGGCAAACGCC
ATGCTACCTTCTATGGTGGTTCTGACGCTTCGGGCACCATGGGTATGTACTTTTCC

CTCATTCTCTTAATTTACATTTTCAGACTCAACAAAACACTCAAATCCACCAACAC
TGACTTTGCAGGAGGAGCTTGTGGGTATGGAACTTGTACAGCCAAGGATATGGA
GTTAACACGGCGGCATTAAGCACTGCGTTGTTCAACAATGGGTTCAGCTGCGGTG
CTTGCTTTGAGATCAAGTGTGCTAGTGATCCACAGTGGTGCCATTCAGGGAGCCC
ATCCATATTCATCACTGCAACCAACTTTTGCCCACCAAACACTACGCTCTCCCAAGCG
ACAATGGCGGGCTGGTGTAACCCTCCTCGTCCTCACTTTGACCTCGCCATGCCCATG
TTCCTTAAGATTGCAGAGTACCGTGCCGGTATTGTTCCCGTTTCCTACCGCCGGTA
TGCCGCTATGTTTCCTTACCCTTTTTTTTCTAATATTAATTTGGTAATGATGTTTC
GTGTTTAATTTATTTAATTGTCAGTAACATAAAAATGCTACCCAATTTAATATGGAG
AAACAGGGATTCAAAGACAAAACGTATGGATTTTGTTTTCAAATCTTTTTAAG
AGTTAAAATTATTATTATATGTAATTTTCGGAGAAAAAAATTTGTTTAATCAATGT
TATAATGAGATCCGCTCAAGATTA AAAAGAGTTAAAAGGGTGGTGGCTTTGATT
TAAATTACACAGGGTGCCATGCCGAAAAGGGGAGGGATAAGGTTCAACAATCAA
TGGATTCCGATACTTCAACTTAGTGTTGATTTCCAACGTGGCGGGTTCAGGGAAT
ATCGTGAAGGCTAGTGTGAAAGGATCAAGGACAGGGTGGATGAGCATGGGTCGA
AATTGGGGTCAGAATTGGCAGTCAAACGTTGTGCTGGTTGGTCAGTCACTCTCAT
TTAGGGTTCACAGGCAGTGACAGACGCACTTCCACCTCTTGGAACATCGTCCCCGC
CCATTGGCAATTTGGTCAAACATTCACGGGCAAAAATTTAGAGTTTGATTTCTC
AAAGAAAAAGAAAAAAGAAAAATATTAGCCCCATAAGTTAGGAAAAGCCATT