

IDENTIFICATION

Species: *Citrus sinensis*

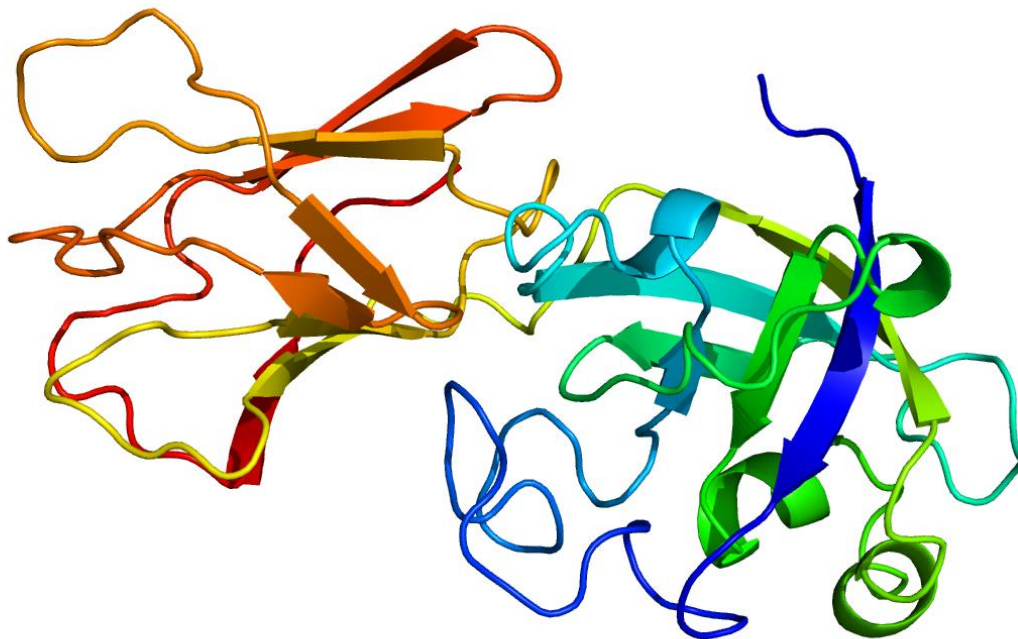
Locus: orange1.1g044280m

Gene Model: orange1.1g044280m

Description: CisEXPB-03

Family: Beta Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

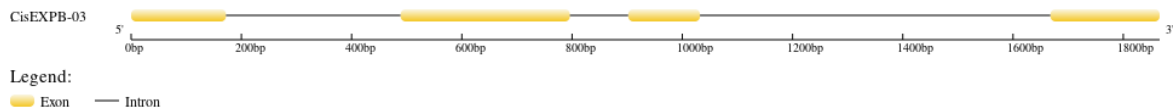
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Csinensis_v1_1

Kegg: <https://www.genome.jp/entry/T02983>

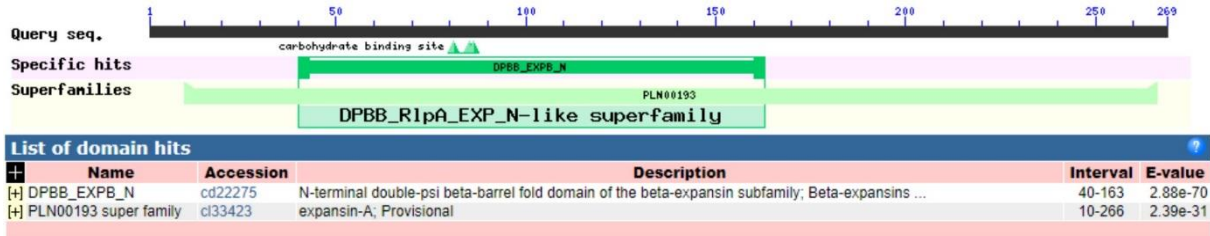
EXTERNAL RESOURCES

<https://www.citrusgenomedb.org/organism/Citrus/sinensis>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>CisEXPB-03

MQCQPEYSVSQVLTFLLLFKCSVVAPTQLNHQLSEPHWLPATATWYGSPEGDGSD
GGACGYGSLVDVKPLRARVGA VSPVLFKNGGGCGACYKVRCLDKSICSRRAVTHIVT
DECPGGYCSNGRTHFDLSGA AFRMAIAGESGELRNRGELPVIYRRAPCKYPGKNIA
FHVNEGSTDYWLSLLVEFEDGDGDV GSMHIREASSSEWLQMNHVWGANWSIIGGPL
KGPFSVKLATLSTGRTLSARAVIPSNWSPKATYTSRLNFSP*

CDS (coding sequence)

>CisEXPB-03

ATGCAGTGCCAGCCGGAGTACAGCGTCAGCCAAGTCTTGACCTTTTTTCTTCTGTT
GGCGTTCAAGTGTTCAGTTGTTGCTCCAACGCAGCTAAATCACCAACTGTCGGAA
CCACATTGGCTTCCAGCTACCGCCACTTGGTACGGCAGCCCCGAAGGCGACGGCA
GCGACGGAGGGGCTTGTGGGTACGGTTCATTAGTGGACGTGAAGCCACTTAGGG
CGCGAGTGGGTGCAGTGAGCCCGGTGCTGTTCAAGAACGGAGGGGGATGTGGAG
CATGCTACAAAGTTAGGTGCCTTGACAAGAGCATTGCTCAAGGCGGGCCGTCAC
AATCATTGTAACGGACGAGTGCCCCGGTGGCTACTGCTCCAACGGTTCGACCCAC
TTTGACCTCAGTGGTGCAGCCTTTGGTTCGCATGGCCATTGCTGGTGAGAGTGGCG
AGCTCCGTAACCGAGGCGAGCTCCAGTCATCTATAGACGGGCCCCATGTAAATA
TCCTGGGAAGAATATTGCGTTCATGTGAATGAAGTTCAACAGATTATTGGCTT
TCCTTTTTGGTGAATTTGAAGATGGAGATGGTGATGTTGGCTCAATGCACATAA
GGGAGGCAAGTTCAAGTGAGTGGCTGCAGATGAATCATGTATGGGGTGCAAATT
GGTCTATTATTGGGGGACCGTTAAAAGGACCATTCTCAGTGAACTAGCAACATT
ATCAACAGGAAGAACCCTCTCGGCCAGGGCTGTCATTCCAAGCAATTGGTCACCA
AAAGCAACTTACACTTCTCGCCTCAACTTCTCTCCCTAA

Nucleotide

>CisEXPB-03

ATGCAGTGCCAGCCGGAGTACAGCGTCAGCCAAGTCTTGACCTTTTTTCTTCTGTT
GGCGTTCAAGTGTTCAGTTGTTGCTCCAACGCAGCTAAATCACCAACTGTCGGAA

CCACATTGGCTTCCAGCTACCGCCACTTGGTACGGCAGCCCCGAAGGCGACGGCA
GCGACGGTAGGGCCCACTACGTACCCTTTTGTTCATTACTAGTAACTCTAGGCT
CTAACTACTATTCTTGAGTCAAGATCTGTTTTAAGCTATAGCTAATTTAAGTTCAG
TTGTGGGCGCGGACGGGGTCATAATATATGACACCAATTTTGAGGGACGCATAAC
ATATTCATTATCAATTTGAGGGATCAAAAAATAAAAAATTTACATAAAATCCGTTTT
AGTTGTTTGCTGATTTGTGATTTGACACAGAACCCGACTGTGTCAACTCAGTTAAT
TGACAAGCATTTTGTGTAATTTGGGTAGTTATCATAATGTGCAGGAGGGGCTTGT
GGGTACGGTTCATTAGTGGACGTGAAGCCACTTAGGGCGCGAGTGGGTGCAGTG
AGCCCGGTGCTGTTCAAGAACGGAGGGGGATGTGGAGCATGCTACAAAGTTAGG
TGCCTTGACAAGAGCATTGCTCAAGGCGGGCCGTCACAATCATTGTAACGGACG
AGTGCCCCGGTGGCTACTGCTCCAACGGTCGCACCCACTTTGACCTCAGTGGTGC
AGCCTTTGGTCGCATGGCCATTGCTGGTGAGAGTGGCGAGCTCCGTAACCGAGGC
GAGCTCCCAGTCATCTATAGACGGTATTCTCTTTGACTTTAAACGCCTCTCCTCTC
TTTTGTCACCTTAGGCTCGTTTATTTGTTCTGTTAATTTTTATAATTATTAATATTT
TTGGCTAATCTTTTAGGGCCCCATGTAAATATCCTGGGAAGAATATTGCGTTCAT
GTGAATGAAGGTTCAACAGATTATTGGCTTTCCCTTTTGGTGGAATTTGAAGATG
GAGATGGTGATGTTGGCTCAATGCACATAAGGGAGGTAAATTTTGTATTCTTTT
AAATTTTTACTTTTGCTTAGTAAAGCATTTCCTCCCATGTCGTTTAAGACAGTAAA
GTGTAAAGACGTATATGCTTGCCACTTTCTCATTTCCTCAAGAAGGAAGTGTATAG
AAAGGACAGCAACAGGCTCCACTAGTGGTATGTTGCTGTGACAGGGCGTAAGTT
AAGATTTAAAAAAAATGCTTAGAAAATTTTCAGCAACGTTAAATAGTAGCACATG
AAATTAAGTTGGTAGCGCATCCAAAATTAATAAAAAAAAAAAGTATGGTCGATTTTTT
TTTGGTAGATTAAATATTTAAACCCATTAATTAAGAAGACAGCTCCTAACATTGC
GGACATCACTCTTCTTAATCATGTGCCACTGACCAACAATTTGAAGAAGACATTG
CCCCTGCATATTCTTCACAAAAGAATTATTGTTAATGGTAATATTTTTTATGGTT
ACGCTGCTTGTAATGGTGCCAATGTGCAATGTGCCAAAAGCACTTTTGCTCTGTC
TATTCTTCTGTTCAATTGCATGGTAAAATTAGTTAAAGAGTGCTTTTATATAACTA
GATGTGCTTTCTTTTTCTTTAAAAGGAACACTTACGCTAATTTTTATATATATTGTT
TGGCAGGCAAGTTCAAGTGAGTGGCTGCAGATGAATCATGTATGGGGTGCAAATT
GGTCTATTATTGGGGGACCGTTAAAAGGACCATTCTCAGTGAAACTAGCAACATT
ATCAACAGGAAGAACCCTCTCGGCCAGGGCTGTCATTCCAAGCAATTGGTCCACCA
AAAGCAACTTACACTTCTCGCCTCAACTTCTCTCCCTAA