

IDENTIFICATION

Species: *Lactuca sativa*

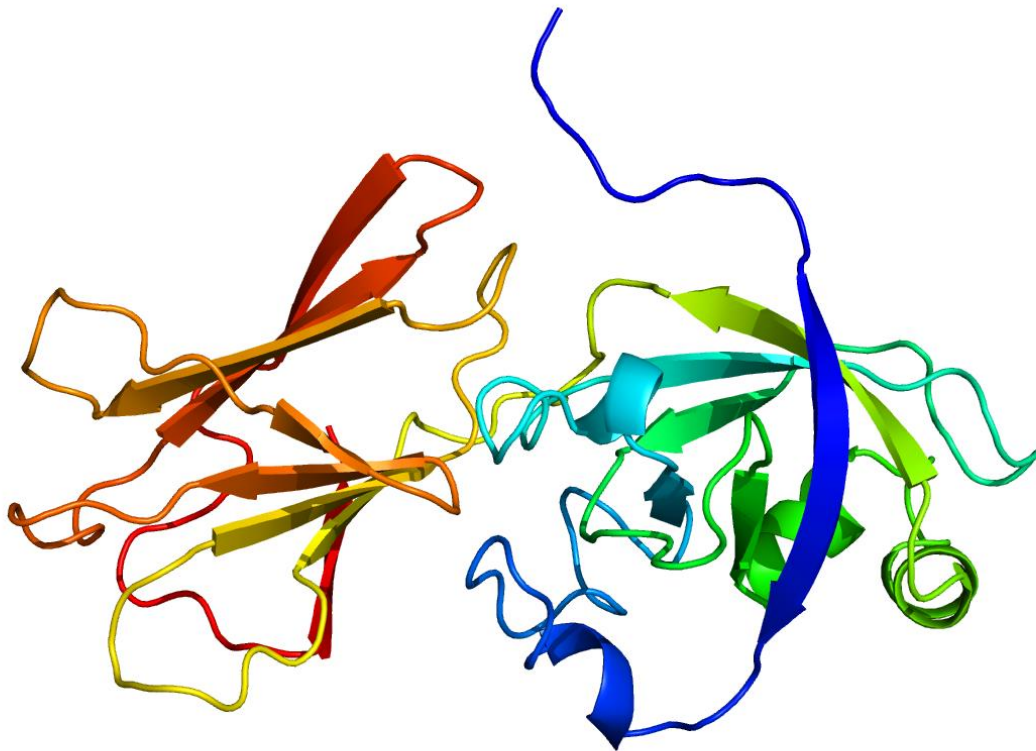
Locus: Lsat_1_v5_gn_8_121820

Gene Model: Lsat_1_v5_gn_8_121820.3

Description: LsEXLA-02

Family: Expansin Like Alpha

3D structure:



GENOME DATABASES

Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Lsativa_V8

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T05352>

EXTERNAL RESOURCES

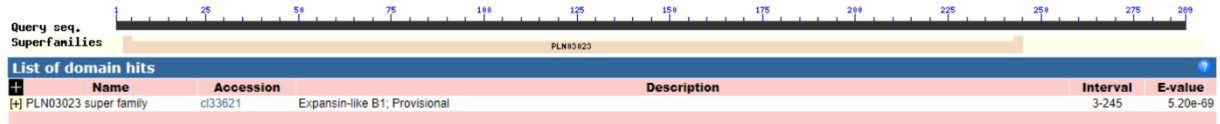
<https://lgr.genomecenter.ucdavis.edu/>

<https://www.lettucegdb.com/>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>LsEXLA-02

MGFFYLFFLLISISSTTNACDRCLHQSKAAFFSKASSLSSGACGYGSSAASFYGSHLAA
AVPSLYKSGSGCGACFQVRCLDSKLCSTGTQVIVTDENKNNETDFVLSGRAFMAM
ANKNMGKNLLKVGVANVEYRRVPCDFKGNFTVRVEESTQKPNYLALKFLYQGGQ
TEIVAADIAQVGSSSWTYLTRSHGAVWDTSRAPAGALQLRLVVTSGYDGKWIWAQS
VLPADWKIGGVYDSGVQIDDVAQEGCDGVS KSCGVDDILGPIELELTNNFEEKMVKY
YKTIV*

CDS (coding sequence)

>LsEXLA-02

ATGGGATTCTTCTACCTCTTCTTTCTTCTCATTTCATTTCCTCCACCACAAATGCT
TGTGATCGATGCCTTCATCAAAGCAAAGCTGCCTTCTTCTCAAAGCTTCTTCTCT
TTCTTCTGGAGCATGTGGGTATGGTTCTCTGCCGCTAGCTTCTATGGTAGCCACC
TTGCTGCTGCTGTTCCCAGCCTTTACAAATCCGGGTCGGGTTGTGGTGCTTGTTC
CAGGTGAGATGTCTGGATTCTAAGCTGTGTAGCAAACCGGAAGTCAAGTGATAG
TAACTGATGAGAATAAAAACAATGAGACAGATTTTGTGTTGAGTGGTAGAGCTTT
CATGGCCATGGCTAATAAGAACATGGGCCAAAACCTTGTGAAAGTTGGCGTTGCA
AACGTGGAGTATAGAAGAGTACCATGTGATTTCAAAGGCAAGAAGTTCCTGTA
AGAGTTGAAGAATCGACTCAAAGCCTAATTATCTTGCACTCAAATTCCTATAACC
AAGGTGGTCAAAGTCAAATCGTTGCCGCTGACATTGCGCAGGTTGGTTCGTCAAG
CTGGACTTATTTGACCAGAAGTCATGGGGCTGTTTGGGACACCAGTAGAGCTCCG
GCGGGTGCCCTGCAACTCCGGCTGGTGGTGACCTCCGGCTATGACGGAAAGTGGA
TTTGGGCCAGAGTGTGTTGCCGGCTGACTGGAAGATCGGAGGTGTTTATGACTC
CGGCGTACAGATCGATGATGTAGCTCAAGAAGGATGTGATGGAGTAAGTAAATC
TTGTGGAGTAGATGATATATTAGGTCCGATCGAGTTGGAGTTAACAATAATTTT
GAGGAGAAAATGGTTAAATATTATAAGACGATTGTGTGA

Nucleotide

>LsEXLA-02

ACCTTCTTATTCTTCTTCTTCTTCCAAACACACACTAAACTAAATGGGATTCTTCT
ACCTTCTTCTTCTTCTCATTTCATTTCCTCCACCACAAATGCTTGTGATCGATGCC
TTCATCAAAGCAAAGCTGCCTTCTTCTCAAAGCTTCTTCTTCTTCTTCTTGTAAAGAAA

CTTTTAATTATATCATCTTCTTTACTTTTGTAATGGATGATCAATTTGATCACGACCC
ATATGGATTTTCGAATTGATATAATCGATTATTAGATTGACCCAGAAAAGATTTCTT
GAAATAAACTTTGTGGGTGTTCAAGAACCGACGTTTTTTAAATAAATTTTGCTGTA
AAAATTAGTCTTTTTTCTTTCTTTCTTAATTAATGAGTGAATCACTTTCTTGAT
GATCATCGATTATGACCCAACCTGCTTTTTTAATTGCAAAAATTAATTTTGAGATCG
ACCCAGATAATATTTCTTGACATAATTTAATGGGTATTAATTAATTTCTGATATTA
ATGCAGCTGGAGCATGTGGGTATGGTTCCTCTGCCGCTAGCTTCTATGGTAGCCA
CCTTGCTGCTGCTGTTCCCAGCCTTTACAAATCCGGGTTCGGGTTGTGGTGCTTGT
TCCAGGTTCCGAATTCTTATATTTACATTCTTAGCCTCGGTGTTTAGCATATTGTTT
GTGTGAATTTGTATGTTGAATTGGGGGTATGGATGTAATTTTGCAGGTGAGATGT
CTGGATTCTAAGCTGTGTAGCAAAACCGGAACCTCAAGTGATAGTAACTGATGAGA
ATAAAAACAATGAGACAGATTTTGTGTTGAGTGGTAGAGCTTTCATGGCCATGGC
TAATAAGAACATGGGCAAAAACCTTGTGAAAGTTGGCGTTGCAAACGTGGAGTA
TAGAAGGTGAGTTTGAAGCAATTGGTACAATAATATATGCAAAATGTACAAGTCT
TTTTGAGTCTTGGTTGCACTTTGTACAATCATAAATACATAAAGTACAACCCTTTT
TAAGGTTTAGTTGCCATTGATAGTTTGGTAGAATCATGCATAGTTAAAATACATG
CACAATGAACATCTCTTTTTTAGTCTATATGGCTCATGGTATAATCATACTTGCAT
AAAGTACAACCCTTTTAAACGATGCATAACTATAAAGTACAACGTTTTTCTAGTTTAA
GTTGCCATAAAAGTACAACCTTTTTGAGTTTATAGTTCTATTTGGACAATCATACT
ATATGCATAAAGCAAACACCCCTTTAGTTTTAGTTGACATTGGTACAACATGTAT
AAATTGTGACTTCTTTTAAATTTTAGTTATCATTGATTATCCCATTTAAAGTTCACCT
TTGCTTAAATGTAACCTTTTCAAATTGTATTTAAAAAAAACAATTTCTATTCCATA
ATAATACGTTTCATAAATTGTTTTACTTCAAGTTTTTTTTGACCTGATTCGTCTCCCTT
AAAACAGAGTACCATGTGATTTCAAAGGCAAGAACTTCACTGTAAGAGTTGAAG
AATCGACTCAAAGCCTAATTATCTTGCCTCAAATTCCTATAACCAAGGTGGTCA
AACTGAAATCGTTGCCGCTGACATTGCGCAGGTTAGTCACAAGCCATGCATCACA
AGTTGTACAATCATGCAATACACTTGTACTTTCCTCTAATTCATGGTTTGACTTTC
TTCTGTAGGTTGGTTCGTCAAGCTGGACTTATTTGACCAGAAGTCATGGGGCTGTT
TGGGACACCAGTAGAGCTCCGGCGGGTGCCCTGCAACTCCGGCTGGTGGTGACCT
CCGGCTATGACGGAAAGTGGATTTGGGCCAGAGTGTGTTGCCGGCTGACTGGAA
GATCGGAGGTGTTTATGACTCCGGCGTACAGATCGATGATGTAGCTCAAGAAGGA
TGTGGTGAATGTGATGAACAAATATGGAATTAACTTTTTTTTTACACAAAATGTT
AAATTGGGTTATAAGTTAATGATATAGAATTCACAGTAAAATAAAATTATATTGT
AGATGGAGTAAGTAAATCTTGTGGAGTAGATGATATATTAGGTCCGATCGAGTTG
GAGTTAACAAATGTATGAACTTATTATTACATGATATACAGATCATTTTACAAAG
TACTACTTTTGTACTTTCGTACAACCTTTAATGTTAGTGACAATTTTATTTGCGT
AGAGATGGTAATAACAATGCATCTGAATTCTGAAACATCAAAAATAAGTTGTGCT
AGCAAAACTAAAGACTTGCTAAAAGATATAAAGAAACGTGTTAGGATTCATGTA
TGATTTTAGTACCCTAAATTTAGGTCATTATGATGTTAATTAATGATTAGTTACTT
AATAAACTTTGTTTTTTTTGGTGACAAATAAGCTTTTACTTATCAATAGAGATGGAA
TAGAGGAGCTAATGCTGTTACAGCGACCAAAGAACACATGTCCCTTTATATATAT
ATATATAATATTGTGTGCATTCACAAGTCACAACATGAGTTTTGTAAAGCGTTTTT
GGTTAATATGGGAACAACTTTATCGAATTTGATGATTTTGTAGCAATGTAAAT
ATTTTGAGATTTTCCATAATTATTGAAATGTTGGTAATCCTTTGTTTTGCATTGTG
TGTGGAATACGCGAGTGCCTAGTGCTTATTTTTACGATCAGTAAATGACTTTTAAA
TGCTTATTTTACCATCATTTTAAAATTTTATAGAATTTTGAGGAGAAAATGGTTAA
ATATTATAAGACGATTGTGTGA