

IDENTIFICATION

Species: *Gossypium raimondii*

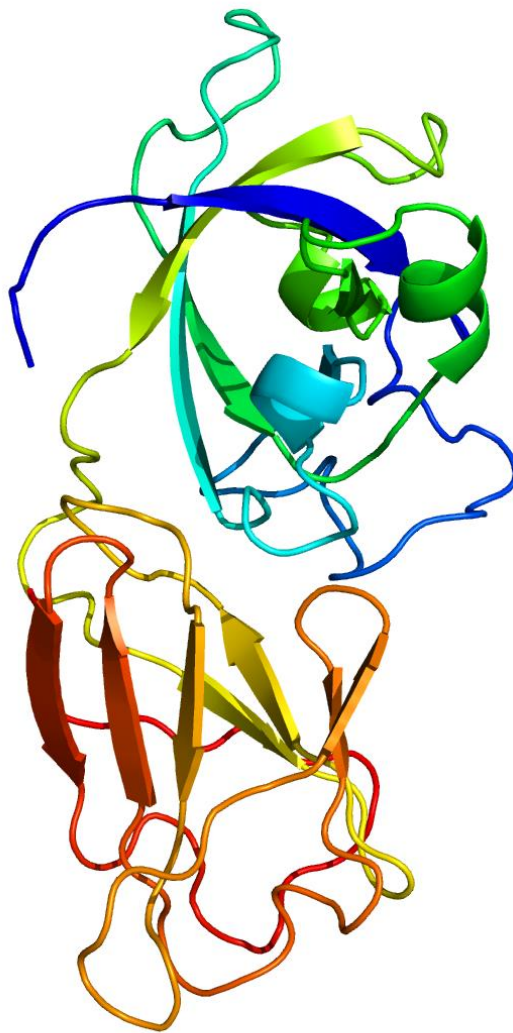
Locus: Gorai.006G015100

Gene Model: Gorai.006G015100.2

Description: GrEXPA-14

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

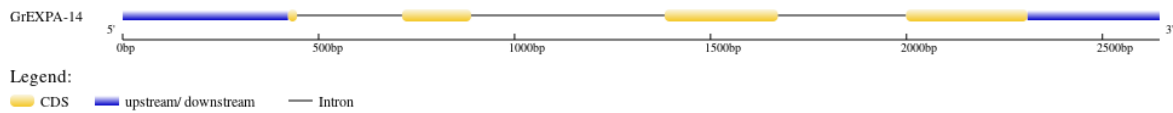
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Graimondii_v2_1

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

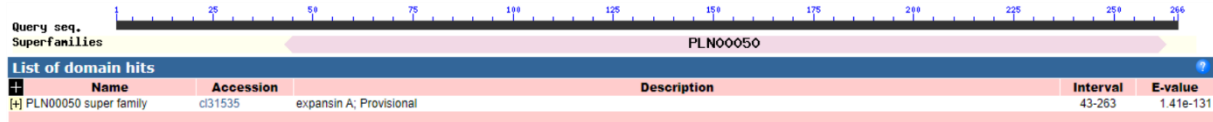
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>GrEXPA-14

MAFKLSVRAMAILGFFVVVLLVQVVNFVDGFPWNHHSHRPHRGYHGPWINAHAT
FYGGGDASGTMGGACGYGNLYSQGYGVNTAALSSALFDNGMSCGACYELRCVNDP
QWCLPGSIVVTATNFCPPGGWCDPPNHHFDLSQPIFQHIAQYKAGIVPVIYRRVR
SGGIRFTINGHSYFNLVLITNVGGAGDVHLSVAIKGSRTRWQQMSRNWQNWQSNAY
LNGQSLFLVTTSDGRSVLSYNIAPPGWSFGQTYTGRQFRF*

CDS (coding sequence)

>GrEXPA-14

ATGGCGTTCAAATTGTCAGTCAGAGCAATGGCAATTTTGGGGTTTTTTGTAGTTGT
GTTACTTGTTCAAGTCGTCAACTTTGTTGATGGTTTTCCATGGAATCATCATCATA
GTCATCGTCCCCATCGTGGATATCATGGACCATGGATCAATGCTCATGCCACTTTC
TATGGAGGTGGTGTATGCGTCTGGAACAATGGGTGGAGCATGTGGGTATGGAAAC
CTGTATAGCCAAGGATATGGTGTAAACAGCAGCATTGAGCAGTGCATTGTTTG
ACAATGGAATGAGCTGTGGTGCATGTTATGAGCTGAGGTGCGTGAATGACCCGCA
ATGGTGCTTGCCTGGTTCCATTGTGGTCACCGCCACTAACTTCTGCCACCCGGTG
GCTGGTGTGACCCTCCTAACCACCCTTTGACCTCTCTCAGCCTATTTTCCAGCAC
ATTGCTCAGTACAAAGCTGGAATTGTCCCTGTTATTTACAGAAGGGTAAGATGCA
GGAGAAGTGGGGGAATAAGGTTACCATTAATGGCCATTCTTACTTCAATTTAGT
GCTTATAACCAATGTTGGAGGTGCCGGTGATGTCCATTCAGTCGCCATTAAAGGT
TCAAGGACCAGATGGCAACAAATGTCCAGAACTGGGGCCAAAACCTGGCAAAGC
AATGCTTACCTCAATGGCCAAAGCCTCTCCTTTCTCGTTACAACCAGTGATGGCCG
CAGTGTCCTCTCTTACAACATTGCTCCCCCTGGTTGGTCCTTCGGTCAAACCTACA
CCGGCCGCCAGTTCGGCTTCTAA

Nucleotide

>GrEXPA-14

AACTGCCATTTTTACTGTGCGACTCTGCCTTGCCCTGAAATGCCATCAACAGAGCT
TATATTCGGTTTAAGGATGCTACTTGATTCTACTTCAAATATAGTCGAATTTCCGGT
GTGGACCTTTGAAAAAAAAAATTCAAAGGATATATTGAGCCAAAATTCACTTAA
CCCCAGACTGTTAAAACGATTTCGTAATAATTCATGGCTTCCTTTGTCCCTGTTGTCCC
CTCAAATCGACAGCCCCATTAAAACCACGCGTTTTTGAGCCTAAGAAAACAGCC
TCTGTTTGCCATAAACTTCCCAGCTATCCCCCATATTTAAAAAAGAAAGAAA
ATCCCTACATTTTTTCCACAAAATCAATCAAGCCCCCGAAAAAGAACCCTAA

TGCAGTGGGTTGGTCCCAAGTCCCAACAGCTCAAATGGCGTTCAAATTGTCAGTC
AGGTTTGATTTTGACTGCCCTCTATTTATCCCTTCCAACACCACCCTCTTTTCA
TTCCATAAACAACCTCTTTCAAGGTTCAATTTACTACTCCCCATTCTTTTTTCATTT
CTCTTCCAGTTTTCTCTTTTTTCACTTTAAAACAGCAAAAATGGGAAAAAAATGGGG
TTTGCTGCTTGTATTCTCCAGTAGTTTTAGACTTTTTTAAGCACAAAATTTATCATT
CTGAGTGGCTTATGGAGTTTGTATTTGTTTTTTCATGTGCAGAGCAATGGCAATT
TTGGGGTTTTTTGTAGTTGTGTTACTTGTTC AAGTCGTC AACTTTGTTGATGGTTTT
CCATGGAATCATCATCATAGTCATCGTCCCCATCGTGGATATCATGGACCATGGA
TCAATGCTCATGCCACTTTCTATGGAGGTGGTGATGCGTCTGGAACAATGGGTAC
ATTTCAATTTTCAAACCCCCCCCCCTTCACATTTTCCTCCTTTTGGTTGTTTAAGCG
TTAAACGCGAGTGTCAAATAATGCATGGATTGGATTTGTTGTTTGGAGTAAATGG
TCTGTAAAATTATGCATTTTGTTTTTTCTACTTAATCCATTAGTATTTATTTAAAAT
TTTATTCATTTCTATTATTATAAACTGGTTCATATAAGTAAAAAACTATGAGTATT
CTATCAATCACGTTTATTTTTAACAAAAAAAAGTAAATAGAGTTTTTAATAAAA
ATCAGTTTATTCTTTGATTTAATGAATCAAGGTTAATTTATTCATATTTTTTTAATG
AAAAAAAATACAATTTAATTAGTAATATAAGTATATTTTTATTAGTACTTTCAACA
TTGGCTCAGATATATATATCGAGTGTGGGTAATAATATCTCATAATCAAATATGT
GGTAGAAAAGTTGGATTTACATAATGGGGTTTTGGGTGTAGGTGGAGCATGTGGG
TATGGAAACCTGTATAGCCAAGGATATGGTGTTAATACAGCAGCATTGAGCAGTG
CATTGTTTGACAATGGAATGAGCTGTGGTGCATGTTATGAGCTGAGGTGCGTGAA
TGACCCGCAATGGTGCTTGCCTGGTTCCATTGTGGTCACCGCCACTAACTTCTGCC
CACCCGGTGGCTGGTGTGACCCTCCTAACCACCCTTTGACCTCTCTCAGCCTATT
TTCCAGCACATTGCTCAGTACAAAGCTGGAATTGTCCTGTATTACAGAAGGT
AACCATAAATTGCTTATTTTTCACCTCGAAATTTCAAACAATAAAAATCCCATTGTA
CTTGTCGGTTATTTTGAACAGTTAACTGTTAAAAACCTGATAAGTTCTATATGTA
TTTTTCAAAAAAATATATATATATTTTTTAAATTTTAACTAAAATATAAAAATGG
CAGAAATATCTTTATAGTAATGGTTTTTTATTTTATATATAAAAAAATTATTAATTT
TTTAATTGAGTTGAAACATGATTGATGGACCACGTTAATTTAGATAATCTTTAAA
AAATGGTAATTACATTTAATGATAGAAAACTGAATTGTTTTGCAGGGTAAGATG
CAGGAGAAGTGGGGGAATAAGGTTCAACCATTAATGGCCATTCTTACTTCAATTTA
GTGCTTATAACCAATGTTGGAGGTGCCGGTGATGTCCATTCAGTCGCCATTAAG
GTTCAAGGACCAGATGGCAACAAATGTCCAGAACTGGGGCCAAAACCTGGCAAA
GCAATGCTTACCTCAATGGCCAAAGCCTCTCCTTTCTCGTTACAACCAGTGATGGC
CGCAGTGTCTCTCTTACAACATTGCTCCCCCTGGTTGGTCCTTCGGTCAAACCTA
CACCGGCCGCCAGTTCCGCTTCTAAGATCCGACGCAAATGTTATGACTGTTCTTTT
AGGGCGAGTTAAAGTAGAATTTGAACCCAAAGCTTTATTATTATTTAATGGCGA
GTTTTTGCAGTTCAGTTGGCTTTGAATTGAAGCCTGTAAGTTAACTGCTTAATCAA
ATTATGAAGGGGTGTTTTTTTTTTTTTTAATGCCAAAGGCACTTTTGCTCTGCTTG
TGACAAGCCATTGAAATGCTCCCTTTTCTGCTGATGGCTAAAGTCTTTGTTTTTAT
GTACTTTTGAACACAATTATTGGTGAATTTAGAAAGATTCAGCGATTTGTAGTG
ATGATAGAAAGTCTTTTTTGTTCATTA