

IDENTIFICATION

Species: *Solanum tuberosum*

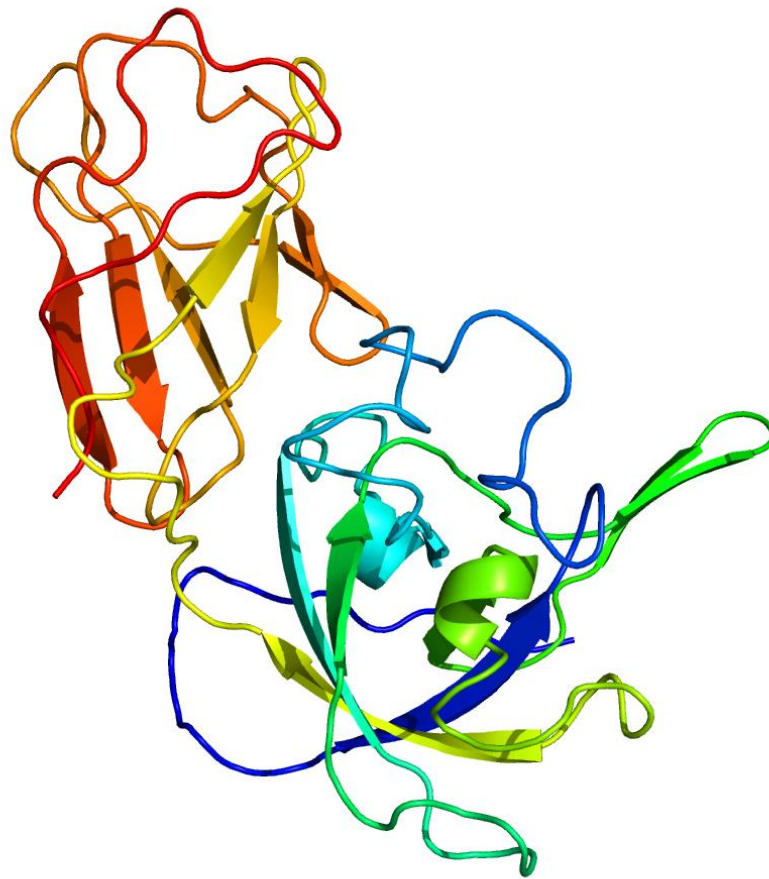
Locus: PGSC0003DMP400039412

Gene Model: PGSC0003DMP400039412

Description: StEXPA-18

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Stuberosum_v4_03

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T02981>

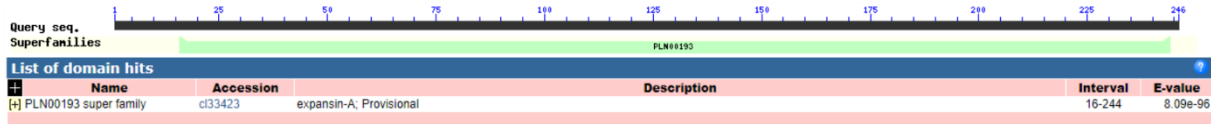
EXTERNAL RESOURCES

<http://spuddb.uga.edu/>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>StEXPA-18

MAAPYYSTPTISPTMFKAMPWKQAFATFYGDETA SETMGGACGYGNLFNSGYGTAT
AALSTVLFNGYSCGQCFQIMCVKSKFCYTGFTTITATNLCPPNWSQDSNHGGWCNP
PRQHFDMAKPAFMKIAQWKAGIVPVS YRRVPCVKKGGIKFALQNGYWLLVYVMN
VAGGGDVASMWVKGSKTGWMSMSHNWGASYQAFATLSGQTL SFKLTSYTSHETII
VNNVAPSNWRVGMTYQANVNFH*

CDS (coding sequence)

>StEXPA-18

ATGGCTGCACCCTATTATTCCACCCCCACCATTAGCCCCACTATGTTTAAAGCCAT
GCCTTGGAACAAGCTTTTGCCACATTTTACGGAGACGAACTGCTTCTGAAACA
ATGGGTGGAGCTTGTGGATATGGAACTTGTTAATTCAGGTTATGGAACAGCAA
CAGCAGCATTGAGCACAGTATTATTTGGCAATGGATATTCATGTGGTCAATGTTTT
CAAATAATGTGTGTAATAATCAAATTTTGCTATACAGGGTTTACCACAATTACAG
CCACAAACCTTTGTCCACCTAATTGGTCCCAAGACTCAAACCATGGTGGATGGTG
CAACCCACCACGCCAACATTTTGACATGGCAAACCTGCTTTCATGAAAATTGCC
CAATGGAAGGCTGGCATTGTCCCTGTATCGTACCGCAGGGTACCTTGCGTTAAGA
AAGGTGGGATTAATTCGCGCTCCAAGGAAACGGTTATTGGTTATTGGTATACGT
GATGAACGTGGCGGGAGGTGGTGACGTGGCAAGCATGTGGGTGAAAGGAAGTAA
AACAGGATGGATGAGCATGAGCCACAATTGGGGAGCATCATATCAAGCATTGCA
AACACTTTCAGGCCAACACTTTCATTCAAGCTCACTTCATACACATCTCATGAG
ACAATTATAGTTAATAATGTTGCACCTTCTAATTGGCGTGTAGGCATGACTTACCA
GGCCAATGTCAACTTCCATTAG

Nucleotide

>StEXPA-18

ATGGCTGCACCCTATTATTCCACCCCCACCATTAGCCCCACTATGTTTAAAGCCAT
GCCTTGGAACAAGCTTTTGCCACATTTTACGGAGACGAACTGCTTCTGAAACA
ATGGGTGCGTACTTAGCTGATATCGACTATATAAATCCTTTTTTTCATAGTTTGG
TTACACCTTACAGTCTACCATCAACGTACCATAATTTTTTTTTCCTTATATATATC
TAGATTTTCGGAATAATCCATTATGCATGTGAATCAACCAAGTTACACAAAACATT
ACTTAATTATGTCTTTAAAAAATCACCAAATATTTTTTTTCGAAGTTCAGTAATT

TTCCACACGAATATCTATACTCAGCTTTAAAATATTGGGTTCAATTGAACTCGTTG
ATCACTTATAGTGTAGAGAATATATACATTATTACTGGATTTTAACCTGTTATAGT
ATGTTATTTGTCTTATTTTTCAAGTTACTGATCTCACTCGTTATTTGTCATAGTCTT
TTAGGCGATCTGACAGTATAATCATTFTTTTTTTTTGTGGTTTTTTAGGTGGAGCTTGT
GGATATGGAACTTGTTTAATTCAGGTTATGGAACAGCAACAGCAGCATTGAGCA
CAGTATTATTTGGCAATGGATATTCATGTGGTCAATGTTTTCAAATAATGTGTGTA
AAATCAAAATTTTGCTATACAGGGTTTACCACAATTACAGCCACAAACCTTTGTC
CACCTAATTGGTCCCAAGACTCAAACCATGGTGGATGGTGCAACCCACCACGCCA
ACATTTTGACATGGCAAACCTGCTTTCATGAAAATTGCCCAATGGAAGGCTGGC
ATTGTCCCTGTATCGTACCGCAGGTACGTAATAGTAATTTTTACATCATGAGATCA
CCTGAAAAAGTTATCGAGATATGTGGTAGTGTAAGAATTTACAAGCATGATTTA
TTCATTTTGTGACTTTAATTAAGAATCAACTTTTAGGACAATGAACCATTAACC
AGTAGGTTAGAAGATCGAGTCATGCAATTTTAAAAAATTCTTCATTTCAATTGAATT
TTAATCAAGATTGTGCTTGGGCGGTAAAGTATATATGCACCACTATCATCAACCA
GTAGATTGGAAGTTCGAGTCAAATAATTTTAAAGAAATTCCTTGAAATTTCCAATTT
TGTCCCTCTAGGGTTAATTTTGCATCATTTCTTACCTCTAAAAAAATGTCTATGGT
TATAGGGTACCTTGCGTTAAGAAAGGTGGGATTAATTCGCGCTCCAAGGAAACG
GTTATTGGTTATTGGTATACGTGATGAACGTGGCGGGAGGTGGTGACGTGGCAAG
CATGTGGGTGAAAGGAAGTAAAACAGGATGGATGAGCATGAGCCACAATTGGGG
AGCATCATATCAAGCATTTGCAACACTTTCAGGCCAAACACTTTCATTCAAGCTC
ACTTCATACACATCTCATGAGACAATTATAGTTAATAATGTTGCACCTTCTAATTG
GCGTGTAGGCATGACTTACCAGGCCAATGTCAACTTCCATTAG