

## IDENTIFICATION

**Species:** *Salix purpurea*

**Locus:** Sapur.008G069600

**Gene Model:** Sapur.008G069600.2.p

**Description:** SprEXPA-13

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

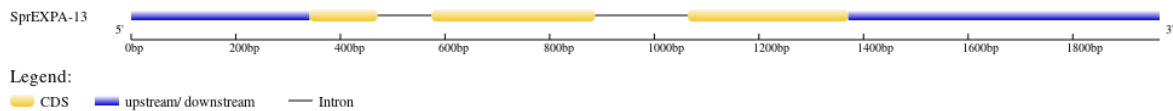
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Spurpurea\\_v5\\_1](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Spurpurea_v5_1)

KEGG:-

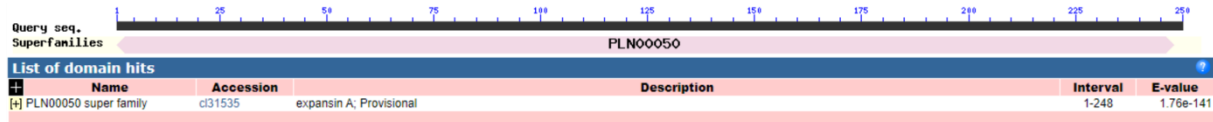
## EXTERNAL RESOURCES

-

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>SprEXPA-13

MALAGIFLVGILVMVSSVNGHGGGGWINARATFYGGGDASGTMGGACGYGNLYSQ  
GYGTNTAALSTALFNSGLSCGSCYEIRCVNDPKWCLPGSILVTATNFCPPNNALPNA  
GGWCNPPQHFDLSQPVFQHIAQYRAGVVPVSYRRVPCRRRGGIRFTINGHSYFNLV  
LITNVGGAGDVHAVSIKGSRTGWQPMsrNWGQNWQSNsNLDGQSLsFKVTTSDGRT  
VVSYNVAPSRWSFGQTFsGAQFR\*

### CDS (coding sequence)

>SprEXPA-13

ATGGCTTTAGCTGGAATTTTCTTGGTTGGTATCCTTGTAATGGTCTCATCTGTTAA  
TGGTCACGGTGGTGGAGTTGGATTAATGCTCGTGCAACCTTCTACGGAGGCGGT  
GATGCTTCTGGCACAATGGGGGGGGCTTGCGGCTATGGGAACTTGTACAGTCAGG  
GGTATGGTACAAACACTGCAGCTTTGAGCACAGCTCTGTTCAATAGCGGGCTAAG  
TTGTGGATCTTGCTATGAGATTAGGTGTGTGAACGACCCCAAATGGTGCCTGCCT  
GGCTCCATTTTGGTACAGCCACCAATTTCTGCCCTCCAAACAATGCCCTGCCTAA  
CAATGCAGGGGGCTGGTGTAAACCCTCCTCAACACCACTTTGATCTCTCTCAGCCT  
GTCTTCCAGCACATTGCCCAATACAGAGCTGGAGTTGTACCTGTGTCTTACAGAA  
GGGTTCCCTGCAGAAGGAGAGGAGGCATAAGATTACAATCAATGGCCACTCTT  
ACTTTAATCTAGTCCTGATAACCAACGTTGGTGGTGGTGGTGTATGTGCATGCTGTG  
TCCATCAAGGGGTCCAGGACTGGTTGGCAACCTATGTCAAGGAACTGGGGGCAA  
AATTGGCAAAGCAACAGTAATCTCGACGGACAAAGCCTGTCATTTAAGGTCACCA  
CCAGTGATGGCCGCACTGTGGTCTCCTACAATGTTGCTCCTTCTCGCTGGTCCTTC  
GGCCAGACCTTCTCCGGTGCCAGTTCCGTTAGG

### Nucleotide

>SprEXPA-13

GGTCATGGTCCCCAGCTGCTTCAAGGGTGCGCGCGTGCGATTGTTTTGTGTGACT  
TGGTGACAATGGTGGCAAATAGTTACCCTAAGTACCTCCTGCCAAATCTCTATA  
TATTCTCCCCATCCCCTCTCAACTTTCTCCACTCCAGCTTCTCCCATTTTCTCTAG  
CTTGCTTTCTTTAATCTCAAGGTATAATCTTTGCATGTAACAACCTCTCTCTTCTC  
TCACATTTGCTTCTCAAATATTGTTTCTCTTGTAAATGGATCTCTCAAATAAA  
CCGATTAAGGTGATGTTTTTTTTTTTAAATCTGAACTGGTTTACTTCTTTGTGCAGG

AAAATGGCTTTAGCTGGAATTTTCTTGGTTGGTATCCTTGTAATGGTCTCATCTGT  
TAATGGTCACGGTGGTGGAGGTTGGATTAATGCTCGTGCAACCTTCTACGGAGGC  
GGTGATGCTTCTGGCACAATGGGTATGCCTCTTTGCAGAAACGAAGAACCTTTTT  
GAGAAATTACACCCTTTATGGCGCACCGTTTGTCTATTTTTGCTGGTTTTGATAAA  
TTTTGTAACTCCAGGGGGGGCTTGCGGCTATGGGAACTTGTACAGTCAGGGGTAT  
GGTACAAACACTGCAGCTTTGAGCACAGCTCTGTTCAATAGCGGGCTAAGTTGTG  
GATCTTGCTATGAGATTAGGTGTGTGAACGACCCCAAATGGTGCCTGCCTGGCTC  
CATTTTGGTCACAGCCACCAATTTCTGCCCTCCAAACAATGCCCTGCCTAACAAATG  
CAGGGGGCTGGTGTAAACCCTCCTCAACACCCTTTGATCTCTCTCAGCCTGTCTTC  
CAGCACATTGCCCAATACAGAGCTGGAGTTGTACCTGTGTCTTACAGAAGGTCAG  
TCTCTAGCTCCTTGAGCTTCGAATTTAACCATGGAGGGAAATAATGTCTTGAATA  
AGGTGTTTTAATGAAACTAATCTTTTTTTTTGCTTAATCAAGTGTCTGGTGAGGGT  
TATTTTCGCTTTAACCAGTCTCTTTCTGTGCTAAATGTCTTGGTGGCCTCGTTTTT  
GTAGGGTTCCCTGCAGAAGGAGAGGAGGCATAAGATTACAATCAATGGCCACT  
CTTACTTTAATCTAGTCCTGATAACCAACGTTGGTGGTGCTGGTGATGTGCATGCT  
GTGTCCATCAAGGGGTCCAGGACTGGTTGGCAACCTATGTCAAGGAACTGGGGG  
CAAATTTGGCAAAGCAACAGTAATCTCGACGGACAAAGCCTGTCATTTAAGGTC  
ACCACCAGTGATGGCCGCACTGTGGTCTCCTACAATGTTGCTCCTTCTCGCTGGTC  
CTTCGGCCAGACCTTCTCCGGTGCCCAAGTTCCGTTAGGCTCCAGATCTGTTCTTCC  
AGCGCAGTAAAGTTTTAGCGTGTTAGGTCTTGTGTTTAGGTAGTAGTGTACGGT  
ATCAAAAGTGGTATTAGTATGGTTTTAGTATACTAATATACTTGTATCTCAATC  
GGAGGTCAGTCTTTAGGTCAGGATGAGAAGGGCTTATTTTACATGGCACTACTCA  
TTTTGAGCTGATTGGGTTCGCGCAAGCGTTGTCCTATTCAAGAGCTCTTTATTAGTC  
TTGGGGCTTTTCCTTTTCTTTTTTCTTCCGCCGTGAGAAGGGCAGAAGATGATGGC  
AGGGGTGGACTTTTACCACCCGCCGCTAGTATTTAACTAGTTGCTTCTTTTTTCTT  
GCTCCTACTTCCCTTCAAGGGATTTGGGAGCTTTTTTATTTCTTCTTTCTTGTAAAGCT  
GATTGTGGTCAGCGTCTGCTGAATTATGTCCTATGGTTTATATGCTTGTAGTGTTT  
AAGACTTTGAAGTGTAAGTTACCGATTTCCATCAGTGATGAAATTAGTGGTGGTA  
GAATGGTGTGTATTAATCCAAGCATCTTTTGTCTTCTTTCGTTTCTTCTGTTAGCCG  
TATGACAACGCCCGTG