

IDENTIFICATION

Species: *Gossypium raimondii*

Locus: Gorai.001G111100

Gene Model: Gorai.001G111100.2

Description: GrEXPA-03

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

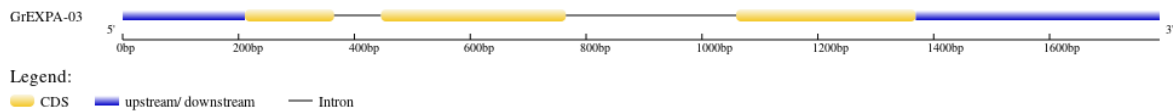
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Graimondii_v2_1

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

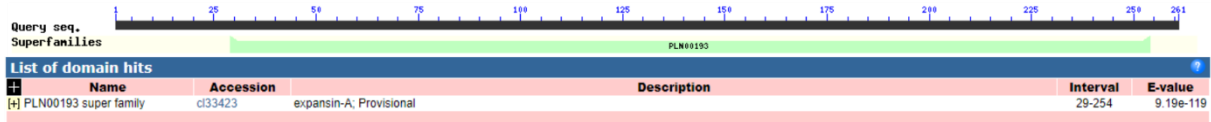
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>GrEXPA-03

MAVASVACILLFLSSTMWMGEARIPGVYSGGAWQNAHATFYGGSDASGTMGGAC
GYGNLYSQYGVNTAALSTALFNNGFSCGACFEIKCASDPQWCHSGSPSIFITATNFC
PPNYALPSDNGGWCNPPRPHFDLAMPMLKIAEYRAGIVPVSYRRVPCRKRGGIRFTI
NGFRYFNLVLISNVAGSGNIVKASVKGSRTGWMSMGRNWGQNWQSNVVLVGQSL
FRVTGSDRRRTSTSWNIVPAHWQFGQTFTGKNFRV*

CDS (coding sequence)

>GrEXPA-03

ATGGCAGTGGCGAGTGTAGTAGCATGCAATTTGCTGTTTCTCTCCTCCACAATGTG
GATGGGTGAAGCTAGAATTCCTGGAGTTTATTCTGGTGGCGCATGGCAAACGCC
CATGCTACCTTCTATGGTGGTTCTGACGCTTCGGGCACCATGGGAGGAGCTTGTG
GGTATGGAACTTGTACAGCCAAGGATATGGAGTTAACACGGCGGCATTAAGCA
CTGCGTTGTTCAACAATGGGTTTCAGCTGCGGTGCTTGTCTTTGAGATCAAGTGTGCT
AGTGATCCACAGTGGTGCCATTCAGGGAGCCCATCCATATTCATCACTGCAACCA
ACTTTTGCCACCAACTACGCTCTCCAAGCGACAATGGCGGCTGGTGTAACCC
TCCTCGTCCTCACTTTGACCTCGCCATGCCCATGTTCCCTTAAGATTGCAGAGTACC
GTGCCGGTATTGTTCCCGTTTCTACCGCCGGGTGCCATGCCGAAAAGGGGAGG
GATAAGGTTCACAATCAATGGATTCCGATACTTCAACTTAGTGTTGATTTCCAAC
GTGGCGGGTTCAGGGAATATCGTGAAGGCTAGTGTGAAAGGATCAAGGACAGGG
TGGATGAGCATGGGTTCGAAATTGGGGTCAGAATTGGCAGTCAAACGTTGTGCTGG
TTGGTCAGTCACTCTCATTTAGGGTTCACAGGCAGTGACAGACGCACTTCCACCTC
TTGGAACATCGTCCCCGCCCATTTGGCAATTTGGTCAAACATTCACGGGCAAAAAT
TTCAGAGTTTGA

Nucleotide

>GrEXPA-03

CCGATATTTCTCTTTATCCTTGAAAAAAAAAATTAAAAAAAAAATTACCAAATCCA
AATCCCCCTCTTTAAGTACCCCTCTTCCGTCTCCCTCAACTCTCACCACAACCCC
CACTCTTGCTCTCTTCTCTTCCCTTCTTCTCTACAGATTTTCAGTAACTTATATA
GAGTTTTAATTATAGTGTTGAGGTTGTTGGAGGAGGGGCAAAAATGGCAGTGGCG
AGTGTAGTAGCATGCATTTTGCTGTTTCTCTCCTCCACAATGTGGATGGGTGAAGC
TAGAATTCCTGGAGTTTATTCTGGTGGCGCATGGCAAACGCCCATGCTACCTTCT
ATGGTGGTTCTGACGCTTCGGGCACCATGGGTATGTACTTTTCCCTCATTCTCTTA

ATTTACATTTTCAGACTCAACAAAACACTCAAATCCACCAACACTGACTTTGCAG
GAGGAGCTTGTGGGTATGGAACTTGTACAGCCAAGGATATGGAGTTAACACGG
CGGCATTAAGCACTGCGTTGTTCAACAATGGGTTTCAGCTGCGGGTCTTGGCTTTGA
GATCAAGTGTGCTAGTGATCCACAGTGGTGCCATTCAGGGAGCCCATCCATATTC
ATCACTGCAACCAACTTTTGGCCACCAAACTACGCTCTCCAAGCGACAATGGCG
GCTGGTGTAAACCCTCCTCGTCCTCACTTTGACCTCGCCATGCCCATGTTCCCTAAG
ATTGCAGAGTACCGTGCCGGTATTGTTCCCGTTTCTACCGCCGGTATGCCGCTAT
GTTTCCTTACCACTTTTTTTTTCTAATATTAATTTGGTAATGATGTTTCGTGTTAAT
TTATTTAATTGTCAGTAACATAAAAATGCTACCCAATTTAATATGGAGAAACAGGG
ATTCAAAGACAAAACGTATGGATTTTGTTTTCAAATCTTTTTAAGAGTTAAAA
TTATTATTATATGTAATTTTCGGAGAAAAAAATTTGTTTAATCAATGTTATAATGA
GATCCGCTCAAGATTA AAAAAGAGTTAAAAAGGGTGGTGGCTTTGATTTAAATTAC
ACAGGGTGCCATGCCGAAAAGGGGAGGGATAAGGTTCAACAATCAATGGATTCC
GATACTTCAACTTAGTGTTGATTTCCAACGTGGCGGGTTCAGGGAATATCGTGAA
GGCTAGTGTGAAAGGATCAAGGACAGGGTGGATGAGCATGGGTGCAAATTGGGG
TCAGAATTGGCAGTCAAACGTTGTGCTGGTTCAGTCACTCTCATTAGGGTTC
ACAGGCAGTGACAGACGCACTTCCACCTCTTGGAACATCGTCCCCGCCATTGGC
AATTTGGTCAAACATTCACGGGCAAAAATTTTCAGAGTTTGATTTCTCAAAGAAAA
AGAAAAAAAGAAAAATATTAGCCCCATAAGTTAGGAAAAGCCATTTCCAGTTTT
ACCCCTGATGGTCCAACCTTTTGTTTTGTAGGGTGATGTCTCTTTTTGACAAATTG
GGTACTTGGGGTGTCTTCTTTATTTTAATTTTTGGTTCTGATTTTGGGGTTAATGGG
TTTGCATTTGGGGTGGGGGAAGGACTGAGGCGGCTGCCACAAAATTGTAGCCCGC
AGCCTAAATATTA AACTTTAATGTCATTAGCTATACTTTGGGAAAGTGTATTGTTT
TTAACTTCAACTCAAATATATATTTTTATATTTGGTTTATTAATTTTCATATTCTTAC
CAATATAATCTTTTCATTTAACTAAGCTAAACTTTGTTCTAATGTTTGGGTGATTA
TTTTAAATTGTATCTA