

## IDENTIFICATION

**Species:** *Arabidopsis lyrata*

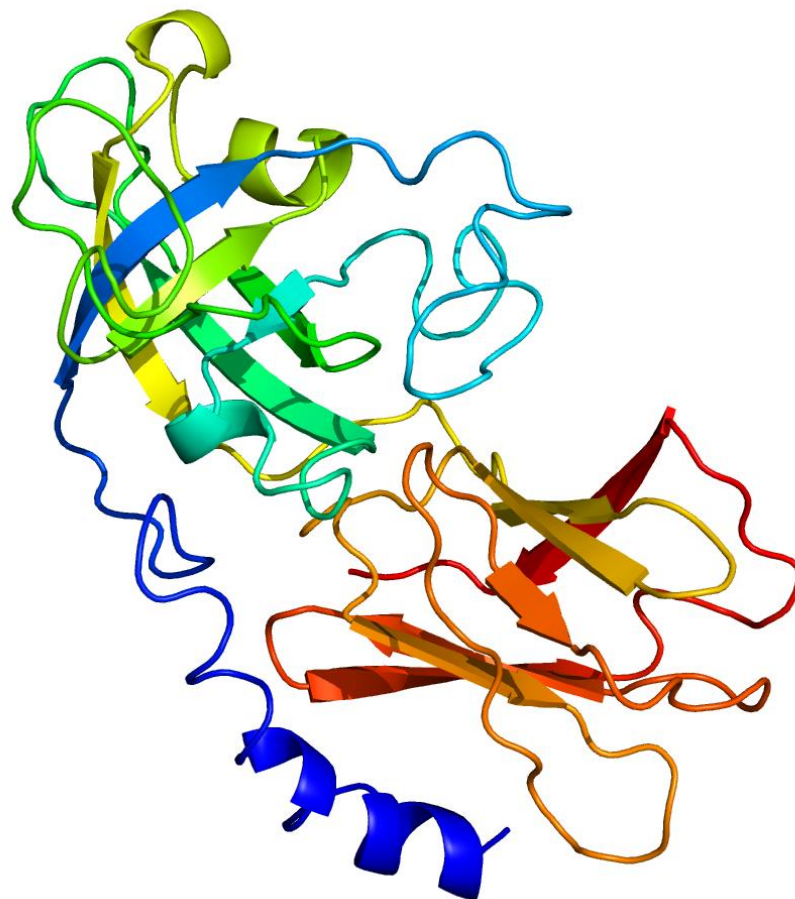
**Locus:** AL5G12660

**Gene Model:** AL5G12660.t1

**Description:** ALEXPA-12

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

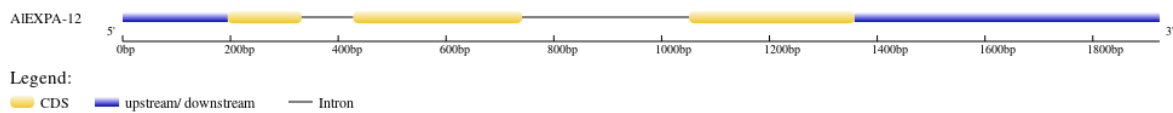
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Alyrata\\_v2\\_1](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Alyrata_v2_1)

Kegg: <https://www.genome.jp/entry/T01578>

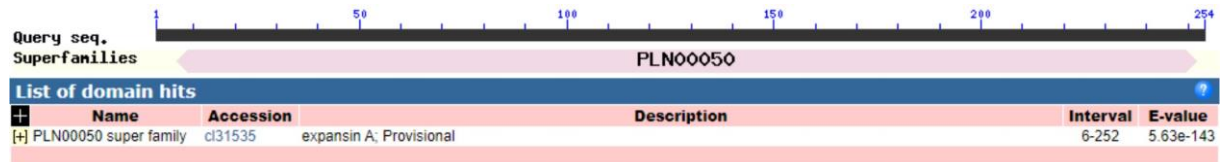
## EXTERNAL RESOURCES

[https://plants.ensembl.org/Arabidopsis\\_lyrata/Info/Index](https://plants.ensembl.org/Arabidopsis_lyrata/Info/Index)

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>AIEXPA-12

MFMGKMSLLGFVLVGFVAVMVCSVHGYDAGWVNAHATFYGGSDASGTMGGACGY  
GNLYSQGYGTNTAALSTALFNGLSCGACFEIKCQSDGAWCLPGAIIVTATNFCPPNN  
ALPNNAGGWCNPLHHFDLSQPIFQRIAQYKAGVVPVSYRRVPCMRGGIRFTINGH  
SYFNLVLTNVGGAGDVHSVAVKGSRTRWQQMSRNWGQNWQSNLLNGQALSFK  
VTASDGRTVVSNNIAPASWSFGQTFTGRQFR\*

### CDS (coding sequence)

>AIEXPA-12

ATGTTTCATGGGAAAGATGAGTCTTTTGGGATTTGTTCTGGTGGGATTTGCTGTAAT  
GGTGTGCTCTGTTTCATGGTTATGACGCTGGATGGGTCAATGCTCATGCTACCTTCT  
ATGGTGGAAGTGATGCTTCAGGAACAATGGGTGGGGCTTGTGGCTACGGGAACC  
TCTATAGTCAAGGATACGGAACCAACACGGCGGCGTTGAGCACCGCACTGTTCAA  
CAACGGTCTTAGCTGCGGCGCGTGTTTCGAGATCAAGTGTCAGAGCGACGGCGCG  
TGGTGTTTACCTGGTGCTATCATAGTCACAGCCACCAATTTCTGCCCTCCTAATAA  
CGCTCTTCCAATAACGCTGGTGGTTGGTGTAAACCCTCCGCTTCACCATTTTGATC  
TCTCTCAGCCGATTTTCCAACGCATTGCTCAGTACAAAGCTGGTGGTGTCCCTGTT  
TCTTACCGAAGGGTTCCGTGCATGAGAAGGGGAGGCATAAGGTTCAACAATTAATG  
GCCACTCTTACTTCAACCTGGTTTTGGTGACCAATGTTGGTGGTGGTGGAGATGTT  
CACTCTGTAGCGGTTAAAGGTTCAAGAACAAGGTGGCAACAATGTCAAGAAAC  
TGGGGTCAAACCTGGCAAAGCAACAATCTTTTAAATGGTCAAGCATTGTCCTTTA  
AGGTTACTGCTAGTGATGGTTCGTACCGTCGTCTCTAACAACATTGCTCCGGCTAGT  
TGGTCTTTTGGACAAACCTTCACCGGCCGTCAATTCCGTTGA

### Nucleotide

>AIEXPA-12

TCTTCACTCCCATCAAAGCAGAGCAGCTATCTTTCTCCTTCACATTCCATTTTCTCT  
CACTCTCCTTCATTAAGCTCTGCACTTTCTCAAACAGAATGTTTCATGTAATAAAC  
ATCTTCCTTTCAAAAACCTTTTTATTTCTATCTTGCTTATAATGTATAAAGTTCTAAT  
TTTTGTTTGAAAATTTGTTCAATTGCAGGGGAAAGATGAGTCTTTTGGGATTTGTT

CTGGTGGGATTTGCTGTAATGGTGTGCTCTGTTCATGGTTATGACGCTGGATGGGT  
CAATGCTCATGCTACCTTCTATGGTGGAAGTGATGCTTCAGGAACAATGGGTAAAG  
AGCTTTCAATATGTTCTCTAAAATGTCTCAATGAAAACCTAAATCTAGGAAATTCA  
CACTTTTGTGTGTCGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTCTAGGTGGGGCTTGTGGCTACGGG  
AACCTCTATAGTCAAGGATACGGAACCAACACGGCGGCGTTGAGCACCGCACTG  
TTCAACAACGGTCTTAGCTGCGGCGCGTGTTTCGAGATCAAGTGTCAGAGCGACG  
GCGCGTGGTGTTTACCTGGTGTATCATAGTCACAGCCACCAATTTCTGCCCTCCT  
AATAACGCTCTTCCCAATAACGCTGGTGGTTGGTGTAAACCCTCCGCTTCACCATTT  
TGATCTCTCTCAGCCGATTTTCCAACGCATTGCTCAGTACAAAGCTGGTGTGTGCC  
CTGTTTCTTACCGAAGGTAAACATAGATCTTTACCGTTACAATTACAAAGTCTTAA  
TCTTTTTGCAGTTTCTTGATTATGTATCAAATTTCTTGCTATAGGTCTTCATAATAG  
CTCTGTTTCTTAAAGAATTAAGAGTTTTATGGATCTTCATAATTGCTCTGTTTCTTG  
TTGAAAGTTTCAATCTTTATTCAGTTTCGAATCTGGGTATCAATAATCTCTAAATG  
GGTCTTCATAAATCTAGTTATATCTCTGGTTTCGTTATTTAACTTTTCTCAAATGGC  
TCTGTTATTTAACTGATGTTTTTTTTGTTTTGCTTTATGTGTAGGGTTCGTCATGA  
GAAGGGGAGGCATAAGGTTCACAATTAATGGCCACTCTTACTTCAACCTGGTTTT  
GGTGACCAATGTTGGTGGTGTGCTGGAGATGTTCACTCTGTAGCGGTTAAAGGTTCA  
AGAACAAGGTGGCAACAAATGTCAAGAACTGGGGTCAAACTGGCAAAGCAAC  
AATCTTTTAAATGGTCAAGCATTGTCCTTTAAGGTTACTGCTAGTGATGGTTCGTAC  
CGTCGTCTCTAACAACATTGCTCCGGCTAGTTGGTCTTTTGGACAAACCTTCACCG  
GCCGTCAATTCGTTGAAATTGTGTTAAGTTCAGTTTTATGCAGTTTAGGGTTTGT  
GTAGTAGTGGTTCAGGAAAGAGGAGAGAAAGAGAGAGGGTTTAAAGGCTTTTTAG  
GGTTTTAAGTGGAGAGCCTTAAACTTCTTCTTTGACTCTGAGGGGTAAATGGA  
GAAAGGAGCTTATTTTAAAAGGGCTCTTTTGGTCATTTTAAGGATTAGGGTTTTAG  
TAAGTGGGTATTGAGTAGTAGAGTGGTGTGTCTAAGGGACCTCTATGTTTCACCA  
ATGGGTTCCCTTTGTTTTATCACTTTTTATTTTGTTTTATCTTTTTTCTAGCTTCTGTC  
TTGTGGTTTAAAAAAGCAGAAGTGGGTAGGGGCAGAGGAGGAAATTCACCACCC  
GCCATGTGTTTTACTTTTTGGGTCGTTTTGGTTTTATGTTATCAAGTTGTCATGTAAG  
GGTTAAAGTTGTTTAAAGATCAGCTTTACCTGGGCTTTGATAAGTGTTTTGTACCT  
TACTATGAAATTTATGTGTTTTGTGTGATTTTAAAGCTTATGCCTTCTTTTTGAAGA  
ACGTAAATAATTTTGACTTTGAAAC