

IDENTIFICATION

Species: *Arabidopsis lyrata*

Locus: AL1G33030

Gene Model: AL1G33030.t1

Description: ALEXPA-02

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

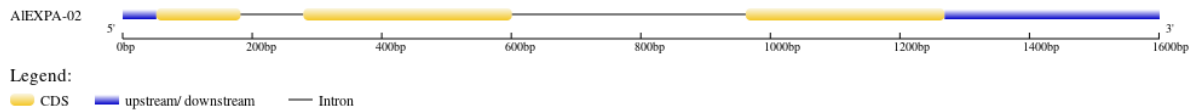
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Alyrata_v2_1

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

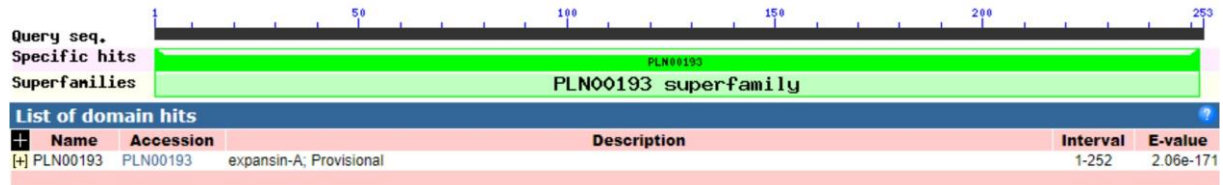
EXTERNAL RESOURCES

https://plants.ensembl.org/Arabidopsis_lyrata/Info/Index

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>ALEXPA-02

MSKSLAGLAVLAVLFIAVNAFKPSGLTNGHATFYGGSDASGTMGGACGYGDLYSAG
YGTMTAALSTALFNDGASCGEYRITCDYAADSRWCLKGASVVITATNFCPPNFALP
NNGGWCNPLKHFDMAQPAWEKIGIYRGGIVPVVFQRVSCYKKGGRVFRINGRDY
FELVNIQNVGGAGSIKSVSIKSGKTGWLAMSRNWGANWQSNAYLDGQSLSFSTTTD
GATRVFLNVIPSSWSFGQIYSSNVQF*

CDS (coding sequence)

>ALEXPA-02

ATGTCAAAGTCTCTAGCTGGCTTGGCGGTTTTGGCCGTTCTTTTTATTGCGGTTAA
TGCGTTTAAGCCTTCTGGTTTAACTAATGGTCACGCTACGTTCTATGGAGGAAGTG
ACGCTTCTGGAACAATGGGTGGAGCTTGTGGGTACGGAGATCTTTACTCGGCGGG
GTACGGTACAATGACGGCGGCGTTAAGCACGGCTCTCTTTAACGACGGAGCTTCT
TGCGGCGAATGCTATAGGATAACGTGTGATTATGCGGCGGACTCACGGTGGTGCT
TGAAAGGAGCTTCTGTGGTTATTACAGCCACTAACTTTTGCCCACCAAACCTTGCC
TTGCCTAATAACAACGGAGGTTGGTGCAATCCGCCGCTCAAACATTCGATATGG
CACAACCCGCTTGGGAAAAGATCGGAATTTACAGAGGAGGAATTGTTCCCGTCGT
TTTCAAAGAGTAAGCTGTTACAAGAAAGGAGGAGTAAGATTCAGAATAAACGG
AAGAGACTACTTCGAGCTAGTTAACATCCAAAATGTAGGAGGAGCAGGTTTCGATT
AAATCTGTCTCCATCAAAGGATCAAAGACTGGTTGGTTAGCCATGTCTCGTAATT
GGGGAGCTAATTGGCAATCAAACGCTTATCTCGATGGTCAATCTCTCTTTCTCC
ATTACCACTACTGATGGTGCTACAAGAGTCTTCTCAATGTTATTCCTTCTTCTTG
GTCTTTTGGACAGATTTATTCTTCCAACGTTTCAGTTTTAA

Nucleotide

>AEXPA-02

CATCATCATCATCATCATATAATCTCTTTCTTTGTTCTAAAAATTATAATCATGTC
AAAGTCTCTAGCTGGCTTGGCGGTTTTGGCCGTTCTTTTTATTGCGGTTAATGCGT
TTAAGCCTTCTGGTTTAACTAATGGTCACGCTACGTTCTATGGAGGAAGTGACGC
TTCTGGAACAATGGGTATTTTCACACTTTAGTTTCATACGATTTTTTTTTTTTTTCG
ACTCTAATGGATTTGGTTAAATTACGAAATTACTTATTTTCTTGTTTTTTTTTCAGGTG
GAGCTTGTGGGTACGGAGATCTTTACTCGGCGGGGTACGGTACAATGACGGCGGC
GTTAAGCACGGCTCTCTTTAACGACGGAGCTTCTTGCGGCGAATGCTATAGGATA
ACGTGTGATTATGCGGCGGACTCACGGTGGTGCTTGAAAGGAGCTTCTGTGGTTA
TTACAGCCACTAATTTTGGCCACCAAATTTGCCTTGCCTAATAACAACGGAGG
TTGGTGCAATCCGCCGCTCAAACATTTTCGATATGGCACAACCCGCTTGGGAAAAG
ATCGGAATTTACAGAGGAGGAATTGTTCCCGTCGTTTTCCAAAGGTCAGAACTTT
TAAAAAGACCCCAAAAAAATTAATTTGAACTATTTAACCCCTTATAAATTATGTT
AAGATTTATACTCGTAAATTCGTAATGTTGTTGTCTTAACTTAACACAATCACACA
TATTATATAACACGCTAGAAGGCTAATGTGTAGTAAACCCTTTATAAATTAATAA
TATCATCATGATTAATATATATTTTTTAAAAATTAATATCCATAAATTTATTGCAAG
ATTAACAAAACATAGTAAAGGGTTTAAAATGAATCATATGAAAGTTCAGGGTTGTT
TTTACAATTGTTCTAATTTCTTAAACGAAAAGTCTCTGTTTTTTTTTTTTTGTTGG
GTTTGGGAAAAAACAGAGTAAGCTGTTACAAGAAAGGAGGAGTAAGATTCAGAA
TAAACGGAAGAGACTACTTCGAGCTAGTTAACATCCAAAATGTAGGAGGAGCAG
GTTGATTAAATCTGTCTCCATCAAAGGATCAAAGACTGGTTGGTTAGCCATGTC
TCGTAATTGGGGAGCTAATTGGCAATCAAACGCTTATCTCGATGGTCAATCTCTCT
CTTTCTCCATTACCACTACTGATGGTGCTACAAGAGTCTTCCTCAATGTTATTCT
TCTTCTTGGTCTTTTTGGACAGATTTATTCTTCCAACGTTTCAGTTTTAAGTTTTTTTT
TTTTTTTTTTGTGGGTTCTGTCTGAAATATTATTGGCAGTGGTTCGCGCTCTGAGTCT
GTTTCTTAACTCCCTGAGCGACCCGCCTCTTTGTTTATTTCTTCTGGTTTGATGGGT
CTGTTAATACAGAAGACCCGATTTGATTTGAGGAAAATATGATTATATGAAATGT
ATTGTATATTTGTATTTGAATGTTTCAAACCTCGAAAAGATTCTGTAGCAAAGGA
GTTTAAACACATTTGTACTTGGTTATACGTTTATATGAGTTTGTTTTTTTTTTAAAAG
GAGTTTTATCAAGTACAATTCTAATAAGCAAATGTATATTAC