

IDENTIFICATION

Species: *Arabidopsis thaliana*

Locus: AT3G15370

Gene Model: AT3G15370.2

Description: AtEXPA-18

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

TAIR: <https://www.arabidopsis.org/>

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T00041>

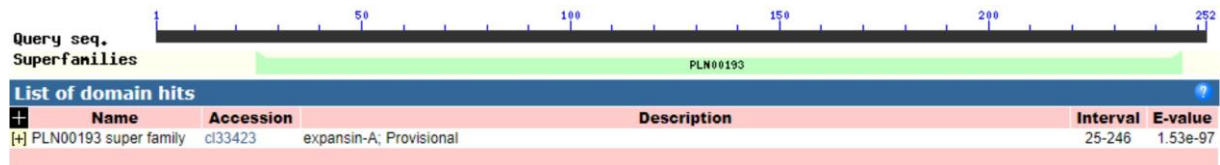
EXTERNAL RESOURCES

<https://www.gabipd.org/database/cgi-bin/GreenCards.pl.cgi?Mode=Show&QueryKey=197c0ef939ecd1d29302d8a4a92c1bc3&x.Overview=1&Start=1>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>AtEXPA-18

MDMKGTYLVTVILLVSTLSVGMCSNGWIRAHATYYGVNDSPASLGGACGYDNPYH
AGFGAHTAALS GELFRSGESCGGCYQVRCDFPADPKWCLRGA AVTVTATNFCPTNN
NNGWCNLPRHHFDMSSPAFFRIARRGNEGIVPVFYRRVGCKRRGGVRFMRGQGNF
NMVMISNVGGGGSVRSVAVRGSKGKTWLQMTRNWGANWQSSGDLRGQRLSFKVT
LTDSKTQTFNLVVPSSWWFGQTFSSRGRQFV

CDS (coding sequence)

>AtEXPA-18

ATGGATATGAAGGGAACATACTTAGTAACGGTTATTCTCTTGGTTAGTACGTTAA
GTGTGGGGATGTGTTCTAACGGTTGGATAAGAGCTCATGCAACGTATTATGGTGT
CAATGATAGCCCTGCTTCACTTGGTAAAAGGCCATTAACTATTGTTTAATATA
CGTTTTTGTACTTCAAAGTTTGTATGGTAAATTTGTTTTTTAGATACAATTTTATA
GGAGGAGCTTGTGGGTATGACAATCCGTACCACGCCGGATTCCGGAGCACACACG
GCGGCGCTAAGCGGTGAGCTATTCAGAAGCGGTGAGTCATGCGGTGGGTGCTAC
CAGGTGAGGTGCGACTTCCGGCGGATCCTAAGTGGTGTCTCCGAGGAGCCGCCG
TGACGGTGACGGCTACAACTTTTGCCCAACGAATAACAATAATGGTTGGTGCAA
TCTCCCTCGCCATCACTTTGACATGTCTTCCCCGCTTTCTTCCGCATTGCCCGTCG
CGGCAATGAAGGCATCGTCCCGTCTTCTATCGCCGGGTGGGATGCAAAGAAG
AGGAGGCGTGAGGTTACGATGAGAGGGCAAGGTA ACTTCAATATGGTAATGAT
CTCAAACGTTGGTGGTGGCGGCTCGGTGAGATCAGTAGCGGTGAGAGGCTCAA
GGGAAAGACTTGGCTTCAGATGACCCGTAATTGGGGTGCCAACTGGCAGAGCTCC
GGTGATCTCCGGGGACAGAGACTCTCCTTCAAAGTTACTCTGACGGACAGCAAAA
CGCAGACATTTTTGAACGTTGTCCCTTCTTCTTGGTGGTTTGGCCAAACCTTCTCT
CTCGAGGAAGACAATTCGTTTAA

Nucleotide

>AtEXPA-18

ATCAATTGTGAACTCAAAGCTTTCTTTTCTCGACCTCTCTTTCTTTTCATCACGAAA
AATTTATACTTATCTCAAATAAAAATAAAAATATATATATATGGATATGAAGGGAA
CATACTTAGTAACGGTTATTCTCTTGGTTAGTACGTTAAGTGTGGGGATGTGTTCT
AACGGTTGGATAAGAGCTCATGCAACGTATTATGGTGTCAATGATAGCCCTGCTT
CACTTGGTAAAAAGGCCATTAACACTATTGTTTAATATACGTTTTTGTACTTCAA
GTTTGTATGGTAAATTTGTTTTTTAGATACAATTTTATAGGAGGAGCTTGTGGGTA
TGACAATCCGTACCACGCCGGATTTCGGAGCACACACGGCGGCGCTAAGCGGTGA
GCTATTCAGAAGCGGTGAGTCATGCGGTGGGTGCTACCAGGTGAGGTGCGACTTT
CCGGCGGATCCTAAGTGGTGTCTCCGAGGAGCCGCCGTGACGGTGACGGCTACA
AACTTTTGCCCAACGAATAACAATAATGGTTGGTGCAATCTCCCTCGCCATCACTT
TGACATGTCTCCCCGCTTTCTTCCGCATTGCCCGTCGCGGCAATGAAGGCATCG
TCCCCGTCTTCTATCGCCGGTAACTTATTCGATGCTATAGGAGTCAATTGCTTTTT
TATGCATATAGTGTTTCATCCTTTTTGATAAGTTAATAAACTGAACTATACATTAA
AGTATATTTTGGAGTTTTTTTTTTTTCTTTTTAAAATGTAAGGTAGAGAACATTAT
ACAACCCTATCATTATTTAAGTTATTAACATTATTGTTTAATTTATTTTCATCTACA
TATCATTATTTGCTATAATGATCATTAGCAAGCTAGGTCATTATATATTATAGCA
AAATTTATAAGGAAAGAATGGATGAAGTTTAGATCAACATCACATTATAACATGT
ACATATACGTACGCTCACAACAGAAAAAAAAAAAAAAAAACAAAAACAAGGCCAATCC
TTCAAAGAATCTGGAAAAAGGTTTAAATGGACTTTAGTTAAATAAAAAATATAGC
ATGTAATTACTGTGATATTTATGCAAATATCTAATAGTTTTGTAAATGTGTATATA
TAGGGTGGGATGCAAAAGAAGAGGAGGCGTGAGGTTACGATGAGAGGGCAAG
GTAACTTCAATATGGTAATGATCTCAAACGTTGGTGGTGGCGGCTCGGTGAGATC
AGTAGCGGTGAGAGGCTCAAAGGGAAAGACTTGGCTTCAGATGACCCGTAATTG
GGGTGCCAACTGGCAGAGCTCCGGTGATCTCCGGGGACAGAGACTCTCCTTCAA
GTTACTCTGACGGACAGCAAAACGCAGACATTTTTGAACGTTGTCCCTTCTTCTTG
GTGGTTTGGCCAAACCTTCTCTTCTCGAGGAAGACAATTCGTTTAACTACAAAAC
TAAGTCGTGCTCTGGTCAAACGCAATTCTTTGCTTATTTCTGAACTTGCCCTTGT
TTTAATTGGGCAGTGTTCCTTTGTTTCTCTTTTATTGCTAAATAATTTTCATGCTTAA
TTTTATTTAACGGAACGGTTTCTCATTTATGTATGAAGCATTACTCGACAAGTTAA
AGAGTTTTG