

## IDENTIFICATION

**Species:** *Arabidopsis lyrata*

**Locus:** AL3G27870

**Gene Model:** AL3G27870.t1

**Description:** ALEXPA-07

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

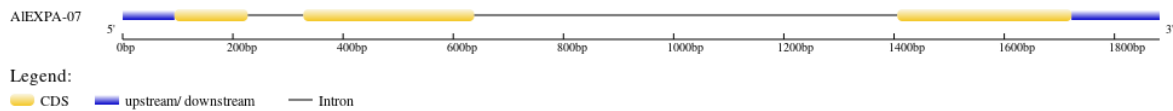
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Alyrata\\_v2\\_1](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Alyrata_v2_1)

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

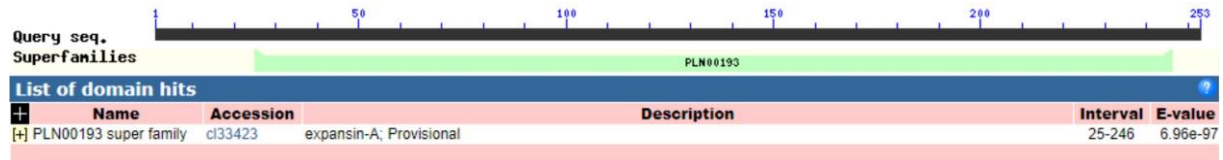
## EXTERNAL RESOURCES

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

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>AIEXPA-07

MDMKGKYLVTVILLVGTLSVGMCSNGWIRAHATYYGVNDSPASLGGACGYDNPYH  
AGFGAHTAALSGALFRSGESCGGCYQVRCDFPADPKWCLRGATVRVTATNFCPSNN  
NNGWCNLPRHHFDMSSPAFFRIARRGNEGIVPVFYRRVGCKRRGGVRFMRGQGNF  
NMVMISNVGGGGSVRAVAVRGSKGKTWLQMTRNWGANWQSSGDLRGQLSFKVT  
LTDSKTQTFNLVVPSSWWFGQTFSSRGRQFV\*

### CDS (coding sequence)

>AIEXPA-07

ATGGATATGAAAGGAAAATATTTGGTAACGGTTATTCTCTTGGTTGGTACGTTAA  
GTGTGGGGATGTGTTCTAACGGTTGGATAAGAGCTCATGCAACGTATTATGGTGT  
TAATGATAGCCCTGCTTCACTTGGAGGAGCTTGTGGGTATGACAATCCGTACCAC  
GCCGGATTTCGGAGCCCACACGGCGGCGCTAAGCGGTGCGTTATTCAGAAGCGGC  
GAGTCTTGCGGTGGGTGCTACCAGGTGAGGTGCGACTTTCCTGCGGATCCTAAGT  
GGTGTCTCCGAGGAGCCACCGTGAGGGTGACGGCTACAAACTTTTGTCCGTCGAA  
CAACAATAATGGTTGGTGCAATCTCCCTCGCCATCACTTTGACATGTCCTCCCCAG  
CTTTCTTCCGAATCGCCGTCGCGGCAATGAAGGCATCGTCCCTGTCTTCTATCGC  
CGGGTGGGATGCAAAGAAGAGGAGGCGTGAGGTTACGATGAGAGGGCAAGG  
TAACTTCAATATGGTAATGATCTCAAACGTTGGCGGTGGCGGCTCGGTGAGAGCG  
GTAGCGGTAAGAGGCTCAAAGGGAAAGACTTGGCTTCAGATGACCCGTAATTGG  
GGTGCCAACTGGCAGAGCTCCGGCGATCTCCGGGGACAGAGACTCTCCTTCAAAG  
TACTCTGACTGACAGCAAACGCAGACGTTTTTGAACGTTGTTCCCTTCTTCTTGG  
TGGTTTGGCCAAACCTTCTTCTCTCGAGGACGCCAGTTCGTTTAA

### Nucleotide

>AIEXPA-07

TTCAAGCAATCACTTGTGAACTCAAAGCTTCTGTTTTCGACCTCTCTTTGTTTCAT  
CACGAGAAATAAATACTTACCTAAAATAAAATTATCTATGGATATGAAAGGAAA  
ATATTTGGTAACGGTTATTCTCTTGGTTGGTACGTTAAGTGTGGGGATGTGTTCTA  
ACGGTTGGATAAGAGCTCATGCAACGTATTATGGTGTTAATGATAGCCCTGCTTC

ACTTGGTAAATATATAGTCCATTAACCTTTAGTTTAATATAAGTTTTTTTTGTTTGT  
ACTTTAGTTTTTTGTATAGTCAACTATAAAATTTAAATACAATTTTACAGGAGGAGC  
TTGTGGGTATGACAATCCGTACCACGCCGGATTCGGAGCCCACACGGCGGCGCTA  
AGCGGTGCGTTATTCAGAAGCGGCGAGTCTTGCGGTGGGTGCTACCAGGTGAGGT  
GCGACTTTCCTGCGGATCCTAAGTGGTGTCTCCGAGGAGCCACCGTGAGGGTGAC  
GGCTACAAACTTTTTGTCCGTGCAACAACAATAATGGTTGGTGAATCTCCCTCGC  
CATCACTTTGACATGTCCTCCCCAGCTTTCTTCCGAATCGCCCGTCGCGGCAATGA  
AGGCATCGTCCCTGTCTTCTATCGCCGGTAACGTATTCAATGCTATAAGACTCCAT  
TGCTATTTAAAGCATAACAGTTTTTATCTTTTTGACAAGTTAAACTGAAATTATATA  
TTAAATTATACTCCCTCCGTTTCATAATATAAGTCGTTTTGGAGAAAATTTTTTGT  
TTCACAATATAAGTCGTTTTCAAATTTCTATGCAAATTATATATTATTTAATATTT  
TATAATTTTTTATATTATGCAGTCTTTTTTATGATTGGTTGAACTTTTTAAAAGCAG  
ATCTTCTTAATCTGCGTGCTTAAACTAAAACGACTTATATTATGAAACGGAGAG  
AGTATATGTTTTGGAGTTTTTCTTTTTAAAATGTAAGGTAGAGGACATTATAACAAC  
TAACAACCCTATCATTATTTAAGTTATTAACATTATTGTTTTGTCTATAATCCATG  
GTAAGAGGTTTAACTTGATCAATTTGCTTGGTAAAATTTGGGATACTGCTTGAA  
TCAAATGATCACTAGCTAGATCATTAAAGCAACATTTGTAAGGAAAATATCATT  
GAAGTTTAGCATTGCCGTTTACAATACATCAGCATCACATTATAAGTAACATGTA  
TGTATAATTGTATACATACGATCGCAAATAGAAAAACAAAACAACAAAACAACC  
AATCCTTCAAACGAATCTGGAAAAAAGGTTTAAACACTTAGGTTACATAAAAAACA  
TAGCACAAAGTAATATATGCAAATTATCTAATAATTTTGTAAATGTAATGTTTACAT  
ATATATATATAATAGGGTGGGATGCAAAAAGAAGAGGAGGCGTGAGGTTACAGAT  
GAGAGGGCAAGGTAACCTCAATATGGTAATGATCTCAAACGTTGGCGGTGGCGG  
CTCGGTGAGAGCGGTAGCGGTAAGAGGCTCAAAGGGAAAGACTTGGCTTCAGAT  
GACCCGTAATTGGGGTGCCAACTGGCAGAGCTCCGGCGATCTCCGGGGACAGAG  
ACTCTCCTTCAAAGTTACTCTGACTGACAGCAAAACGCAGACGTTTTTTGAACGTT  
GTTCCCTTCTTGGTGGTTTTGGCCAAACCTTCTCTTCTCGAGGACGCCAGTTCGT  
TTAACTACAAAATAAGTCGTGCTCTGGTCAAACGCAACGTTTCTTTTTTTTTTAC  
GAATGGGGCTGATTTCAATTTGCTTGGTTTATGAACTTGCCCTTGTTTTAATTG  
GGCAATGTTCCCTTCGTTTTTCTTTTATTGCTAAATAATTTTATGCTTAATAT