

IDENTIFICATION

Species: *Arabidopsis lyrata*

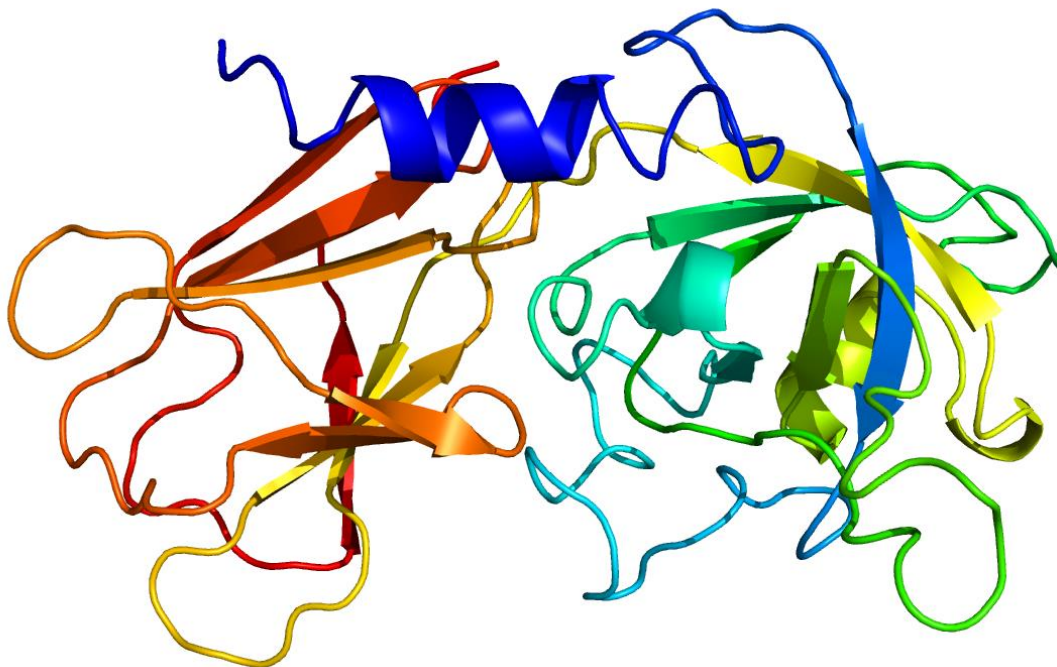
Locus: AL4G23500

Gene Model: AL4G23500.t1

Description: ALEXPA-08

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

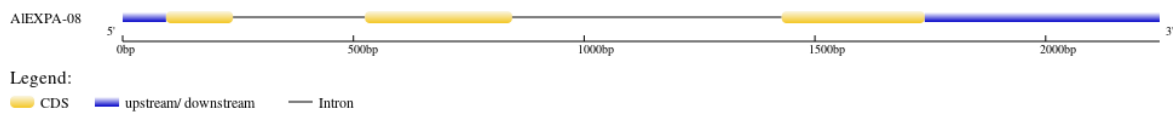
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Alyrata_v2_1

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

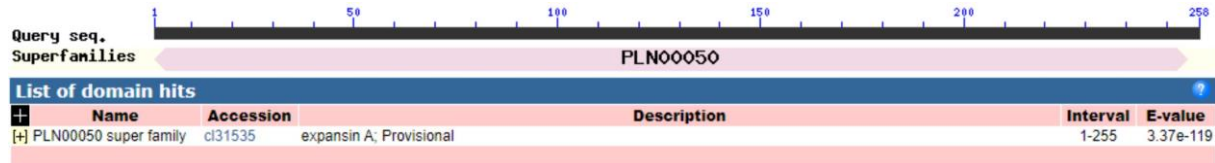
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>AIEXPA-08

MAMLGLVLSVLTILALSEARIPGVYNGGGWETAHATFYGGSDASGTMGGACGYG
NLYSQGYGVNTAALSTALFNNGFSCGACFELKCADPRWCHSGSPSIFITATNFCPPN
FAQPSDNGGWCNPPRPHFDLAMPMLFKIAEYRAGIVPVSFRRVPCRKRGGIRFTINGF
RYFNLVLTNVAGVGNIVRLGVKGTHTSWMSMRNWGQNWQSNVVLVGQSLFRV
TGSDRRSSTSWNIAPANWQFGQTFMGKNFRV*

CDS (coding sequence)

>AIEXPA-08

ATGGCAATGTTGGGTTTGGTTTTATCTGTTCTTACCACAATTCTTGCATTGTCTGA
AGCAAGAATCCCAGGAGTCTACAATGGAGGTGGTTGGGAAACTGCCCATGCCAC
TTTCTATGGTGGCTCTGATGCTTCTGGAACCATGGGAGGTGCTTGTGGTTATGGTA
ACTTATACAGCCAAGGCTATGGTGTGAACACGGCGGCTCTAAGCACGGCTCTGTT
CAACAATGGTTTTAGCTGTGGTGTCTTGTGTTGAGCTCAAATGTGCGAGTGATCCA
AGATGGTGCCATTCTGGTAGTCCTTCAATCTTCATCACTGCGACTAATTTCTGTCC
TCCGAACCTTTGCTCAGCCTAGTGACAATGGTGGTTGGTGTAAACCCTCCTAGGCCTC
ACTTTGATCTTGCTATGCCTATGTTCCCTTAAGATTGCTGAGTATCGCGCCGGAATC
GTCCCCGTCTCTTTCCGCCGTGTGCCATGCCGGAAGAGGAGGAATAAGGTTCA
CGATCAACGGTTTCCGTTACTTTAACTTGGTTCTAGTCACAAACGTCGCCGGCGTC
GGAAACATAGTCCGGTTAGGAGTTAAAGGAACACATACTTCGTGGATGAGCATG
AGTCGTAACCTGGGGGCAAACTGGCAATCTAACTCTGTTTTGGTTGGTCAGTCAC
TTTCTTTTAGAGTCACAGGCAGTGACCGTAGAAGCTCGACGTCGTGGAACATTGC
TCCGGCGAATTGGCAGTTTGGTCAGACTTTCATGGGAAAGAACTTCAGAGTCTGA

Nucleotide

>AIEXPA-08

CACACATGGAGATACTCCAATAGACTCTTCTTCTTCTTCTCCTCTGCCTTTTTCTCCCA
AAATCTCTCTTTATTCTCAATCTCTCTCTCTGGTAATGGCAATGTTGGGTTTGGT
TTTATCTGTTCTTACCACAATTCTTGCATTGTCTGAAGCAAGAATCCCAGGAGTCT
ACAATGGAGGTGGTTGGGAAACTGCCCATGCCACTTTCTATGGTGGCTCTGATGC

TTCTGGAACCATGGGTATGTCTCTCTCTATCTCTCTATCTCTCTTCTCTTCCACA
TTCTCATCAATTTTAACTAAAGTTCCAATCTTTTTTCGTAACCAAATTGTCAAAA
TGTTAAAATCTTGATTCTGTACCTCAAAGGTTTCAACTTTAGTACTAAACCCA
TAAAGTTCTAATCTTTTTGTTTCATCTTTGCTATACCAAACCTACCACATTGTCAA
TAACGGTTTTTATTGCATCTTCTTGATTTTGTACACCAAAGGTTTAAACTTTTTG
TCCTTTTTTGTTTTCAGGAGGTGCTTGTGGTTATGGTAACTTATACAGCCAAGGC
TATGGTGTGAACACGGCGGCTCTAAGCACGGCTCTGTTCAACAATGGTTTTAGCT
GTGGTGCTTGTTTTGAGCTCAAATGTGCGAGTGATCCAAGATGGTGCCATTCTGG
TAGTCCTTCAATCTTCATCACTGCGACTAATTTCTGTCCTCCGAACCTTTGCTCAGC
CTAGTGACAATGGTGGTTGGTGTAACCCTCCTAGGCCTCACTTTGATCTTGCTATG
CCTATGTTCTTAAGATTGCTGAGTATCGCGCCGGAATCGTCCCCGTCTCTTTCCG
CCGGTAAGAAGAACAACCTCCTAGGCTTTTAGATTGGTTTTCTTGAATTAGAAAA
TTGGGGTTAGATTTGGTATATTATAAACTTTGGGGTGTGAAATTTAATATCTTAGA
AGTATTGGGGTTGCTGTTGAGAAGTCCATATTATTGGGGTTAATGTTTACAGAATT
AAAAGTTTGGGGTATTAACATAACATTTTATAAATACCATGGTGCAGTTGTGAA
GACTTATTTCTAGATTCTGAATACTTTGGGTTAATGTGAAAGAATTTAAAGTTTGG
GGTCTTAAACAATATTTTATAAGTATAGGGGTACGGTTGAAAAGTCTGTCTTTGA
TTCTTGGCGCGAGTCGGTGCAGCATTATGTGCGGTCTCTAGTACTTGGCTAAATT
ACCAAATCTAAAAGATCTTATTTTCTGCAAAAAGACGAACTGTCCTTATAACAA
TCTCTTTTTTACCTATCAGTACCATATAATAAAAGTCAAGAGTAACAATAATGAA
ATGGTGTCTTTTAGTCAACAACGCGTTTTCTCAACTTTTTCTTGAATGACGTAAC
TAACCTTGACTTGTGTTGTTTAAATTACAACAGTGTGCCATGCCGAAAAGAGGAG
GAATAAGGTTACGATCAACGGTTTCCGTTACTTTAACTTGGTTCTAGTCACAAAC
GTCGCCGGCGTCGAAACATAGTCCGGTTAGGAGTTAAAGGAACACATACTTCGT
GGATGAGCATGAGTCGTAACCTGGGGGCAAACTGGCAATCTAACTCTGTTTTGGT
TGGTCAGTCACTTTCTTTTAGAGTCACAGGCAGTGACCGTAGAAGCTCGACGTCG
TGGAACATTGCTCCGGCGAATTGGCAGTTTGGTCAGACTTTCATGGGAAAGAACT
TCAGAGTCTGAGGGCATTATCGGAACTCATCTATCTATTTAGTATTTTTATTATT
ACTATTAATAATTTCCAGCCGAAGGCATTAGTAATTTGAGAAATTTAATATATAA
TCATGTTTATAAAGAGACCACTAAAATTTCCAATTTTCTTACCTCTGATGGGTTGTG
TTTTTTTCTGATGTGTTGTTGAGAGTGTGAAATTGGACAGTGGTGTTTTTTAAG
CGTGTGGGGTCGTAAATTATAATTAGTAATCTTTTGGGGTGAATTAGAAGTTTG
TTAAAAGTAGAAGGAGGTGTGAAGCAGATTTGAAGAGTTTCTGGTAGTAAAAGA
AGCAGTAATATAGGGATGTGTCATGTGTTTGTATTTTGAATGCCTCTTGTAGAAC
TCTATATTGTAATTTTTATATATGTGGGTATGTTATGGTTTATTATTATTATTT
TTTTTTTTTTTTGCTAAAAGGTTAAATTTATGGTTTATTATCTTAATCTATGAAAAG
TAAACATCATTTTGCTAC