

IDENTIFICATION

Species: *Arabidopsis thaliana*

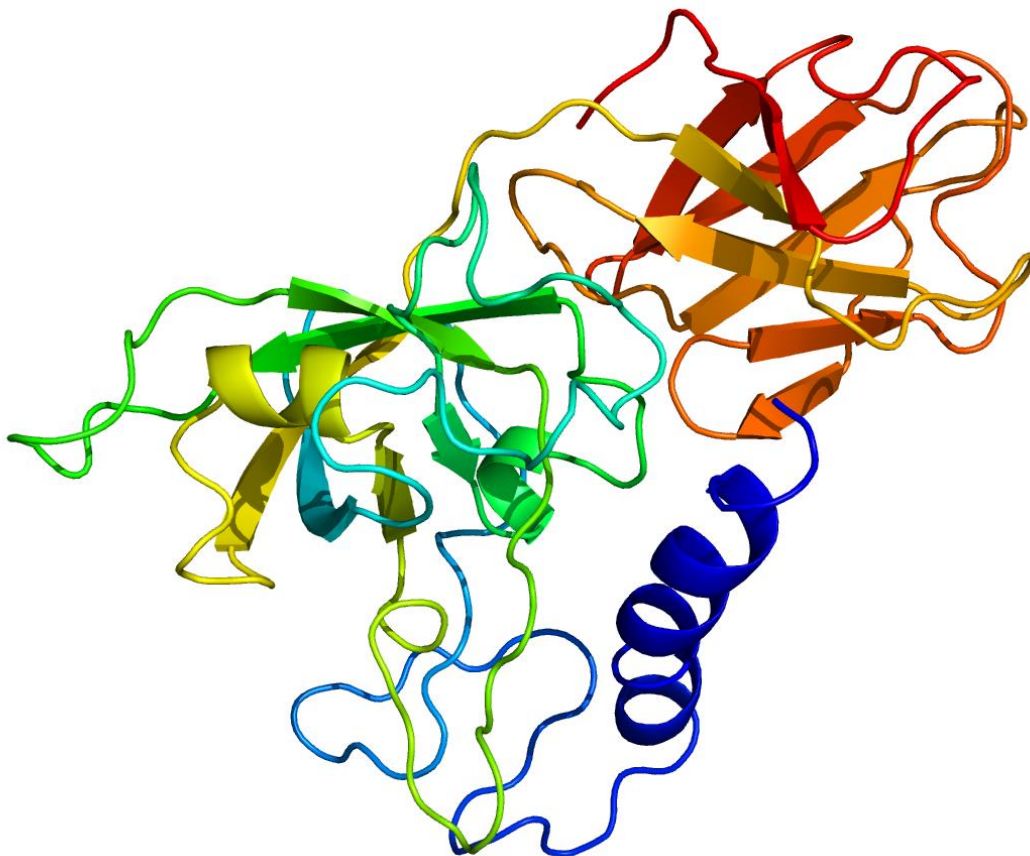
Locus: AT5G39270

Gene Model: AT5G39270.1

Description: AtEXPA-27

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

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

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

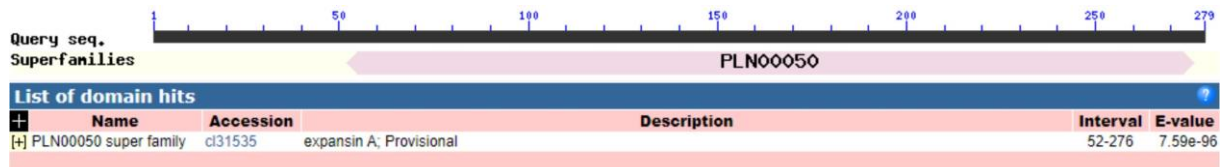
EXTERNAL RESOURCES

<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-27

MKLLEKMIYVEFLMIMVIWVVPMSYGHGAMIGNAVEAPDVAEAPGINDPSKALDT
NWDARATFYGDIHGGDTQQGACGYGNLFRQGYGLATAALSTALFNDGYTCGACY
EIMCTRDPQWCLPGSVKITATNFCPANYSKTTDLWCNPPQKHFDLSLAMFLKIAKYK
AGVVPVRYRRIPCSKTGGVKFETKGNPYFLMVLIYNVGGAGDIKYVQVKGNKTGWI
TMKKNWGQNWTITVLTGQGLSFRVTTSDGITKDFWNVMPKNWGFQTFDGRINF

CDS (coding hits sequence)

>AtEXPA-27

ATGAAACTCTTAGAAAAAATGATATATGTAGAGTTTTTGATGATAATAATGGTGA
TATGGGTCGTGCCCATGAGTTACGGTCATGGAGCGATGATTGGTAATGCAGTCGA
AGCACCTGATGTAGCGGAAGCACCAGGGATTAATGACCCAAGCAAGGCACTCGA
CACTAATTGGTATGACGCACGAGCCACGTTCTACGGTGACATCCATGGTGGCGAC
ACTCAACAGGGAGCTTGTGGATACGGTAATCTATTCAGACAAGGCTATGGTCTAG
CCACCGCAGCGTTAAGTACGGCACTCTTCAACGACGGGTACACATGTGGGGGCTTG
TTATGAAATCATGTGCACGCGTGATCCACAATGGTGTTCACCGGATCCGTCAAG
ATCACAGCAACAACCTTCTGTCCCGCAAATTACAGCAAAACCACAGACCTTTGGT
GCAACCCACCACAGAAACACTTTGATCTCTCCTTAGCAATGTTTCTCAAGATTGCC
AAGTACAAAGCCGGGTTGTCCAGTTAGATACAGACGTATTCCTTGTAGCAAAA
CTGGTGGTGTCAAGTTTGAACCAAGGAAACCCTTATTTCTTAATGGTCTTGAT
ATACAACGTAGGAGGAGCTGGAGATATTAAGTACGTGCAAGTTAAAGGAAACAA
GACCGGGTGGATAACAATGAAAAAGAACTGGGGGCAGAATTGGACCACTATTAC
AGTATTGACCGCCAAGGTTTATCGTTCAGGGTTACAACGAGTGATGGGATTACA
AAAGATTTTTGGAATGTGATGCCAAAAAATTGGGGGTTTGGACAGACTTTTGATG
GTAGGATTAACCTTTTAG

Nucleotide

>AtEXPA-27

GTAATAAAATATCATTTAAGAGGGATAATAATCATGAAACTCTTAGAAAAAATG
ATATATGTAGAGTTTTTGGATGATAATAATGGTGATATGGGTCGTGCCCATGAGTT
ACGGTCATGGAGCGATGATTGGTAATGCAGTTCGAAGCACCTGATGTAGCGGAAG
CACCAGGGATTAATGACCCAAGCAAGGCACTCGACACTAATTGGTATGACGCAC
GAGCCACGTTCTACGGTGACATCCATGGTGGCGACTCAACGTAAGATCAAATA
ATAATGTTTTTTTTTAACCTCAATACGATTTTGTTTTTTGTAAAATTATATGATTT
TTGGTTACAACGAATCTAATTATTGAATGCAAATTTTCATTATCAAAAAATCTCTA
TATGATAACATGTATATATAAAACCAACACACATGTAAGAAAAAAATTCAAAGC
CAAATTAGTTTTTGTGATTAACACATACATAATCACTTTTTATCATTATATATTC
ATTAGAGGGAGCTTGTGGATACGGTAATCTATTCAGACAAGGCTATGGTCTAGCC
ACCGCAGCGTTAAGTACGGCACTCTTCAACGACGGGTACACATGTGGGGCTTGTT
ATGAAATCATGTGCACGCGTGATCCACAATGGTGTTTACCCGGATCCGTCAAGAT
CACAGCAACAACTTCTGTCCCCAAATTACAGCAAAACCACAGACCTTTGGTGC
AACCCACCACAGAAACACTTTGATCTCTCCTTAGCAATGTTTCTCAAGATTGCCA
AGTACAAAGCCGGGGTTGTCCCAGTTAGATACAGACGTATTCCTTGTAGCAAAAC
TGGTGGTGTCAAGTTTGAAACCAAAGGAAACCCTTATTTCTTAATGGTCTTGATAT
ACAACGTAGGAGGAGCTGGAGATATTAAGTACGTGCAAGTTAAAGGAAACAAGA
CCGGGTGGATAACAATGAAAAAGAACTGGGGGCAGAATTGGACCACTATTACAG
TATTGACCGGCCAAGGTTTATCGTTCAGGGTTACAACGAGTGATGGGATTACAAA
AGATTTTTGGAATGTGATGCCAAAAAATTGGGGGTTTGGACAGACTTTTGATGGT
AGGATTAACTTTTAGGAGAATGATTTGAGTTTTATTATATGTGTCTTACACATAAG
TTATGTAATACGTACTTGCAATAATTA AAAATAAAGAAGA