

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

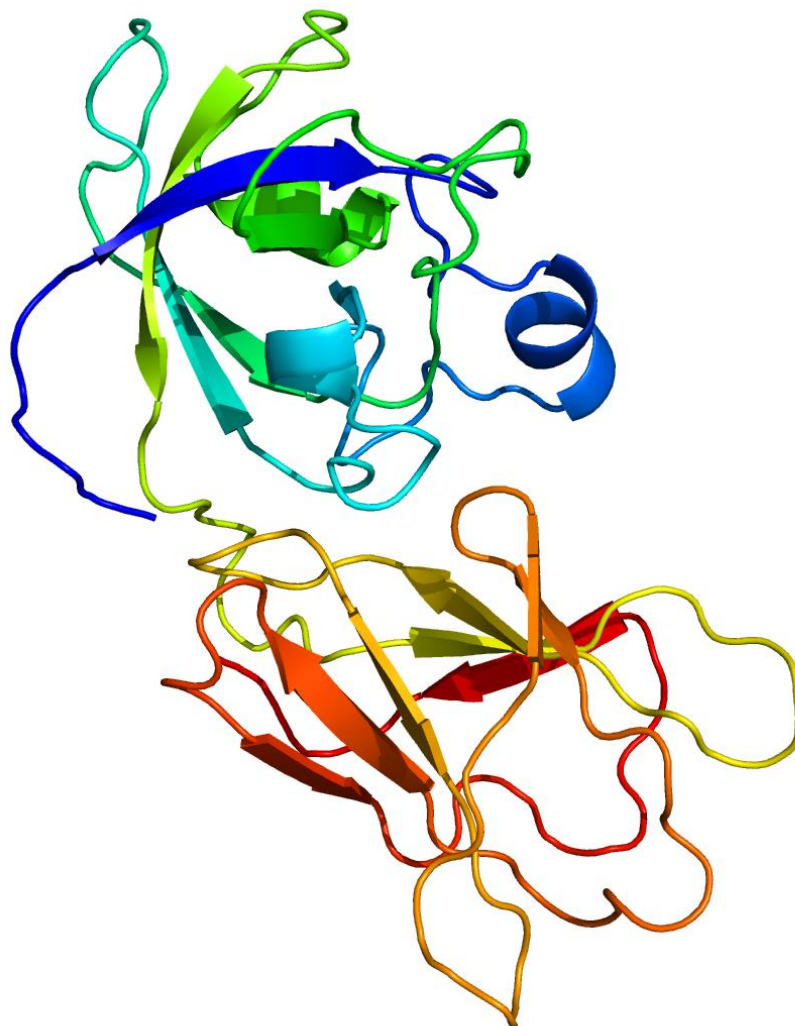
Locus: Medtr4g099370

Gene Model: Medtr4g099370.1

Description: MtrEXLB-02

Family: Expansin Like Beta

3D structure:



GENOME DATABASES

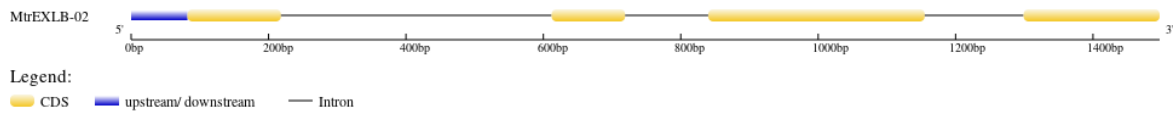
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula_Mt4_0v1

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T01716>

EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE

Query seq. Superfamilies

PLN03023

Name	Accession	Description	Interval	E-value
PLN03023 super family	d33621	Expansin-like B1; Provisional	3-250	4.19e-142

SEQUENCES

Peptide

>MtrEXLB-02

MELSFKHQLGLVCIILLPQLCTSQDSFTDSRATYYGSPDCYGTPRGACGFGEYGRTV
NDGNVAGVSKLWKNGTGCGACYQVRCKIPQYCDENGATVVVTDYGEGRDTRDFIMS
PRGYAKLGRNADASAELFKYGVVDIEYKRVPCLMYSGYNIVAQVHERSKNPDYFAVV
VLYVDGMYDVNAVEMWQEDCQEWPMRRAYGVVFDYANPPSGEINLRFQVSGNE
GVYWVQSKNAIPSDWKAGAAYDTMVQLN*

CDS (coding sequence)

>MtrEXLB-02

ATGGAACTCAGTTTTAAGCACCAACTTGGCCTTGTTTGTATCATACTGCTCTTACC
TCAGCTCTGTACCTCACAAGACTCCTTTACTGACTCCAGAGCAACATATTACGGT
AGCCCAGATTGCTATGGGACTCCAAGGGGAGCTTGTGGCTTTGGAGAATATGGAA
GGACAGTGAATGATGGCAATGTTGCTGGTGTGTCTAAGCTATGGAAGAATGGCAC
TGGCTGCGGTGCATGCTATCAGGTGAGGTGTAATAACCACAATACTGCGATGAA
AATGGAGCAACCGTAGTGGTAACAGACTATGGTGAAGGAGACAGAACAGACTTC
ATAATGAGTCCACGAGGCTACGCGAAATTAGGACGCAATGCAGATGCATCTGCA
GAGCTATTCAAATATGGTGTAGTAGATATTGAATACAAAAGAGTCCCATGTATGT
ACAGTGGCTATAACATAGTGGCTCAAGTCCATGAACGCAGCAAAAATCCTGATTA
CTTTGCTGTTGTAGTTCTCTATGTAGATGGAATGTATGATGTCAATGCTGTTGAAA
TGTGGCAGGAAGATTGCCAAGAATGGAGGCCAATGAGGAGAGCTTATGGAGTAG
TGTTTGACTATGCCAATCCTCCAAGTGGTGAAATAAATTTGAGGTTCCAAGTGAG
TGAAATGAAGGTGTTTATTGGGTGCAGTCCAAGAATGCTATCCCTAGTGATTGG
AAGGCTGGAGCTGCATATGACACTATGGTTCAGCTTAATTAG

Nucleotide

>MtrEXLB-02

TGATTGTTATTCTTGCTTCATATACTTTAGTTCATTTGCTTAATTAGTCCACTCTTT
AAATCTGAGTATTTGTCATTTGAACATGGAACTCAGTTTTAAGCACCAACTTGGC
CTTGTGTTGTATCATACTGCTCTTACCTCAGCTCTGTACCTCACAAGACTCCTTTACT
GACTCCAGAGCAACATATTACGGTAGCCCAGATTGCTATGGGACTCCAAGTATTA
TCCTCCTCTTCTACCTAACTTGATATTTAATTTCTTTATGTGTCATGTGTTTCAAC
AAATAAATTGTATGCACTAAAAAATGTTCACTTTGCTAGTGTTATGTCGCACAAT

AAATGCCGCATTTGACAATTTTACGCATGTAAAAAAAAAAAAAGGAAAAGAAAAGA
ATTATTTTACTAAATTATGCTTATTAATCGTTGGTGTGTTTTTTTTTGCAAGATTG
TTGGTGTGTTACCATTGTCATAAATGCAAAGTAAAAAATAATAATTTTGAAGTG
ATGCATGCGATACTAATTC AAGGGTACATTTTAAAAAGATTA ACTAAAAC TACAT
TGAAAATGAAAGTAACAAATATAACATGATTTATGAATTGAAATATATACTTTAG
GGGGAGCTTGTGGCTTTGGAGAATATGGAAGGACAGTGAATGATGGCAATGTTG
CTGGTGTGTCTAAGCTATGGAAGAATGGCACTGGCTGCGGTGCATGCTATCAGGT
AGTTTTCAACCATAATTGTAACAAAATATTTATTTACATAAGAAAAAACTATATA
TTAATTTCCATTAATAATAGTTAATTTACTAACTATAAATGGTGTGACTAATTGA
TTAATCAGGTGAGGTGTAAAATACCACAATACTGCGATGAAAATGGAGCAACCG
TAGTGGTAACAGACTATGGTGAAGGAGACAGAACAGACTTCATAATGAGTCCAC
GAGGCTACGCGAAATTAGGACGCAATGCAGATGCATCTGCAGAGCTATTCAAAT
ATGGTGTAGTAGATATTGAATACAAAAGAGTCCCATGTATGTACAGTGGCTATAA
CATAGTGGCTCAAGTCCATGAACGCAGCAAAAATCCTGATTACTTTGCTGTTGTA
GTTCTCTATGTAGATGGAATGTATGATGTCAATGCTGTTGAAATGTGGCAGGTAT
ATATACTCCTACTATATACATTTCAATTAATCGGACCGATGATCAAAC T GATGAA
ATGTCCGGATCATGGTTCAATTGATTGAGCTACACTCAAAC T GAAAACACTGCTT
GAAATGTTATTTGTTGTGAATATTGTGCAGGAAGATTGCCAAGAATGGAGGCCAA
TGAGGAGAGCTTATGGAGTAGTGTTTGACTATGCCAATCCTCCAAGTGGTGAAT
AAATTTGAGGTTCCAAGT GAGTGGAAATGAAGGTGTTTATTGGGTGCAGTCCAAG
AATGCTATCCCTAGTGATTGGAAGGCTGGAGCTGCATATGACACTATGGTTCAGC
TTAATTAG