

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

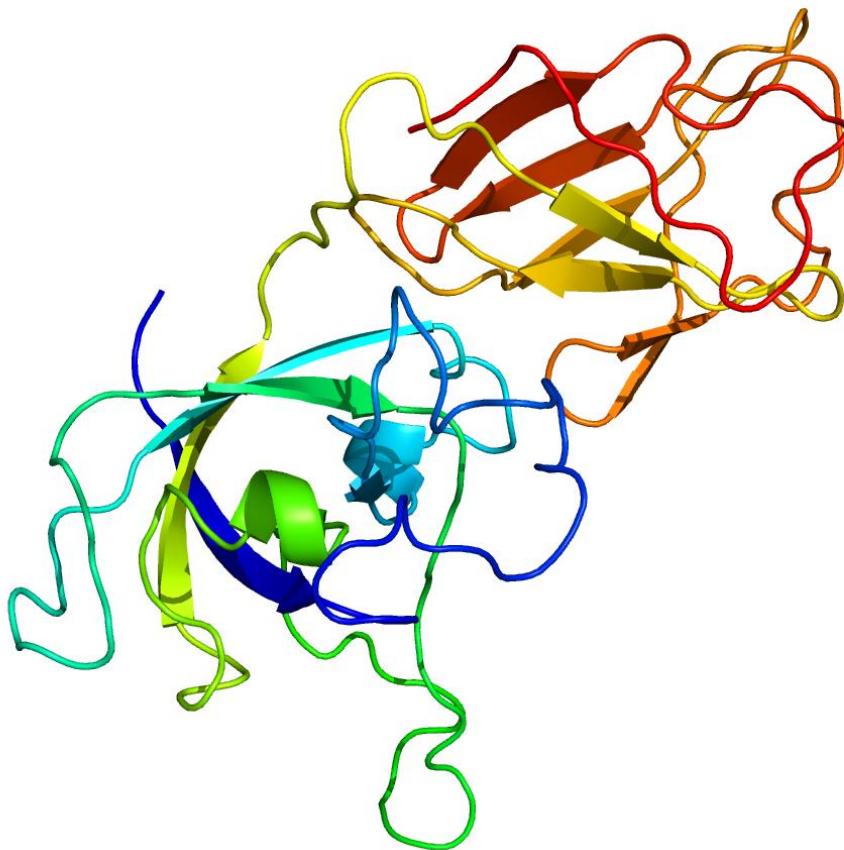
Locus: Medtr7g110990

Gene Model: Medtr7g110990.1

Description: MtrEXPA-26

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

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

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

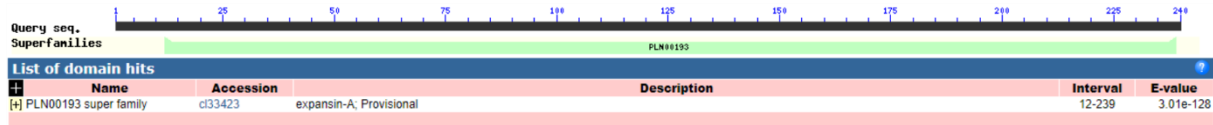
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>MtrEXPA-26

MEKLIICNLAVWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYTDGYGIKSAALSTALFN
DGKSCGGCYQIVCDARQVPQWCLRGTSTITATNFCPPNFALPNDNGGCNPPRPHF
DMSQPAFQTI AKYRAGIVPILYRRVGCCKRSGNIRFTINGRDYFELVLISNVGGGGEISK
VWIKGSKKNKWEPMSMNWGANWQSLSYLNGQSLSFRIQLKNGKTRTAINVAPSNW
RFGQSYKSNVQF*

CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-26

ATGGAAAAATTAATTATATGTAATCTGGCTGTTTGGCAGTCAGCTCATGCAACTTT
CTATGGTGGAAGTGATGCCTCAGGAACAATGGGTGGTGCATGTGGTTATGGAAAT
CTGTACACAGATGGATATGGTATAAAAATCAGCTGCATTGAGTACTGCTTTGTTTA
ATGATGGGAAGTCATGTGGTGGTTGCTATCAGATAGTTTGTGATGCAAGGCAAGT
TCCTCAATGGTGTCTCAGAGGCACTTCCATCACTATTACTGCCACAAATTTTTGTC
CACCAAACTTTGCACTCCCTAATGACAATGGTGGTTGGTGTAAATCCCCCTAGACC
TCACTTTGATATGTCTCAACCTGCCTTTCAGACTATTGCCAAATACAGAGCTGGAA
TTGTTCCCATTTTGTATAGGAGAGTTGGGTGCAAAAAGAAGTGGAAACATAAGATT
TACTATAAATGGGAGAGACTATTTTGAGTTGGTTCTTATAAGTAACGTAGGGGGA
GGTGGAGAGATTTCAAAAGTTTGGATAAAAAGGATCAAAAAGAATAAATGGGAA
CCAATGTCAATGAATTGGGGTGCTAATTGGCAAAGCCTAAGCTATCTCAATGGTC
AAAGCTTATCATTTAGAATTCAACTCAAAAATGGGAAGACTCGTACAGCTATTAA
TGTTGCACCTTCCA ACTGGAGATTTGGCCAGTCTTACAAAAGTAACGTT CAGTTCT
GA

Nucleotide

>MtrEXPA-26

ATGGAAAAATTAATTATATGTGTTCTTATATTGTTAATGAATATGGTCACTACAGA
ACTCAGAGTAGAATCTGGCTGTTTGGCAGTCAGCTCATGCAACTTTCTATGGTGG
AAGTGATGCCTCAGGAACAATGGGTAAATTGCTTCTTCTTTTGATTA ACTTTATTC
AAGTGTTATAATCAAATAGTTAAGTATATAACTTAATTTTGATTA ACTTGTAGGTG
GTGCATGTGGTTATGGAAATCTGTACACAGATGGATATGGTATAAAAATCAGCTGC
ATTGAGTACTGCTTTGTTAATGATGGGAAGTCATGTGGTGGTTGCTATCAGATA

GTTTGTGATGCAAGGCAAGTTCCTCAATGGTGTCTCAGAGGCACTTCCATCACTA
TACTGCCACAAATTTTTGTCCACCAACTTTGCACTCCCTAATGACAATGGTGGT
TGGTGTAATCCCCCTAGACCTCACTTTGATATGTCTCAACCTGCCTTTCAGACTAT
TGCCAAATACAGAGCTGGAATTGTTCCCATTTTTGTATAGGAGGTATGTTTTAAATT
TCTTCCCTTAAAACATAAAAGTCAAATTCTTATCACTGAACTGACACTTTCACAAA
CAATCAAATATTTATAGTGATTACACTCCGTTGCATGTCAATTAATCTTTAAATA
TGTTTTTGATGCAAAGTTTTGTTGTATTTATGCAGAGTTGGGTGCAAAAAGAAGTG
GAAACATAAGATTTACTATAAATGGGAGAGACTATTTTGAGTTGGTTCTTATAAG
TAACGTAGGGGGAGGTGGAGAGATTTCAAAGTTTGGATAAAAGGATCAAAAAA
GAATAAATGGGAACCAATGTCAATGAATTGGGGTGCTAATTGGCAAAGCCTAAG
CTATCTCAATGGTCAAAGCTTATCATTTAGAATTCAACTCAAAAATGGGAAGACT
CGTACAGCTATTAATGTTGCACCTTCCAACCTGGAGATTTGGCCAGTCTTACAAAA
GTAACGTTCAGTTCTGAACTTAATGGGAGCAACACATAAATTATACTGTATGATA
TAATTTTTGGTATAATATTATGATACCACTTTTTATTATTGTGCATTCTTATATTT
GGTCCTTTATGTAACATTAACAGTCATTAGATATGGTGCTAATGTCTTCTAAGGAA
TTATTCCAAGTGGTTGTTTGTG