

IDENTIFICATION

Species: *Trifolium pratense*

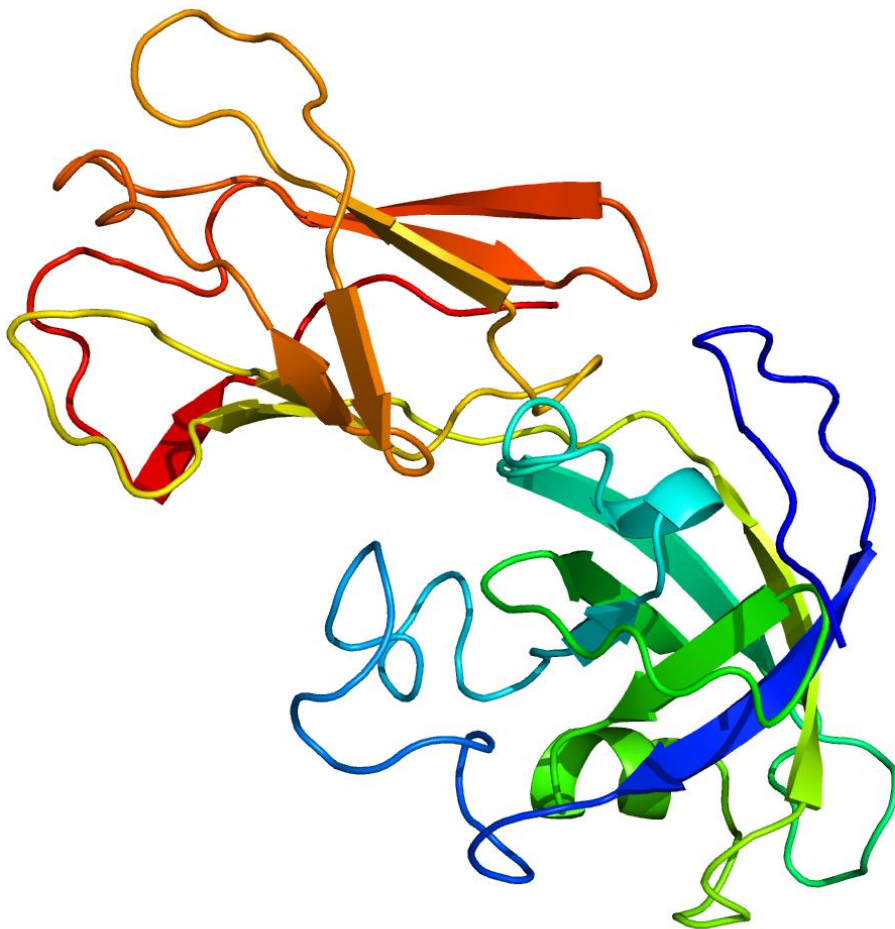
Locus: Tp57577_TGAC_v2_mRNA38878

Gene Model: Tp57577_TGAC_v2_mRNA38878

Description: TprEXPA-16

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

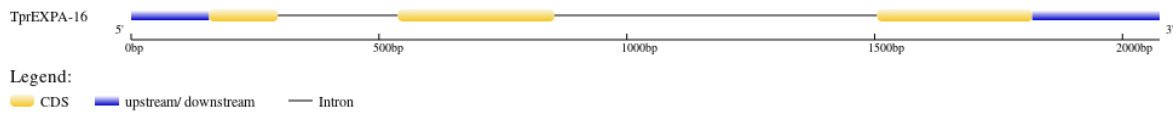
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Tpratense_v2

KEGG:-

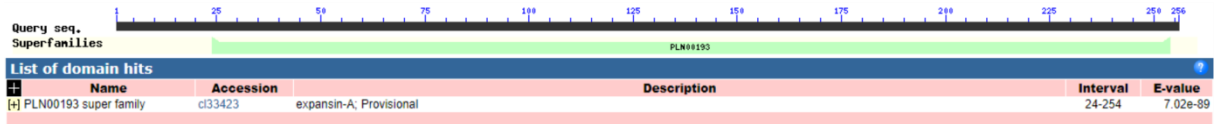
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>TprEXPA-16

LLNTITITLMLIIMGNPALVMGLFQPSQWTPAHATFYGDETASVTMGGACGYGNLFV
NGYGTDTAALSSTLFFNGYACGTCYQIKCVKSSACNTNVPYTTVTATNLCPNWSEA
SDYGGWCNPPRSHFDMSKPAFMKIAQWKAGIVPIMYRRVPCARSEGFRFSFQNGY
WLLVYVMNVGGGGDIANMWVKGSKTGWISMSHNWGASYQAFATLSGQTLSEKVT
SYTTKETAIWNVAPSNWAAGLTYSTHVNHF*

CDS (coding sequence)

>TprEXPA-16

TTGTTGAATACAATTACAATTACATTGATGCTCATAATCATGGGAAATCCAGCTCT
AGTCATGGGCTTATTTCAACCTAGTCAGTGGACCCCTGCTCATGCCACATTTTATG
GTGACGAGACCGCTTCTGTCACCATGGGAGGAGCATGTGGGTATGGAAATTTGTT
TGTGAATGGTTATGGGACAGACACAGCAGCATTGAGTTCAACATTGTTTAATAAT
GGATATGCATGTGGGACTTGTATCAAATAAAAATGTGTCAAATCGAGTGCATGTA
ACACTAACGTGCCTTATACTACAGTCACTGCTACAAATCTTTGCCCCCTAATTGG
TCTGAGGCCTCTGATTATGGTGGATGGTGCAACCCACCACGTTACATTTTGATAT
GTCTAAGCCTGCTTTCATGAAAATTGCACAGTGGAAGGCTGGTATTGTCCCTATT
ATGTATCGCAGAGTACCTTGTGCAAGAAGTGAAGGGTTTAGATTCTCTTTCCAAG
GAAATGGGTATTGGTTATTAGTGTATGTGATGAATGTGGGAGGTGGAGGAGATAT
TGCCAACATGTGGGTGAAAGGAAGCAAAACAGGATGGATTAGCATGAGCCACAA
TTGGGGTGCTTCTTACCAAGCATTGCAACACTTAGTGGCCAACTCTTTCTTTTA
AGGTTACTTCTTACACAATAAAGAACTGCAATAGCATGGAATGTTGCTCCTTC
CAACTGGGCTGCTGGATTAACCTATTCCACACATGTCAATTTTCATTGA

Nucleotide

>TprEXPA-16

CTACATCATTGGCTAGCAATATTGTTTCTAGAAAATAACAAAAGAAAATAAGAG
TACAAATAACATCAGTAATATTGTTGACTTGGAAAGATAGAGATAGAGACATAAT
CGATCTTCGTGGGAATCACTAAGGACNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCTTGTTGA
ATACAATTACAATTACATTGATGCTCATAATCATGGGAAATCCAGCTCTAGTCAT
GGGCTTATTTCAACCTAGTCAGTGGACCCCTGCTCATGCCACATTTTATGGTGACG
AGACCGCTTCTGTCACCATGGGTACGTTGTAAAATAACCATTAATATTATTTATA

TAAAATGCTCTTGCGCCTTGCGCACATCTTATATAAACACTCTATTTTGATATGTA
CTGGTACATTGTTGAAGTAGATAATTCTAATAAGTCGCTTAGCGTTGTACCAGTA
CAGTACATATCAAAGTAAGAAGTGTCCGAAGAATTCACCTTTTTTATTGATATAT
AGTAAGTGGTAACTAATTAATAATTTGATTTACTTATTAAGGAGGAGCATGTGGG
TATGGAAATTTGTTTGTGAATGGTTATGGGACAGACACAGCAGCATTGAGTTCAA
CATTGTTTAATAATGGATATGCATGTGGGACTTGTTATCAAATAAAATGTGTCAA
ATCGAGTGCATGTAACACTAACGTGCCTTATACTACAGTCACTGCTACAAATCTTT
GCCCCCTAATTGGTCTGAGGCCTCTGATTATGGTGGATGGTGCAACCCACCACG
TTCACATTTTGATATGTCTAAGCCTGCTTTCATGAAAATTGCACAGTGGAAGGCTG
GTATTGTCCCTATTATGTATCGCAGGTAATTAGATTTCAAACCTTATATTTAATAA
CATAAAATGCTGATCCGATCCATATTTTTCTAATGTGACATAATCAATCATTTGAC
TCAATCACCAGATTTGGACTATTAGAACAAAATCAGACATTTACATTTCCAAGT
TGGTAAATCAAACCTCAAACACAAAAGTTGAAACACTAGTCGTCCAATCTTAATTT
GACGATTTAAATTGACATTGTTTGAACAGAGTCCATATTTTTTGTGTCACTTAAT
CATGCTTTTGACACAGTCACGCGATTTTGATTATCATATTGGATTCAAACATTTCA
TTTCCGACTTTGATAAGTTGAGTCCGAAATACAAAGTCGAAACATGAGTTGTCTG
ATCTTTATCTAGACAACCTGCGTGATTGTGTGAATGTAGAGTTCAAATTGTCTACTG
TCACACAATCACGCATTTGACATAGTCACGCAATTTAAACTATCATATCAAATT
AGACTGTCCATACTTCAACTTGCATATGCCGAGTTCAAAATACAAAGTTGAAATG
TGAATTGTTCTATCATGATCCGACCATTCCGGTTGACAATTGCATGAATATGTGTT
GACAAAAAAAAAAATCCAATTTCACTCACATTATGATTTATTGACAAATTTAATC
AATTTCTTAGAGTACCTTGTGCAAGAAGTGAAGGGTTTAGATTCTCTTTCCAAGG
AAATGGGTATTGGTTATTAGTGTATGTGATGAATGTGGGAGGTGGAGGAGATATT
GCCAACATGTGGGTGAAAGGAAGCAAACAGGATGGATTAGCATGAGCCACAAT
TGGGGTGCTTCTTACCAAGCATTGCAACACTTAGTGGCCAACTCTTTCTTTTAA
GGTACTTCTTACACAACCTAAAGAACTGCAATAGCATGGAATGTTGCTCCTTCC
AACTGGGCTGCTGGATTAACCTATTCCACACATGTCAATTTTCATTGAAGTTTTCT
ATAATTACCTTTTCTTTTCATTTACTTGTTTAAACACTATGGTTATTTTTATCTTATT
TGATTAATTTTCCACAAAAGAAGCATATGGTCAATTGTCAAGAGACTATTTTTTTTT
ATAGGTCAAATTTTCACTTCAGTATTTGGCGGAATACAAAGGTGCTAAAATATTA
TTAATCATTTTCCGTAATTGTTATGCCACGACAATATACTGGTTTTTATACATGTA
TCTAATTAATTACATTATAATGT