

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

Locus: Medtr7g013140

Gene Model: Medtr7g013140.1

Description: MtrEXPA-23

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>

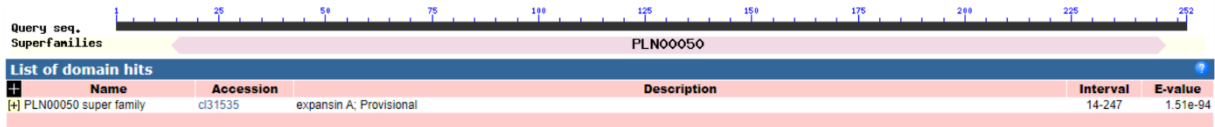
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>MtrEXPA-23

MAMSNTLVPLTFFMMLLVQTMADIDPNWYDAHATFYGDAAGGETMQGACGYGDL
FKQGYGLATTALSTALFNNGFTCGACFQITCVDDPQWCIKGASPIITATNFCPPDYSK
TTDVMCNPPQKHFDLSYKMFTSIAYYKAGIVPVKYRRVPCIKSGGVRFEIKGNPNFL
VLVFNVANAGDVSSVSIKGSNTGWIPMSHNWGQNWNTGMNLVGQALSFQVTTSGG
KTLELDSVAPSNWQFGQTYEGNGNF*

CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-23

ATGGCTATGTCTAACACTTTGGTTCCTTTGACCTTTTTTCATGATGCTCCTTGTACAG
ACCATGGCTGACATTGACCCAACTGGTACGATGCTCATGCAACCTTCTACGGTG
ATGCAGCGGGTGGTGAAACCATGCAGGGAGCTTGTGGTTATGGTGATCTCTCAA
ACAAGGGTATGGGCTTGCAACTACGGCGTTAAGCACTGCTCTATTCAATAATGGA
TTTACTTGTGGTGCATGTTTTTCAGATAACTTGTGTCGACGATCCTCAATGGTGCAT
AAAGGGTGCAAGCCCTATCACGATAACCGCAACAAATTTTTGTCTCCAGATTAC
AGCAAGACCACTGACGTTTGGTGAACCCTCCGCAAAAACACTTTGATTTGAGTT
ATAAAATGTTACCTCTATTGCCTATTACAAAGCAGGTATCGTCCCGGTTAAATAT
CGACGTGTTCCATGCATCAAAAGTGGGGGTGTTAGGTTTGAAATCAAAGGAAACC
CTAACTTTTTGCTTGTGTTTGGTGTTCATGTTGCCAATGCGGGAGATGTTTCTAGT
GTTAGTATCAAAGGTCTAATACCGGATGGATTCCCATGTACACAATTGGGGGC
AAAATTGGAATACTGGAATGAATTTGGTAGGACAAGCCTTATCATTCCAAGTTAC
TACAAGTGGCGGAAAAACTTTAGAGTTAGATTCAGTTGCTCCTTCGAATTGGCAA
TTTGGGCAGACCTATGAGGGTAATGGAAATTTTATAG

Nucleotide

>MtrEXPA-23

ATGGCTATGTCTAACACTTTGGTTCCTTTGACCTTTTTTCATGATGCTCCTTGTACAG
ACCATGGCTGACATTGACCCAACTGGTACGATGCTCATGCAACCTTCTACGGTG
ATGCAGCGGGTGGTGAAACCATGCGTAAGTTATAAGTTATAACTATATTCTTAGA
TTTTTTTTTTGAGGTTTTTCATTATTCTTTAATAATAAATTATATATGGTATATTAT
GCAGAGGGAGCTTGTGGTTATGGTGATCTCTTCAAACAAGGGTATGGGCTTGCAA

CTACGGCGTTAAGCACTGCTCTATTCAATAATGGATTTACTTGTGGTGCATGTTTT
CAGATAACTTGTGTGCGACGATCCTCAATGGTGCATAAAGGGTGCAAGCCCTATCA
CGATAACCGCAACAAATTTTTGTCCTCCAGATTACAGCAAGACCACTGACGTTTG
GTGCAACCCTCCGCAAAAACACTTTGATTTGAGTTATAAAAATGTTTCACCTCTATTG
CCTATTACAAAGCAGGTATCGTCCCGGTTAAATATCGACGTGTTCCATGCATCAA
AAGTGGGGGTGTTAGGTTTGAAATCAAAGGAAACCCTAACTTTTTGCTTGTTTTG
GTGTTCAATGTTGCCAATGCGGGAGATGTTTCTAGTGTTAGTATCAAAGGGTCTA
ATACCGGATGGATTCCCATGTCACACAATTGGGGGCAAAATTGGAATACTGGAAT
GAATTTGGTAGGACAAGCCTTATCATTCCAAGTTACTACAAGTGGCGGAAAAACT
TTAGAGTTAGATTCAGTTGCTCCTTCGAATTGGCAATTTGGGCAGACCTATGAGG
GTAATGGAAATTTTTAG