

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

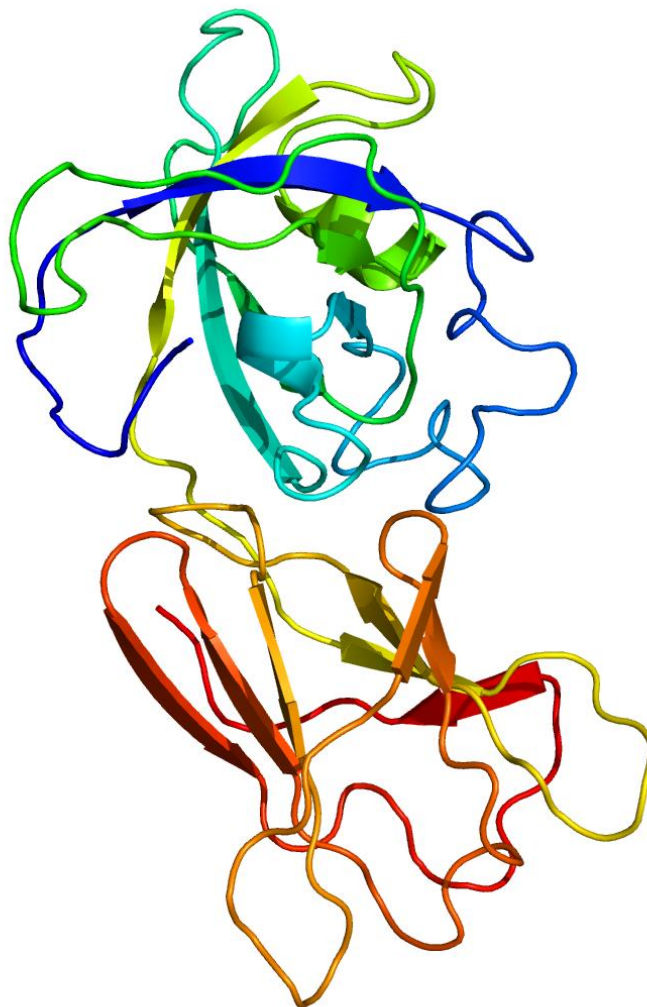
Locus: Medtr7g013120

Gene Model: Medtr7g013120.1

Description: MtrEXPA-22

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>

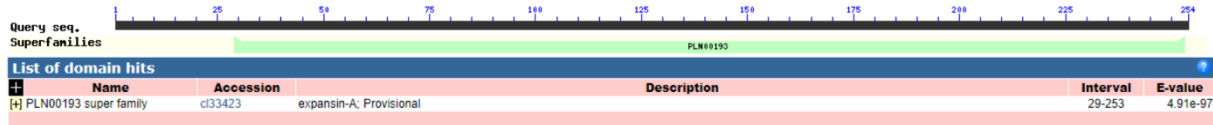
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>MtrEXPA-22

MALSHSLVPLTFFMMLLVQAMSNPIDLNWYDAHATFYGDASGAATMQGACGYGD
LFKQGYGLETTALSTALFNNGFTCGACYQIICVNDPQWCIKDAGPITVTATNFCPPNY
NKPTENWCNPLKHFDSLKMFYSIAYYKAGIIPVKYKRVPCVKSGGVRFELNGNPY
FLIVLVYNVANAGDVSHVSVRGSKTTGWISMShNWQNWDRVKLLGQSLSLVTT
SDGKMLGFVPSNWQFGQTYEGKQNF*

CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-22

ATGGCTTTATCTCACTCTTTGGTTCCTTTGACCTTTTTTCATGATGCTCCTCGTACAA
GCCATGTCAAATGGCATTGACTTAAATTGGTACGATGCTCATGCAACCTTTTATG
GTGACGCCTCTGGTGCTGCAACCATGCAGGGGGCTTGTGGTTATGGTGATCTCTT
CAAACAAGGATATGGACTTGAGACCACAGCACTAAGCACTGCTCTATTCAATAAT
GGATTTACTTGTGGTGCATGTTATCAAATAATTTGTGTGAACGACCCTCAATGGTG
CATAAAAGATGCAGGTCCAATCACAGTACTGCAACAAATTTTTGTCTCCAAAT
TACAACAAGCCAAGTAAAATTGGTGTAAATCCCCACTAAAACACTTTGACCTAA
GTTATAAAATGTTTACCTCTATTGCTTATTACAAAGCTGGTATCATTCTGTTAAG
TATAAACGTGTTCCATGTGTAAAAGTGGGGGTGTTAGGTTTGAACCTCAATGGAA
ATCCTTATTTTTTGATTGTCTTGGTGTATAATGTTGCCAATGCTGGTGATGTTTCTC
ATGTTAGTGTTAGAGGGTCGAAGACGACCGTTGGATTTTCGATGTCACACAATTG
GGGACAAAATTGGGACACTAGAGTGAAATGTTAGGACAAAGCTTGTCATTTCTT
GTTACAACAAGTGATGGAAAATGTTGGGTTTTCTTTTGTGTTCTTCGAATTG
GCAATTTGGTCAGACGTACGAGGGTAAGCAAATTTTTTAA

Nucleotide

>MtrEXPA-22

ATGGCTTTATCTCACTCTTTGGTTCCTTTGACCTTTTTTCATGATGCTCCTCGTACAA
GCCATGTCAAATGGCATTGACTTAAATTGGTACGATGCTCATGCAACCTTTTATG
GTGACGCCTCTGGTGCTGCAACCATGCGTAAGTTTCCCTTCTTCTTGCCAAGTTAT
TTTTTAATGACACCTGAATCTCAGTTAGATAAAGATCAGATGACTCATTTAATTTT
TTTTTTTTAATATAAGTTTTTTTATCTTCATTCGAACGTTGAGATCGCCCGTATG
TATGATTTCCATTTTCCCGAAAATTTTCGAGTCCCACACGAAATTAAGAAAAATC

ATTTTAAATTATTTTCTTTGTTAATATTATGATATAATGTATGATATTTAATTATGC
AGAGGGGGCTTGTGGTTATGGTGATCTCTTCAAACAAGGATATGGACTTGAGACC
ACAGCACTAAGCACTGCTCTATTCAATAATGGATTTACTTGTGGTGCATGTTATCA
AATAATTTGTGTGAACGACCCTCAATGGTGCATAAAAAGATGCAGGTCCAATCACA
GTGACTGCAACAAATTTTTGTCCTCAAATTACAACAAGCCAAGTAAAATTGGT
GTAATCCCCCACTAAAACACTTTGACCTAAGTTATAAAAATGTTTACCTCTATTGCT
TATTACAAAGCTGGTATCATTCTGTTAAGTATAAACGTGTTCCATGTGTAAAAA
GTGGGGGTGTTAGGTTTGAAGTCAATGGAAATCCTTATTTTTTGATTGTCTTGGTG
TATAATGTTGCCAATGCTGGTGATGTTTCTCATGTTAGTGTTAGAGGGTCAAGA
CGACCGGTTGGATTTTCGATGTCACACAATTGGGGACAAAATTGGGACACTAGAGT
GAAATTGTTAGGACAAAGCTTGTCAATTTCTTGTTACAACAAGTGATGGAAAAATG
TTGGGTTTTCTTTTTGTTGTTCCCTTCGAATTGGCAATTTGGTCAGACGTACGAGGG
TAAGCAAATTTTTAA