

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

Locus: Medtr5g076950

Gene Model: Medtr5g076950.1

Description: MtrEXPA-18

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

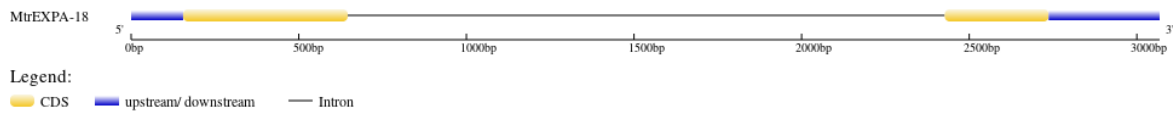
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula_Mt4_0v1

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

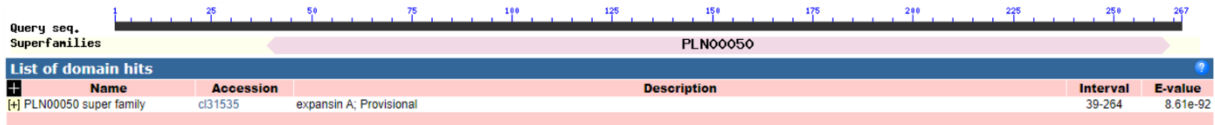
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>MtrEXPA-18

MLLTTFFFLFTLSSTTVTAHYSSSSSEPPPSQSSPSFTEWRSARATFYAQVDPRDTV
GACGYGDLTKAGYGMSTVGLSEALFERGQICGACFELRCVDDLRCIPGTSIIVTAT
NFCAPNYGFTVEGGGHCNPPNKHVFLPIDAFEKIAIWKAGNMPLQYRRIKCRREGGV
RFTVTGSGIFISVLISNVAGHGDIVAVKVKGSRTGWLSMGRNWGQNWGINALLQNP
LSFEVTSSDGKTVTAYNVAPKDWSFGQTFEGKQFDY*

CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-18

ATGTTACTTACAACATTCTTCTTTCTTTACTCTCATCAACAACCGTCACCGCT
CACTACTCTTCTTCTTCTTCTGAACCACCACCTTCTCAACAATCTTCCCCTTCTTTC
ACCGAATGGCGATCCGCACGCGCCACCTTCTACGCCAGGTAGATCCACGTGACA
CAGTCGGCGGCGCGTGTGGCTACGGAGACTTAACAAAAGCCGGTTACGGCATGT
CAACTGTTGGTCTTAGTGAAGCTTTGTTTGAACGAGGTCAGATCTGTGGCGCGTG
CTTTGAATTACGGTGTGTGGATGATTTACGGTGGTGTATTCCTGGAACCTCAATTA
TTGTTACTGCTACGAATTTCTGTGCGCCGAATTATGGGTTTACGGTTGAAGGTGGT
GGACATTGTAATCCTCCTAATAAGCATTGTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT
GATCGCTATTTGGAAGCTGGTAACATGCCTCTTCAAGTATCGTAGGATAAAGTGC
AGAAGGGAAGGTGGAGTCCGATTTACAGTCACCGGATCTGGTATCTTCATTTTCAG
TGCTGATCAGCAATGTTGCTGGCCATGGAGACATTGTTGCGGTGAAGGTTAAGGG
CTCAAGAACAGGTTGGCTTTCAATGGGTCGGAATTGGGGCCAAAACCTGGCATATA
AATGCGTTGCTACAGAATCAACCCCTTTCATTTGAGGTTACGAGTAGTGATGGGA
AAACAGTCACGGCTTACAATGTTGCGCCAAAGATTGGAGTTTTGGACAAACCTT
TGAAGGCAAGCAATTTGATTATTA

Nucleotide

>MtrEXPA-18

CACTGCCAGTGTCCCACCCATTGCATTAACAAAAAATAAAAATTAAGTATAACCC
ATCACTTTCACTTCCACTTTCTTTCTTCAATTTCTCACTCATCATTTCAATTCATTTTC
CCTCACTTTTCTTCTTCTTCAATTTCTTCACTGAGGAAATGTTACTTACAACA
TTCTTCTTTCTTCTTACTCTCATCAACAACCGTCACCGCTCACTACTTCTTCTTCC
TCTTCTGAACCACCACCTTCTCAACAATCTTCCCCTTCTTTCACCGAATGGCGATC

CGCACGCGCCACCTTCTACGCCAGGTAGATCCACGTGACACAGTCGGCGGGCGCG
TGTGGCTACGGAGACTTAACAAAAGCCGGTTACGGCATGTCAACTGTTGGTCTTA
GTGAAGCTTTGTTTGAACGAGGTCAGATCTGTGGCGCGTGCTTTGAATTACGGTG
TGTGGATGATTTACGGTGGTGTATTCTTGAAGCTTCAATTATTGTTACTGCTACGA
ATTTCTGTGCGCCGAATTATGGGTTTACGGTTGAAGGTGGTGGACATTGTAATCCT
CCTAATAAGCATTTTGTTCTTCTTATTGATGCTTTTGAGAAGATCGCTATTTGGAA
AGCTGGTAACATGCCTCTTCAGTATCGTAGGTATACTAGCTAACTACTCTTTTCGTT
TTGAGCTTTGCAATGGTTGTTGATTACTCGAATTGAAACTAATCTAATTGTTTGAA
GTGATTGTTGTTTCTAAATTCTAACAATTGTTGTGAAGCATGATCTCATAATATTA
AGCTTATTCAATTATAGTGTATTTACTATTTAATGAATATTTTCATGCTTAAAAAC
GAAGTTATAGGAGTAAGAGACAAAGTCTTTTAGGTAGCTTTAATATTCATGATAA
AATTACAATTACAATAGATATATAAATTATTGATATTGTTATTATATGTAGTTTGA
ACTTTGAAGCTACATTGAAATCTTGAATGCTAGTTTTAGTAATAAGGATTCTCTGC
CACTGTCTAGCAAAATCTTGGTAGTTGGATCTGAGCTTCAGCTCGATCCAACATA
CAAGATTTGATTGGGTTGGCTGCAAAGGTTTCTGGTTGTACATATTAGGGCACTT
GACAAATTCTACAAGAGTTTTGGATGTATAATCCATATCCCAAGTTAATGGAAT
TTGTGTTTTGTCATTAGCTTCTTAATTGACAACCTTTCTTTTCTAAGAAACAAGTCGT
TAATGGTTAATTTGTTAGGGAGAGAGGGTTTTTGTAGTAGCACTGAACTTCATG
CTTAATGCTCATTGTTTCAATCCATACCCTTACTGCTCCTCCAAGGATGC
ACACATTTCTCTTTGGAACCTTATGCTCTTAAGAGCTGAAATTTTGAAGAAAACT
TTCTAAAAGTAGTTGTGCCTTCTTAGTGCTAATGAAATTCAAGTAGCAAAGGGAT
GAAAGGGACTGAATTGACCATAAAGGCTTTGTTTGGGAGTTCACAGGGGAGGGG
AAGGGAGGGCTTTGAGGGATGGGAAAATATAGGGGGAAATGGAGAAATCTTTTA
CACATTTTGTAAATAGTATTTTTTTTAGAGAATAATAAATTAATGTTTATGATTAAT
ATATTTTAAATTTAAGAATATTATAACAGCATAGATTGATTTGAAGAATTCTTAT
AAACCCCCAAAACCCTCAAATACAATTTTTGAGTTCCTCAAATTAATGGGATT
TTGTATTATGAAGAAAATGAACCCCCAAAGCCCTCCGCTCCCAAACCTACTAT
TTCTAACACTTGCTCCTTTCTTTTCTCAAAGCACTCCCCTCCCTTCTCCTCAAAC
TCGCAAACAAAGCCTAAAGGAAAATAGGATAGTAGTAAGTGTATTTATCTCAGA
AAAGCTTAATGCAAAATGTTTTGCTCCATTATGAGTGGCAAACCTGACAGCTGATG
AGACTAATGACATGCTACTCTCCTAACATTCTTCCATACATAGAATTC AATTAGTA
CCAGCCTTATCTTCATACAATGTTAATGCTAAAAGATCTCAAGTAAATTCCTGTAG
ATAATGAGAAGGGAACAATGTGCAAGTGAATTTTGCAAGCAAGTACATTAGGG
CTGAGTGTGCATTGCAGGTAGCATGCCCGTTTCAAACCTGTGTACGAAACAGGCTG
GGCTAGAAAAGACCGCAAAATTAACGGTCTACTAAAATAGACCCGTGTTTGCACC
ATTTAAACCGTGGGTTAACGAGCCAAGCATAGCTAATAAAGGAACTTGTGGTTAG
AAGATGAACAATACACCCCAACAGCTCTCATTATGCTACATCATTTACTTTTGG
AAGAGACAATCAAACAAGTTTTACTTAGTTTACTTAAAAAACTTGATTTTCGTTT
TATTATTTAATTTGAATGTTGTGTTCTGTTTGGAGCAGGATAAAGTGCAGAAGGG
AAGGTGGAGTCCGATTTACAGTCACCGGATCTGGTATCTTCATTT CAGTGCTGATC
AGCAATGTTGCTGGCCATGGAGACATTGTTGCGGTGAAGGTTAAGGGCTCAAGA
ACAGGTTGGCTTTCAATGGGTCGGAATTGGGGCCAAAACCTGGCATATAAATGCGT
TGCTACAGAATCAACCCCTTTTCAATTTGAGGTTACGAGTAGTGATGGGAAAACAGT
CACGGCTTACAATGTTGCGCCCAAAGATTGGAGTTTTGGACAAACCTTTGAAGGC
AAGCAATTTGATTATTA AAAAGCCAAACGAAGAAAACCTATTTCAAGGGACCAG
TCTCTTTCCCTTTCCCATTTCCAATTTTTTTACCCCAATATTATAGGTCTACTTACC
GGTGGTGTCTTTTACATTTTTATTATTTTAGTTTTTTAGAAAGACTTGTAGAGTAGA

TAGTAATTGATTTGGTGGTTTGTAAGATTGTCAATGTGATGGTGTAACTTCCATC
TTTTATCTTAGGAGTTTATTGTATGAAGATATAACCTTGTTGGTCAACAACAAAAG
AGGAATTAACACGTTGTACATGCTTGAGGCTTTTATTAGAACGTATGATCCTACT
AACTTATTAACAA