

## IDENTIFICATION

**Species:** *Medicago truncatula*

**Locus:** Medtr7g111010

**Gene Model:** Medtr7g111010.1

**Description:** MtrEXPA-27

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula\\_Mt4\\_0v1](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula_Mt4_0v1)

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

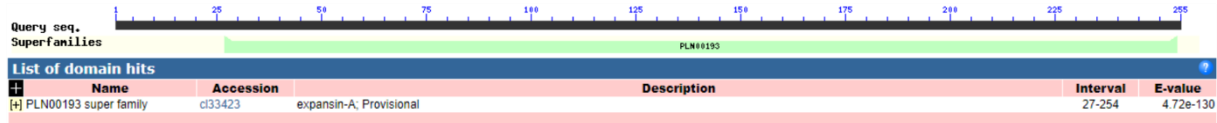
## EXTERNAL RESOURCES

-

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>MtrEXPA-27

MEKLIICVLLLLMNMVTTTELRVESAVWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYTD  
GYGIKSAALSTALFNDGKSCGGCYQIVCDARQVPQWCLRGTSITITATNFCPPNFALP  
NDNGGWCNPPRPHFDMSQPAFQTIKYRAGIVPILYRRVGCKRSGNIRFTINGRDYFE  
LVLISNVGGGGEISKVWIKGSKKNKWEPMSMNWGANWQSLSYLNGQSLSFRIQLKN  
GKTRTAINVAPSNWRFGQSYKSNVQF\*

### CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-27

ATGGAAAAATTAATTATATGTGTTCTTATATTGTTAATGAATATGGTCACTACAGA  
ACTCAGAGTAGAATCTGCTGTTTGGCAGTCAGCTCATGCAACTTTCTATGGTGGGA  
AGTGATGCCTCAGGAACAATGGGTGGTGCATGTGGTTATGGAAATCTGTACACAG  
ATGGATATGGTATAAAATCAGCTGCATTGAGTACTGCTTTGTTAATGATGGGAA  
GTCATGTGGTGGTTGCTATCAGATAGTTTGTGATGCAAGGCAAGTTCCTCAATGG  
TGTCTCAGAGGCACTTCCATCACTATTACTGCCACAAATTTTGTCCACCAAACCTT  
TGCACTCCCTAATGACAATGGTGGTTGGTGTAAATCCCCCTAGACCTCACTTTGATA  
TGTCTCAACCTGCCTTTCAGACTATTGCCAAATACAGAGCTGGAATTGTTCCCAT  
TTGTATAGGAGAGTTGGGTGCAAAGAAGTGGAAACATAAGATTTACTATAAAT  
GGGAGAGACTATTTTGAGTTGGTTCTTATAAGTAACGTAGGGGGAGGTGGAGAG  
ATTTCAAAGTTTGGATAAAAGGATCAAAAAGAATAAATGGGAACCAATGTCA  
ATGAATTGGGGTGCTAATTGGCAAAGCCTAAGCTATCTCAATGGTCAAAGCTTAT  
CATTTAGAATTCAACTCAAAAATGGGAAGACTCGTACAGCTATTAATGTTGCACC  
TTCCAACCTGGAGATTTGGCCAGTCTTACAAAAGTAACGTTCAAGTTCTGA

### Nucleotide

>MtrEXPA-27

ACAAAAAAAATTAGAGCAATTCCTATTTGATTTTTTCAGAGAACTAGAGAGAAA  
GAGAAATTAAGAGAATGGAAAAATTAATTATATGTGTTCTTATATTGTTAATGAA  
TATGGTCACTACAGAACTCAGAGTAGAATCTGCTGTTTGGCAGTCAGCTCATGCA  
ACTTTCTATGGTGGAAAGTGATGCCTCAGGAACAATGGGTAATTGCTTCTTTT  
GATTAACCTTTATTCAAGTGTTATAATCAAATAGTTAAGTATATAACTTAATTTGA  
TTAACTTGTAGGTGGTGCATGTGGTTATGGAAATCTGTACACAGATGGATATGGT

ATAAAATCAGCTGCATTGAGTACTGCTTTGTTTAATGATGGGAAGTCATGTGGTG  
GTTGCTATCAGATAGTTTGTGATGCAAGGCAAGTTCCTCAATGGTGTCTCAGAGG  
CACTTCCATCACTATTACTGCCACAAATTTTTGTCCACCAAACCTTGCCTCCCTA  
ATGACAATGGTGGTGGTGTAAATCCCCCTAGACCTCACTTTGATATGTCTCAACCT  
GCCTTTCAGACTATTGCCAAATACAGAGCTGGAATTGTTCCCATTTTGTATAGGA  
GGTATGTTTTAAATTTCTTCCCTTAAACTATAAAGTCAAATTCTTATCACTGAAC  
TGACACTTTCACAAACAATCAAATATTTATAGTGATTACACTCCGTTGCATGTCAA  
TTAAATCTTTAAATATGTTTTTGTGATGCAAAGTTTTGTTGTATTTATGCAGAGTTGG  
GTGCAAAGAAGTGGAAACATAAGATTTACTATAAATGGGAGAGACTATTTTGA  
GTTGGTTCTTATAAGTAACGTAGGGGGAGGTGGAGAGATTTCAAAGTTTGGATA  
AAAGGATCAAAAAGAATAAATGGGAACCAATGTCAATGAATTGGGGTGCTAAT  
TGGCAAAGCCTAAGCTATCTCAATGGTCAAAGCTTATCATTTAGAATTCAACTCA  
AAAATGGGAAGACTCGTACAGCTATTAATGTTGCACCTTCCAAGTGGAGATTTGG  
CCAGTCTTACAAAAGTAACGTTTCAGTTCTGA