

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

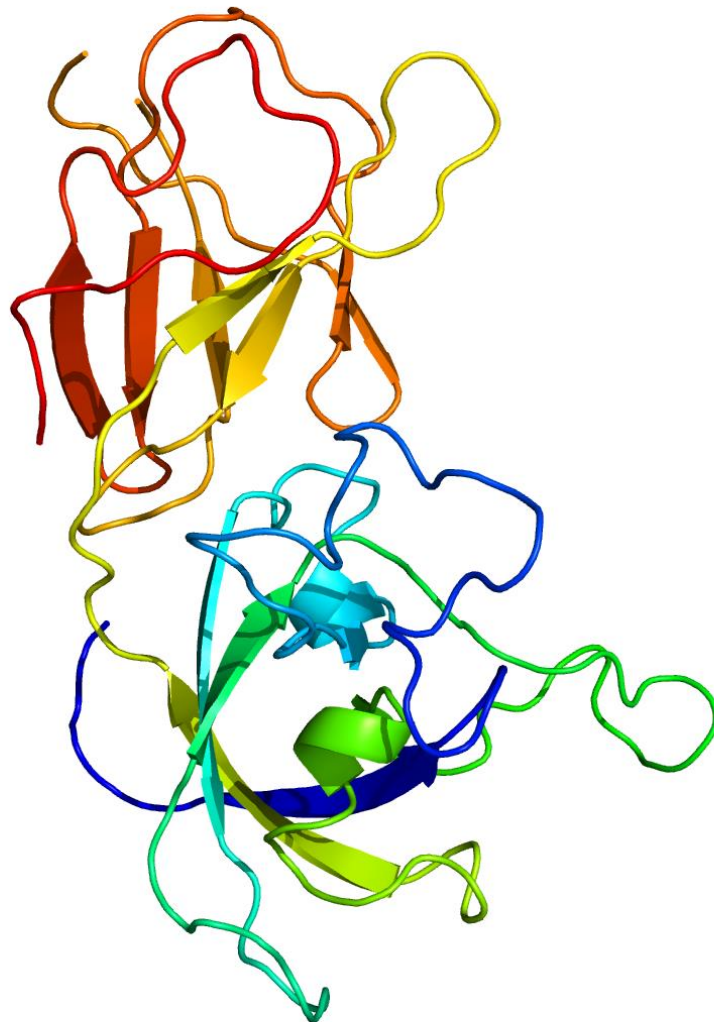
Locus: Medtr4g081950

Gene Model: Medtr4g081950.1

Description: MtrEXPA-12

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>

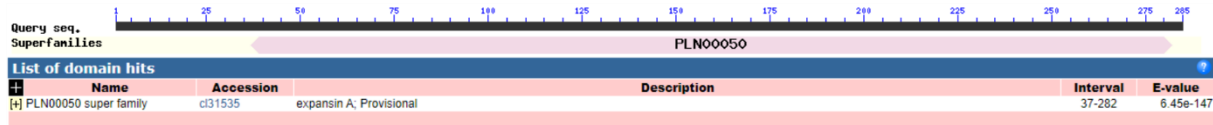
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>MtrEXPA-12

MWDSRSFHVALPPTLFTSHIKLIAFVSDYLPLTIKEMAFIGLVLVCSLTMFSSVYAYGG
GWTNAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQGYGTNTAALSTALFNGLSCGSCY
EIRCANDHRWCLPGSIVVTATNFCPPNNALPNNDGGWCNPPLQHFDLAQPVFLRIAQ
YKAGIVPVDFFRRVSCRKGGIRFTINGHSYFNLVLITNVGGAGDVHAASIKGSKTGW
SMSRNWGQNWQSNLYLNGQSLFKVTTSDGRTVVSNNVAPAGWSFGQTYTGAQIL
*

CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-12

ATGTGGGACTCGAGAAGTTTTACGTGGCACTCCACCAACACTCTTCACTTAC
ACATCAAATAATTGCTTTTGTCTCTGACTACCTTCCTTTGACTATCAAAGAAATG
GCTTTCATTGGCTTGGTTTTGGTGTGTTCTTACTATGTTCTCCTCTGTTTATGCC
TATGGTGGAGGATGGACTAATGCACATGCTACCTTCTATGGAGGAAGTGATGCAT
CAGGAACAATGGGTGGGGCTTGTGGATATGGTAACCTTTACAGTCAAGGGTATGG
AACAAACACTGCTGCTTTGAGTACAGCACTTTTCAACAATGGCTTAAGCTGTGGC
TCTTGCTATGAAATCAGGTGTGCCAATGACCATAGATGGTGCCTTCCTGGTTCCAT
TGTGGTCACTGCCACCAATTTCTGTCCACCAACAATGCCTTACCAAACAATGAT
GGTGGTTGGTGTAAACCCTCCTCTCCAACATTTTGATCTTGCTCAACCTGTGTTTCTT
CGAATTGCTCAATACAAAGCTGGAATTGTTCTGTTGATTTTAGAAGGGTGTCAT
GTAGGAGAAAGGGAGGTATAAGGTTCACTATCAATGGACATTCTTATTTAACCT
AGTTCTTATCACAAATGTTGGTGGTGTGGAGATGTACATGCTGCATCCATCAA
GGGTCAAAAACACTGGTTGGATATCTATGTCAAGAAACTGGGGACAAAACACTGGCAG
AGCAACAATTATCTCAATGGTCAAAGTTTGTCTTTTAAGGTTACAACACTAGTGATG
GTCGTAAGTTGTTTCCAATAATGTTGCTCCAGCTGGATGGTCTTTTGGTCAAACC
TAACTGGTGTCAAATCCTCTAG

Nucleotide

>MtrEXPA-12

ATGTGGGACTCGAGAAGTTTTACGGTGAAGTTCTTTAATACACGTAAGTCTCTTTT
TTGTACATTAATACATGTAGTCTACTCTCACATAAATAAGCAAAAGTATTGGAT
GGTTTCAATTTTGAAGAGAAATGATATTTTATAACTATTTTATGATAATTTTTT

GACAATTTTTTTTTTATATTTATATGATGTTTTTTTTTCTTTCTCTATTGTTTTTGA
CCAATAAAAAAAGAAAAAATAAAGTTATCATCAAAGATATCATAAAATGGATG
TACATATATCGCTAATGAGAAATATGCAACAATAAAAAAATCTAACTATAAAGA
ATAAATAACTAACTATATTGGTGGCAATGATACATGCTTACTTTCTCTGTTATTTT
TTACTAGTTATTTTAGAGTTTTATACATTTTGTATTTTTTAAATAGTTATTTATCCT
TTTCTTATACATTTTGCTAACTAGTTTTCTTTTGCAATAAATAAATTTAAAATAATAT
TGATAAAATAATAATTAATGTTGTATTTGAAAACACTACAAATGAATAAGAGTTTTT
TTTTAAACAAACACGACAAATAGAAAAGAAGTGACTCAATATCTGTATTAACGTT
TTCTAAATTTTGAAATCCAACCTCCGACATTATCAAATCTCCTTACTCAACTCATT
ATTTATTTTTTTCATTTAAAAAAGAGATGAAGAATCATTATTTTCTTTTG
CTTATGACACAATACAATACACACTTCCAATTATTTGAAATTTGAAAAGCTTTAA
CTAACCACCTCTACTCTAACCTGTATTTGGTCCAAGGTCCAAACAGTTCAAAGA
GTTAGTTAAAATTGTTAAGAGTGGTCCCATGCTATTCTCCCCAAACCTCCTCTT
CAAGGTCTATAAATTAAGTGGCACTCCACCAACACTCTTCACTTCACACATCAA
ACTAATTGCTTTTGTCTCTGACTACCTTCTTTGACTATCAAAGTAATTTCTTTTT
CACATTGCTCCTTCATTTGAACGCTAAAGTTCATATCCTTAGCCAAATTTATGTAC
TAAATGTGTTTTAAGGAAATGTCTCATTGTTTTCTTTTGTACATTGAAACAGGAA
ATGGCTTTCATTGGCTTGGTTTTGGTGTGTTCTTACTATGTTCTCCTCTGTTTAT
GCCTATGGTGGAGGATGGACTAATGCACATGCTACCTTCTATGGAGGAAGTGATG
CATCAGGAACAATGGGTATGCACCATTTTCAATAAAAACCAATACTTGAATAA
AGTTTTGATTTTTATGCTTCTTTGTAAAAAACAGATC
TTGAAGCAAAAACAAGTAACCCATTTCACTCATTTTGTTGTTTTTTGTGTTTGT
TGTGTAGGTGGGGCTTGTGGATATGGTAACCTTTACAGTCAAGGGTATGGAACAA
ACACTGCTGCTTTGAGTACAGCACTTTTCAACAATGGCTTAAGCTGTGGCTCTTGC
TATGAAATCAGGTGTGCCAATGACCATAGATGGTGCCTTCCCTGGTCCATTGTGG
TCACTGCCACCAATTTCTGTCCACCAACAATGCCTTACCAAACAATGATGGTGG
TTGGTGTAAACCCTCCTCTCCAACATTTTGATCTTGCTCAACCTGTGTTTCTTGAAT
TGCTCAATACAAAGCTGGAATTGTTCCCTGTTGATTTTAGAAGGTAGGTTGCTTTTG
TCAAGCATCTACGTTTTTTTATATAAATTTTCAATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT
TGTATTTGGTATATACTAATTTGTGTCTTGGTTTTGTGTAGGGTGTGCATGTAGGAG
AAAGGGAGGTATAAGGTTCACTATCAATGGACATTCTTATTTAACCTAGTTCTTA
TCACAAATGTTGGTGGTGGTGGAGATGTACATGCTGCATCCATCAAAGGGTCAA
AACTGGTTGGATATCTATGTCAAGAACTGGGGACAAAACCTGGCAGAGCAACAA
TTATCTCAATGGTCAAAGTTTGTCTTTAAGGTTACAACACTAGTGATGGTCGTACTG
TTGTTTCCAATAATGTTGCTCCAGCTGGATGGTCTTTTGGTCAAACCTACACTGGT
GCTCAAATCCTCTAGAGCATGGTCAAATCCAGTTTCAAGTTTAGAAATACTACTA
CACATTTAAGTATTGTAGTAAAGATTAGTAGTTTAGTACCTCAATAGTATACTAG
GATATTAATAGTATGCTGCTAGGGAAAATGGGTTTTGGTTGTTTTAGAGGCCAAT
GAAGGGCATATTTAAAATGGTCCCTCAATTTATGGCTCTTTGGTTATTGTGGTGT
TTTGGTTTTTGTACTTTTGGAGATGTTTTTTGACCATTCTGCTGTTAATATAGCAGAA
GGGAACTTTTTCTTTATCTTTGTGGTTGAACTACTAAATTGGAGGAGGTGGAAAT
GGATACCACCCGCTATATTTAGTATTAGGGTAGTATCCTTTATTTGTTTTTTCATTT
TCGGAGTGTGTAAGCATTCTTTGCTTGCTTATCCTTGTAATCAGCCTTGGCTGGG
TGGGATATATCTTTGGTTGTATTAGAGAGTGAATGTGTAAAGCTTCTTAATGAAA
TTTAAGTAATTTTACTAGTATT