

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

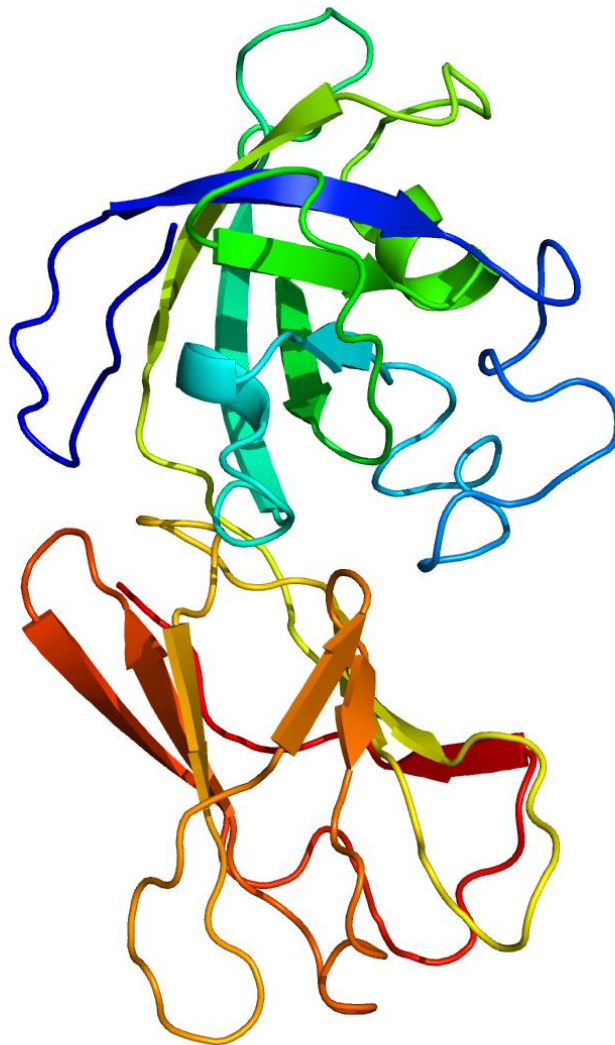
Locus: Medtr4g102450

Gene Model: Medtr4g102450.1

Description: MtrEXPA-13

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

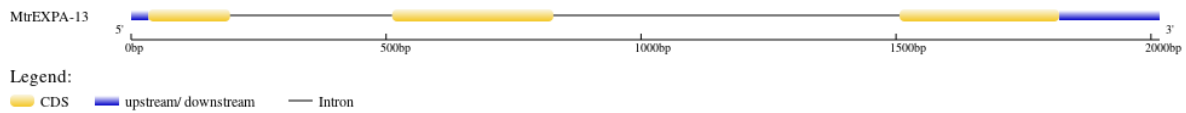
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula_Mt4_0v1

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

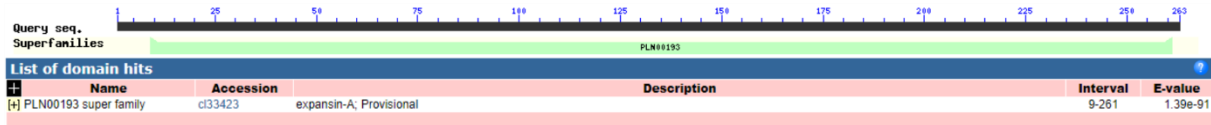
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>MtrEXPA-13

MAAIYQYCSLFITLTLMLTIIGKPALVMGTFQSPWTLAHATFYGDETASATMGGAC
GYGNLFVNGYGTDTAALSSTLFNNGYACGTCYQIKCVQSSACNTNVPYTTVTATNIC
PPNWSQASDNGGWCNPPRSHFDMSKPAFMKIAQWKAGIVPVMYRRVPCVRSEGFRF
SFQNGYWLLVYVMNVGGGGDIANMWVKGSRGTGWISMSHNWGASYQAFATLSGQ
TLSEKITSYTTKETIIAWNVAPSNWGAGLTYSTHVNFH*

CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-13

ATGGCTGCAATCTATCAATATTGTAGCTTGTTTATTACACTTACATTGATGCTCAC
AATCATTGGAAAGCCAGCTTTAGTAATGGGCACATTTCAACCCAGTCCATGGACT
CTTGACATGCCACATTTTATGGCGATGAGACAGCTTCTGCCACCATGGGAGGAG
CATGTGGGTATGGGAATTTGTTTGTGAACGGTTATGGGACAGACACAGCAGCATT
GAGTTCAACATTGTTCAATAATGGGTATGCATGTGGGACTTGTTATCAAATAAAA
TGTGTTCAATCGAGTGCATGTAACACCAATGTTTCTTACACTACAGTCACTGCCAC
AAATATTTGCCCTCCTAATTGGTCTCAGGCCTCTGATAACGGTGGATGGTGCAAC
CCACCACGTTACATTTTGACATGTCTAAGCCTGCTTTCATGAAAATTGCTCAGTG
GAAGGCTGGTATCGTCCCTGTTATGTATCGCAGAGTACCTTGCCTGAGAAGTGAA
GGATTTGATTCTCTTTCCAAGGAAATGGATATTGGTTATTGGTGTACGTGATGAA
TGTGGGAGGTGGAGGTGATATAGCAAACATGTGGGTTAAAGGAAGTAGAACAGG
ATGGATTAGCATGAGCCACAATTGGGGTGCTTCTTACCAAGCATTGCAACACTT
AGTGGCCAAACTCTTTCTTTCAAGATTACTTCTTACACAACCAAAGAACTATAA
TAGCTTGAATGTTGCTCCTTCCAAGTGGGGTGCTGGACTAACCTATTCCACACAT
GTCAATTTTCATTGA

Nucleotide

>MtrEXPA-13

AATCACATTCATTAATTTATACAGAATCTTAACAATGGCTGCAATCTATCAATATT
GTAGCTTGTTTATTACACTTACATTGATGCTCACAATCATTGGAAAGCCAGCTTTA
GTAATGGGCACATTTCAACCCAGTCCATGGACTCTTGACATGCCACATTTTATG
GCGATGAGACAGCTTCTGCCACCATGGGTAAGTTATATATATATATATATTTTCAGCA
ATTGATGTATAAGCCAAAATCAATCTCGCTATCACTTAGAACAAATCATTGAGAA

GAATCTATGTTTGAATCATAACTAAAACAATGTTTGACCAAACCTTACCTCGCGA
CCCCGAACCTAGATTACTAGGGTGGGTTAAGACAAAAAAAATTATAATCTTAA
ATAGTTTGTAAATTGGTCATTAGAATTACCACGATTAATACTACTAATTTTCCCTT
AAATAAATGTTACTTTACATTAACATGTTTTTTGTTGTAACATAATAAAATTTGAC
GGACTTATTAAGGAGGAGCATGTGGGTATGGGAATTTGTTTGTGAACGGTTATG
GGACAGACACAGCAGCATTGAGTTCAACATTGTTCAATAATGGGTATGCATGTGG
GACTTGTATCAAATAAAATGTGTTCAATCGAGTGCATGTAACACCAATGTTTCCTT
ACACTACAGTCACTGCCACAAATATTTGCCCTCCTAATTGGTCTCAGGCCTCTGAT
AACGGTGGATGGTGAACCCACCACGTTACATTTTGACATGTCTAAGCCTGCTT
TCATGAAAATTGCTCAGTGGAAAGGCTGGTATCGTCCCTGTTATGTATCGCAGGTA
ATTAACAAATCTAGCTTATTTGCTCCACATATATATAAAATATAGAATGGATTAA
TAACAAAAGGGCGATCCATGTTTTCTAATGTCACGTAACCATGCATTTGATTTTGT
CACGTGATCTATCTAGAATATCGTATTA AAAATCAAACGGTCCACGTTTCAAATTT
GGTAAATCAAATTC AAAATATAAAGTGAAAACGTGAGTCATCGGATCTTGATCCA
ACATGATTGTGTGGACAGACCGTCTGTTCCGGTCCACATGATTTTGACCGTCGGAT
CAAAATCAGACATTCCACGTTTCAACTTTGATGAATTTAATCCAAGAGTAGTTATT
TGATCCTTATCTAATGATCCAAATTGACATCTGCATGATTGCATGGACATAGAGT
CCATATTTTCTATGGTCATAATAATGACTCAGTTGATGCAGTTATGTGATATAAAC
GGTCAAATCAAAAAGAGGTAGTTCATGCTTAAGCTTTAGTAAATTGCGTCTAAAA
TGTGAAGTTGAAATATGAATCATCCAATCTTGATACAATATAGGTCAACAACCTGC
ATGATTTTGTGATCCAAATTCAACCTTTTTTCTTGATAAATTAATGTGTTGCATCAT
TTGTCATTGGCTTGAGTGATATCATACTTACAATGTGATTTGTTGATAAAAATTTG
AATTTCTTAGAGTACCTTGCGTGAGAAGTGAAGGATTTTCGATTCTCTTTCCAAGG
AAATGGATATTGGTTATTGGTGTACGTGATGAATGTGGGAGGTGGAGGTGATATA
GCAAACATGTGGGTTAAAGGAAGTAGAACAGGATGGATTAGCATGAGCCACAAT
TGGGGTGCTTCTTACCAAGCATTGCAACACTTAGTGGCCAAACTCTTTCTTTCAA
GATTACTTCTTACACAACCAAAGAACTATAATAGCTTGGAATGTTGCTCCTTCC
AACTGGGGTGCTGGACTAACCTATTCCACACATGTCAATTTTCATTGAAGTATGTT
GCCATCAGTGCTCATCCTTTTAATTTACTTGTTTAAATACACCACGGTTATATATT
TTTATCTGTTGTGATTAATTTTCCACAATCAAAGAGACTTTTTTGTAGTTTTACAA
ATCTGAAAGTGAAATGTAAACTCAATGTAATCGAGAGATTAATTAATCACTATGC
AATGATATTATCAAATTCTTTA