

## IDENTIFICATION

**Species:** *Medicago truncatula*

**Locus:** Medtr5g075320

**Gene Model:** Medtr5g075320.1

**Description:** MtrEXPA-17

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

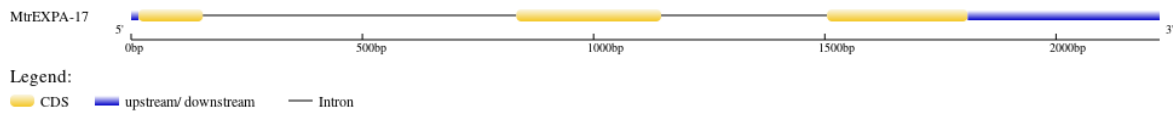
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula\\_Mt4\\_0v1](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula_Mt4_0v1)

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

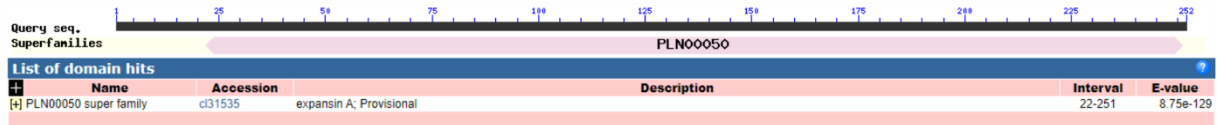
## EXTERNAL RESOURCES

-

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>MtrEXPA-17

MASSTLIAMFFLFIEMHFHGVIANYGWQSGHATFYGGGDASATMGGACGYGNLY  
NQGYGTNTAALSTALFNGLSCGACYEMRCVGDPRWCKHSTIVVTATNFCPPNSAL  
PNNNGGWCNPPLQHFDMAEPAFLQIAQYKAGIVPVSFRRVSCIKKGGIRFTINGHSYF  
NLILITNVAGAGDAHAVSIKGSKTSWQPMSRNWQNWQSN SYLNGQSLSFKVTGTD  
GRTVTSYNVAPANWQFGQTFHGSQF\*

### CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-17

ATGGCATCTTCTACTTTGATAGCTATTATGTTCTTTCTCTTCATTGAAATGCACTTT  
CATGGTGTCAATTGCTAACTATGGCGGTTGGCAGAGTGGTCATGCCACTTTCTATG  
GTGGTGGTGATGCTTCTGCTACAATGGGAGGTGCATGTGGTTATGGAAATTTGTA  
CAATCAAGGATATGGAACAAACACTGCAGCACTAAGCACAGCTTTGTTCACAAT  
GGTTTGAGCTGTGGGGCTTGTTATGAAATGAGGTGTGTTGGTGATCCAAGATGGT  
GCAAACATAGCACCATTGTTGTTACTGCCACAACTTTTGTCCACCAAAATTCTGCT  
TTGCCAAACAACAATGGTGGTTGGTGTAAATCCTCCCCTACAACACTTTGATATGG  
CAGAACCTGCTTTCCTTCAAATTGCTCAATATAAAGCTGGAATTGTGCCTGTATCA  
TTTAGAAGAGTGTCAATGCATAAAAAGGGAGGAATAAGGTTCAACAATCAATGGC  
CACTCTTACTTCAACTTGATTTTGATCACCATGTTCGCGGGAGCAGGAGATGCC  
ATGCAGTGTCAATCAAAGGGTCCAAAAGCTAGCTGGCAACCCATGTCAAGAAATT  
GGGGCCAAAAGCTGGCAGAGCAATTCCTACCTTAATGGACAAAGCCTCTCTTTTAA  
AGTAACCACTGGTGTGGTAGAACTGTGACAAGCTACAACGTGGCACCAGCTAA  
TTGGCAATTCGGTCAGACCTTTCACGGGAGTCAGTTTTAG

### Nucleotide

>MtrEXPA-17

CAAACTGCACATTCAATGGCATCTTCTACTTTGATAGCTATTATGTTCTTTCTCTT  
CATTGAAATGCACTTTCATGGTGTCAATTGCTAACTATGGCGGTTGGCAGAGTGGT  
CATGCCACTTTCTATGGTGGTGGTGATGCTTCTGCTACAATGGGTGAGTTTAGCCT  
CTATTTTGTTAACAAAAGTACAGATTTTAAATCACATGGTGTAGTAGTAATAGC  
AGTAGTGTCAAGTGTCAACATAGTTTAAAATTGTCTGAAAACAGTTT TAGAGGTTT  
CTGCCATCCGTAACCACAATTCTAGCCACATTTTCCGCAATATAAAGGTTTGCAT

CGTAACCACAATAACAAATTA AAAACCATGTACGTCATGATCCGTGATATTTTGAA  
AAATTTATGTTAAATGCGATTTAGACAATCAGTTGTCGTCTCAAATACATGAAAA  
ACCTTAATATGGTGGTCTAGATCGATGTTGTGGACCTTTTTTCAATGTTAGTTTGT  
TTATTAGAGAATATGGTTATTGAGAAAGCATCGGGGGTGATGAAATTGAGGGTG  
ATGCAGTTGATGAAATTGAAGATTTTCTATCACGCTGTCAGATAATGACACCAT  
TTTCTAGTAAAAGGTCATTCTGGATTACACCGATTAGATCAAAAACCCAAAAGT  
ATCCCTTGAGATTAATAGAAAACATAACTTTAGATGCGCTGACTTTCCACTCGG  
GTTTGGTTCTTGTCCCCTTGTAATTTTATTTTTTATTTCTTTTTTGCTTTAAAAAAA  
AAAAAAAAGTAGATGATTGTCTTTACTTATAATAGTTTTGTGTTGATGCATGTATA  
GGAGGTGCATGTGGTTATGGAAATTTGTACAATCAAGGATATGGAACAAACT  
GCAGCACTAAGCACAGCTTTGTTCAACAATGGTTTGAGCTGTGGGGCTTGTTATG  
AAATGAGGTGTGTTGGTGATCCAAGATGGTGCAAACATAGCACCATTGTTGTTAC  
TGCCACAAACTTTTTGTCCACCAAATTCTGCTTTGCCAAACAACAATGGTGGTTGGT  
GTAATCCTCCCCTACAACACTTTGATATGGCAGAACCTGCTTTCCTTCAAATTGCT  
CAATATAAAGCTGGAATTGTGCCTGTATCATTTAGAAGGTATGTAAAAGCCATCA  
ATTTGGTATGTTTTCAAGCTTTAAAAGGTTATAGAAAGTTGAAATAACGACAGAA  
ATTAGAGACGGAAAATAAAAATTGATCACCAAATTGGACGCTCCAAGACTTAGA  
GAGAGACCTCTAAAATAAAGACTTCGAGACAGATTTTAGCTTTTAACTCTCTAAA  
TTTCTTCTTCATTACAACTTTTTCTGTAGTTTATGCACCTATAAATGATCAATTCT  
ATCATATTTTAGTTCTGCATAACATGACGTGGAGACGGTGCTTTCATCTTTTGTA  
ATTTGTTGTTCTAATTTTCTGCAAACTTACTGAGTTTTATTTTCCTTATTTGGTGAT  
GATTGAAGAGTGTGCATGCATAAAAAAGGGAGGAATAAGGTTTACAATCAATGGC  
CACTCTTACTTCAACTTGATTTTGATCACCAATGTCGCGGGAGCAGGAGATGCC  
ATGCAGTGTCAATCAAAGGGTCCAAAACCTAGCTGGCAACCCATGTCAAGAAATT  
GGGGCCAAAACCTGGCAGAGCAATTCCTACCTTAATGGACAAAGCCTCTCTTTTAA  
AGTAACCACTGGTGATGGTAGAACTGTGACAAGCTACAACGTGGCACCAGCTAA  
TTGGCAATTCGGTCAGACCTTTCACGGGAGTCAGTTTTAGACTTTCGTAAAATGTG  
GGGCAGGTTAGTGAAAAAGTTTGTAGGTATTAATTA AAAAGTCAATTCTGTTATAG  
ACCTCTTTTGATAGATGGTATATAGTGTATTAACATTTAAAAATCGTCTTGCGGCT  
TTGGAATAGAAGGGATTGTGGAGTTGAGTTTCAATCATGTCATTTTTTTTCATGGAC  
TCAAGTTGGTTGTAGACCAGTTTAATAGACACTCTCGGGATTAGACGGAAGTAGG  
CGCTATTCTTGTGTCATGTAGGAGCCTAATTGGTTTATGTAACAACCTTTGTGTGG  
AGTTTTCTAGGCAGTCAATGCAATTTCTCATCTTTATTGTGATGTTTCAACATGTA  
TTGATCATTTGATCTTTAATTATATGAATTAGTTTTCTCTTGTAAAACAACCTATAT  
TTAAAAAT