

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

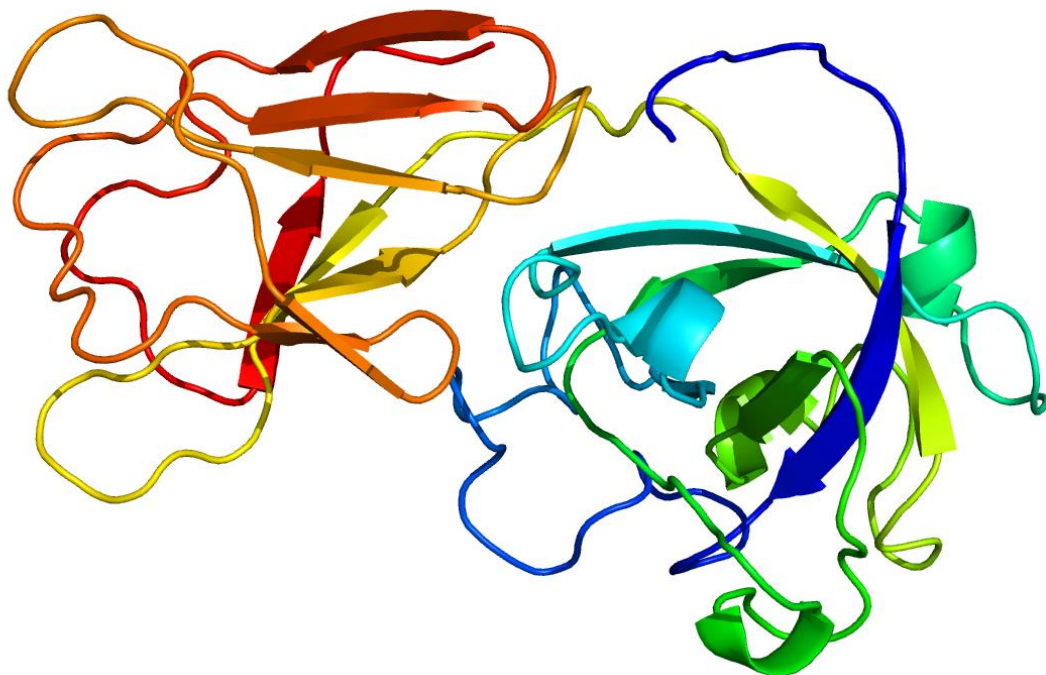
Locus: Medtr7g013150

Gene Model: Medtr7g013150.1

Description: MtrEXPA-24

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>

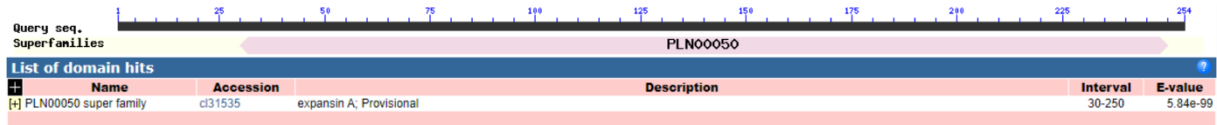
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>MtrEXPA-24

MAMSHSFVPIIFFMMFLIQVMSTSSIDLKWDYDAHATFYGDAAGGETMKGACGYGDL
FKQGYGLATAALSTALFNGLTCGACFQFCVNDPKWCIKGAHPITITATNFCPPDYS
KTHDVWCNPPQKHFDLSYKMFTSIAYYKAGIVPVKYRRVPCIKSGGVRFELKGNPNF
FLVLVHNVANAGDVSRSVSIKGSKTSWISMSRNWQNWHPGSNFVQGALS FQVSTSD
GKTLTFDSVPSNWQFGQTYQAKGNF*

CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-24

ATGGCTATGTCTCACTCTTTTGGTTCCTATCATCTTTTTCATGATGTTTCCTCATA
GTCATGTCAACTAGCAGCATTGACTTAAAATGGTACGATGCTCATGCAACCTTCT
ATGGTGACGCAGCTGGTGGTGAAACCATGAAGGGAGCTTGTGGTTATGGTGATCT
CTTCAAACAAGGATATGGTCTTGAACCGCAGCACTAAGCACAGCTCTATTCAAT
AATGGACTTACTTGTGGTGCATGTTTTCAAATATTTTGTGTCAATGACCCTAAATG
GTGCATAAAGGGTGCACACCCAATCACGATAACCGCAACAAATTTTGTCCCTCCA
GATTACTCTAAGACTCATGATGTTTGGTGTAACTCCTCCGCAAAAACACTTCGATTT
AAGCTATAAAATGTTACCTCTATTGCCTATTACAAAGCAGGTATCGTCCCGGTT
AAATATCGACGTGTTCCATGCATCAAAGTGGTGGTGTAGATTCGAGCTCAAAG
GAAACCCTAATTTCTTTCTAGTTTTGGTGCACAATGTTGCCAATGCTGGTGATGTT
TCTCGTGTGAGTATTAAAGGGTCCAAGACAAGTTGGATTTCTATGTCACGTAATT
GGGGACAAAATTGGCATCCTGGATCTAATTTGTAGGACAAGCTTTGTCATTTCA
AGTTAGTACAAGTGATGGAAAACTTTAACGTTTGATTCCGTTGTTCCCTTCCA
ACTGGCAATTTGGACAGACTTATCAGGCCAAGGGAAATTTTATAG

Nucleotide

>MtrEXPA-24

ATGGCTATGTCTCACTCTTTTGGTTCCTATCATCTTTTTCATGATGTTTCCTCATA
GTCATGTCAACTAGCAGCATTGACTTAAAATGGTACGATGCTCATGCAACCTTCT
ATGGTGACGCAGCTGGTGGTGAAACCATGAGTAAGTTATAAACTAATCTTCCTT
TTTTCTTTACAAGTTATTTTTTAATGATATATCATACACATTTAATTTAGACTCTTA
CCATAACAATATAACAATCACAAATCCAGTTTTTAAATGAAGATCAGATTACTTAT
ATAATTCATAATGTATTTTTATGTAGATATGATGAAATTATGCAATGCATACGATT

ATCACATTTTTCTTTGAAACCTATATCCTATACACCAATATAAAAAGTTCATATT
CAATAATTTTCATTGTTTTTTATACAATATTTAAAAATTGTTTTTTAATGATAGATC
AAATGGCATATATATTTTCATAATATTTGAAGTACATATGATAAAATTACTATGTCC
GTACACAAATATAAAAAATTAATATTCAATTATTATTTTGTGTGTTTTTATATAATA
TGGTATTTAATTATGCAGAGGGAGCTTGTGGTTATGGTGATCTCTTCAAACAAGG
ATATGGTCTTGCAACCGCAGCACTAAGCACAGCTCTATTCAATAATGGACTTACT
TGTGGTGCATGTTTTCAAATATTTTGTGTCAATGACCCTAAATGGTGCATAAAGG
GTGCACACCCAATCACGATAACCGCAACAAATTTTTGTCCCTCCAGATTACTCTAA
GACTCATGATGTTTTGGTGTAAATCCTCCGCAAAAACACTTCGATTTAAGCTATAAA
ATGTTACCTCTATTGCCTATTACAAAGCAGGTATCGTCCCGGTTAAATATCGACG
TGTTCCATGCATCAAAGTGGTGGTGTAGATTTCGAGCTCAAAGGAAACCCTAAT
TTCTTTCTAGTTTTGGTGCACAATGTTGCCAATGCTGGTGATGTTTCTCGTGTGAG
TATTAAGGGTCCAAGACAAGTTGGATTTCTATGTCACGTAATTGGGGACAAAAT
TGGCATCCTGGATCTAATTTTGTAGGACAAGCTTTGTCATTTCAAGTTAGTACAAG
TGATGGAAAACTTTAACGTTTGATTCCGTTGTTCCCTTCCAACCTGGCAATTTGGAC
AGACTTATCAGGCCAAGGGAAATTTTTAG