

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

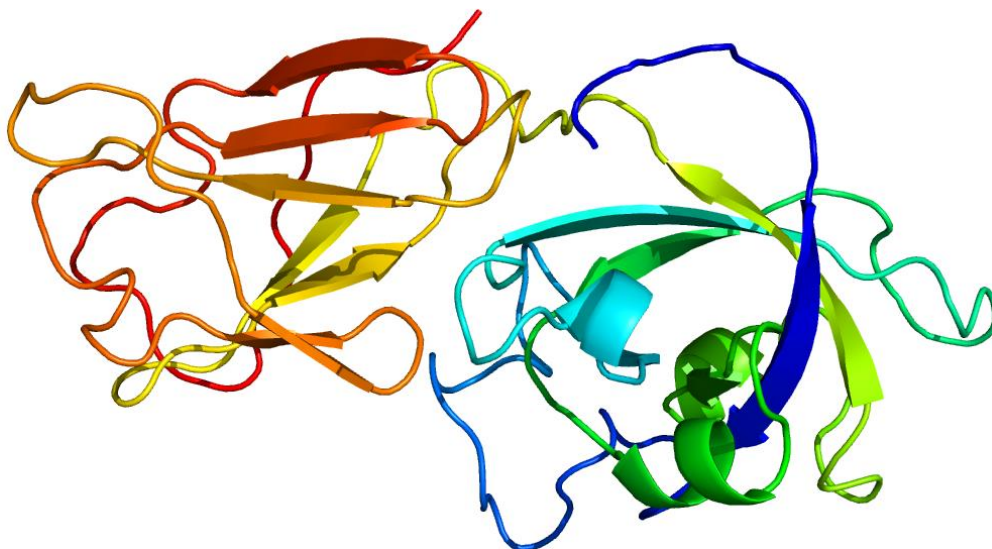
Locus: Medtr7g011060

Gene Model: Medtr7g011060.1

Description: MtrEXPA-21

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

Query seq. Superfamilies

PLN00050

Name	Accession	Description	Interval	E-value
PLN00050 super family	cl31535	expansin A; Provisional	1-240	7.07e-128

SEQUENCES

Peptide

>MtrEXPA-21

MSLLGLLLAI FYMVSHVNGRGGHASWINAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSQ
GYGTNTAALSTALFNGLSCGACYEIKCVNDPQWCNPGSIIVTATNFCPPGGWCDPP
NHHFDLSQPIFQHIAQYRAGIVPVAYRRVRCKRRGGIRFTINGHSYFNLVLVTNVGGA
GDVHSVAIKGSRSRWQAMSRNWGQNWQSN SYLNGQSLSFVVTTSNHGSVVSFNAA
PAGWSFGQTYTGRQFNY*

CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-21

ATGTCTCTTCTTGGTCTTCTTCTTGCTATTTTCTACATGGTTTCTCATGTAAATGGC
CGTGGTGGTCATGCTAGTTGGATTAATGCTCATGCTACTTTCTATGGTGGGAAGTGA
TGCTTCTGGGACAATGGGTGGGGCTTGTGGATATGGAAACCTTTATAGCCAAGGT
TATGGAACAAATACAGCAGCATTGAGCACTGCACTATTCAACAATGGATTGAGTT
GTGGTGCATGTTATGAAATTAATGTGTGAATGATCCACAATGGTGTAAATCCTGG
ATCCATTATAGTTACTGCCACCAATTTCTGTCCACCTGGTGGTTGGTGTGACCCTC
CCAATCACCATTTTGATCTTTCTCAACCTATTTTCAACACATTGCTCAATATAGA
GCAGGGATTGTACCTGTAGCTTACAGAAGGGTGAGATGCAAGAGAAGAGGAGGA
ATTAGATTCACCATCAATGGTCATTCTTACTTCAATTTAGTCCTTGTCACTAATGT
TGGAGGTGCTGGTGATGTACATTCTGTGGCCATCAAAGGTTCAAGATCTAGATGG
CAAGCCATGTCAAGGAATTGGGGGCAA AATTGGCAAAGTAACTCTTACCTTAATG
GACAAAGTCTTTCTTTGTTGTCACCACAAGTAATGGTCACAGTGTGGTTTCATTC
AATGCTGCTCCTGCTGGTTGGTCCTTTGGTCAGACCTACACTGGAAGGCAGTTCA
ACTATTA

Nucleotide

>MtrEXPA-21

GGATCTTTTAACAAA ACTTACTCCAAGAGTCCAAACATTTTTCAGCATTGGAATG
GTCCCAACAGCTCAAGTGTGTCAGTTTGTATGTCAGACTAGATCATAACTGATCT
CTATTTATTCCTTTCCAATTCCCTTTCCATTTCCACAAACA ACTCTTTTCAAGGTT
ATCTTCTTCTAACTAACTTTCTTCTTTGACTCTTTCCCTTTCTTTCTTTCACTT
GTATTA ACTTCTCTATGCTTCATTTATGTAGGAAAAATGTCTCTTCTTGGTCTTCTT
CTTGCTATTTTCTACATGGTTTCTCATGTAAATGGCCGTGGTGGTCATGCTAGTTG

GATTAATGCTCATGCTACTTTCTATGGTGGAAGTGATGCTTCTGGGACAATGGGT
ACGTACACATTGACATCTCAACTATGTTAACAAACATCTTAACGAACTTGGAATA
ACCTCGGTCACAAGTTCATGCAGACAACACATTGGTCATTGTTGGATCGAGATCA
GACTGTTTCAGAAAGCAAACAATGTTTGATTTTATTTAAAATTTTAAAAATACCAA
GCTTGAAATCTTCACTGTCTTATTTTCGATCCAACGACTACTGATGTGCTGGCCGTA
TGACCTCATGAAATTTATGACCCCAAAAAATCCAAATCTCATCTCAACTACGTTA
ACACCTCAAAAATATTGTTGAAATGCATACATAAATGTAACATAACTTTTATGTTA
GTCATAATTTTGTCTAAGGTTTTTTCACAAGCTTAATAACATTTTTTTTATAGGTG
GGGCTTGTGGATATGGAAACCTTTATAGCCAAGGTTATGGAACAAATACAGCAGC
ATTGAGCACTGCACTATTCAACAATGGATTGAGTTGTGGTGCATGTTATGAAATT
AAATGTGTGAATGATCCACAATGGTGTAAATCCTGGATCCATTATAGTTACTGCCA
CCAATTTCTGTCCACCTGGTGGTTGGTGTGACCCTCCCAATCACCATTTTGATCTT
TCTCAACCTATTTTTCAACACATTGCTCAATATAGAGCAGGGATTGTACCTGTAGC
TTACAGAAGGTAACCTTCACATTTTCATTTTTTCTTTCTCTGCTCTATTATTTTTGTA
TTTGAAAACAAGATTTTGTAAATAAAATTGGTTAAACTTTAGTTTGACGTA
ATGATTGATGTTTGGATATCTTTACCGAAAACAAGTTTCTGGTAAAATTTAAGTG
TAAAATTTCAACCTAGCTAACTAAAAGTTACTTTTCATGAGATTTGAAGATAA
AGTCAATTTTGGCTTCCTGTACCAAATATGCAAACCTAATTCAATTTAAAATTTA
GTTTGACTTGAAATAATTGACGTTTGGACGTCTTTTGTTCAGAAATCAGTTTTGTA
TTCTCTCAAAAAAAAAAAAAACAAAAGTTTCGTGTAAATTTTTCAACCTAACGTAA
AAGTTACTTACTATATAGCACTTATAGTAAAAAACGAAATTTGAAGGCAAAATCA
ATTTTGACCAACATACACAATAAATTCGAATATTTTTTAGCCTAAAAACTAAACA
CACATTGTAGTCTTAAAGTTGATAATTTTCTTTTTGTTCTTGGATTTTGAAGGGTG
AGATGCAAGAGAAGAGGAGGAATTAGATTCACCATCAATGGTCATTCTTACTTCA
ATTTAGTCCTTGTCACTAATGTTGGAGGTGCTGGTGTACATTCTGTGGCCATC
AAAGGTTCAAGATCTAGATGGCAAGCCATGTCAAGGAATTGGGGGCAAAATTGG
CAAAGTAACTCTTACCTTAATGGACAAAGTCTTTCCTTTGTTGTCACCACAAGTAA
TGGTCACAGTGTGGTTTCATTCAATGCTGCTCCTGCTGGTTGGTCCTTTGGTCAGA
CCTACACTGGAAGGCAGTTCAACTATTAAGCAACATTTTAATCAATGTTTTTAAA
ACCGAATCGAACGGTTTAAACCGGTTGAACCGCAAACCTAACATTGTCGAAGATTTG
ATTATTTTAAATCGTTAAACTATGGTTTCGTCTGTTTCGAACGGTTTAAAGTTGTT
GAACCACGACTTGGAAGTTTTGCTGGTTTTGTTTCCGATTCGGTTTTTAAAATGTTG
CTTTTAAATTAATATTTTTCAACAATGTTTAGTAATAGCTAATAATAGTATCTTGA
TTCTCAAGTTTTCATTTAAAAAATTTAAAGCACTAAGTTTAAATTGAGTAGTGTA
AATGGATTTATTAGTGTGGGCTACTTAGAAGATGGTTTAGCCCTTTTTTTTTTGA
GGCAAATGGTTTAGCCCTTTTTATTATATATATTTTGATTTTGATTTTATTATATGG
CAAGCATTTGTAGATGATGTGCTGGCTTTATTTATGCTATGCCTCAGCAAATGAG
AACTTGCCATGTTGAGAAAGATTAATGTTAAAGAGATTGTTGAATGTAACCTTG
TACTTTAATTATTGGTTAATGAATGTAAAAGGTCATGCTTTAATTGTGTGATAAAA
AAGAGGTGCCTAACTTCACTTGCAAACCTAAAAGTGTAGGGGACACACTCTTAGT
GATTCATTTTATTTGTTTTCTCTTGAACCTAACATTATTCAATTTTATTTGGAATTT
TATTAGGGTATCCTT