

## IDENTIFICATION

**Species:** *Medicago truncatula*

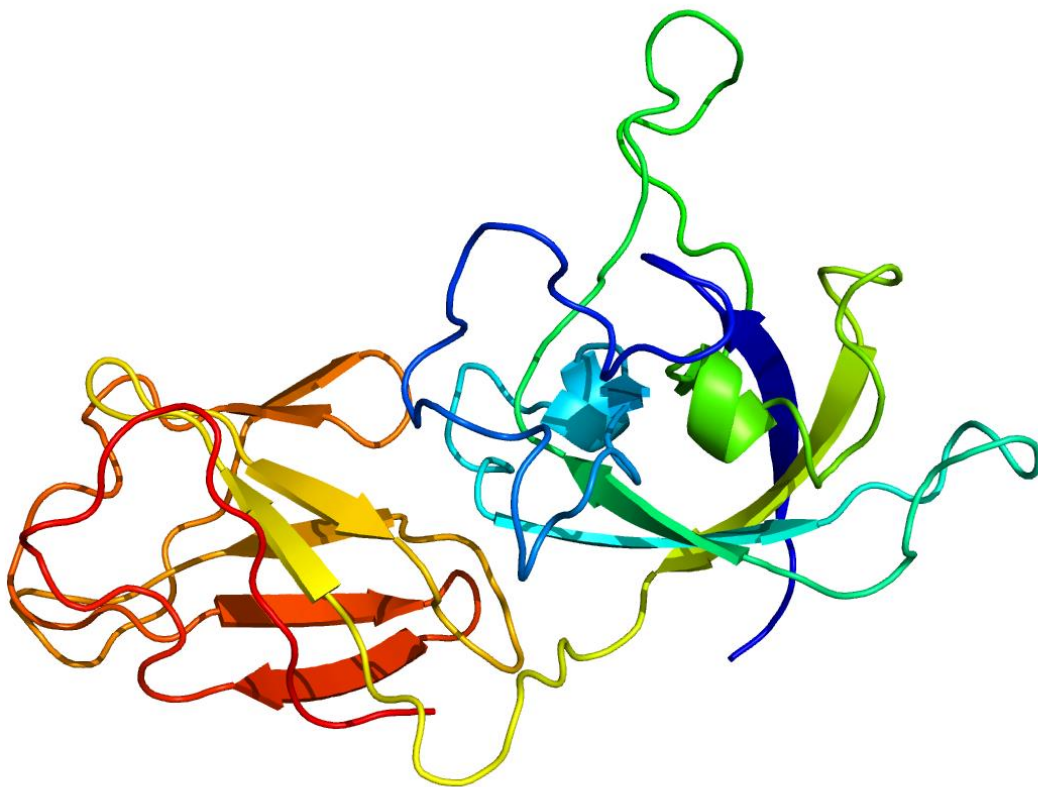
**Locus:** Medtr3g466760

**Gene Model:** Medtr3g466760.1

**Description:** MtrEXPA-06

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

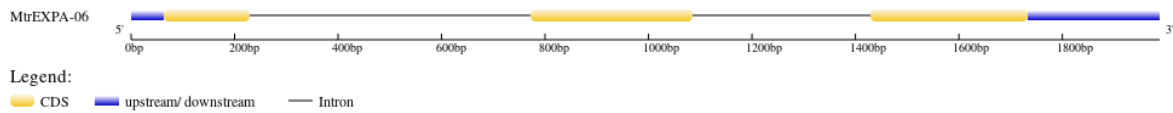
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula\\_Mt4\\_0v1](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula_Mt4_0v1)

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

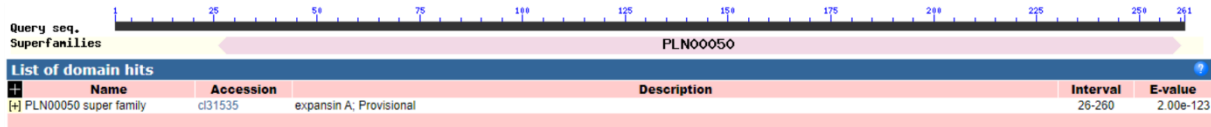
## EXTERNAL RESOURCES

-

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>MtrEXPA-06

MAQKLRMAHQEISIALVILVVLGINMNMQGAIDYGGWEGGHATFYGGGDASGTM  
GGACGYGNLYSQGYGTNTAALSTALFNGLSCGSCYEMRCNDDPRWCKPGSIIVTA  
TNFCPPNPSLPNNGGWCNPPLQHFDMAEPAYLQIAEYRAGIVPVSFRRVPCFKKGG  
VRFTINGHSYFNLVLVTNVGGAGDVHSISIKGSRTGWQPMSRNWGQNWQSN SYLNG  
QSLSFQVTTSDGRTMTSFNVAPANWQFGQTFQGAQF\*

### CDS (coding sequence)

>MtrEXPA-06

ATGGCTCAGAAGCTTAGAATGGCACACCAAGAAATTTCTATTGCTCTAGTGATTC  
TAGTTGTTTTGTGTATTAACATGAATATGCAAGGAGCTATAGCTGACTATGGTGG  
TTGGGAGGGTGGTCATGCCACTTTCTATGGTGGGGGTGATGCTTCTGGCACGATG  
GGTGGAGCATGTGGATATGGAAATTTGTATAGCCAAGGATATGGAACCAACACA  
GCAGCACTAAGCACTGCTTTGTTCAACAATGGTTTAAGCTGTGGATCTTGCTATG  
AAATGAGATGCAATGATGATCCAAGATGGTGCAAACCTGGTTCTATTATTGTTAC  
TGCTACAAATTTTTGTCCACCAAATCCATCTTTGCCTAACAACAATGGTGGTTGGT  
GTAACCCTCCTTTGCAACATTTTGATATGGCTGAACCTGCCTACCTTCAAATTGCT  
GAATATAGAGCTGGAATTGTGCCTGTTTCCTTTAGAAGGGTGCCATGTTTCAAAA  
AGGGAGGAGTAAGGTTACAATAAATGGCCACTCTTACTTCAACCTAGTTTTGGT  
CACCAATGTAGGTGGTGTGGGGATGTTCACTTATATCCATCAAAGGGTCAAGA  
ACTGGTTGGCAACCAATGTCAAGAAATTGGGGCCAAAATTGGCAAAGCAACTCTT  
ATCTTAATGGACAATCCCTCTCATTTCAGTTACAACAAGTGATGGTAGAACTAT  
GACCAGTTTCAATGTGGCTCCAGCAAATTGGCAATTTGGTCAAACCTTTCCAAGGA  
GCACAATTTTAA

### Nucleotide

>MtrEXPA-06

ATCACAACATAGCAAACAAAGTGCAACTTTTCCTATTTTCTTCTCTGTTTCTTTTCT  
ATCATAATGGCTCAGAAGCTTAGAATGGCACACCAAGAAATTTCTATTGCTCTAG  
TGATTCTAGTTGTTTTGTGTATTAACATGAATATGCAAGGAGCTATAGCTGACTAT  
GGTGGTTGGGAGGGTGGTCATGCCACTTTCTATGGTGGGGGTGATGCTTCTGGCA

CGATGGGTGAGTTTAGCCAAGTTTTAGTTTCTTTTTTAATTTATAATTTGCTTTTC  
CCTTTTTAATTCCATTCCATATTTTAATGAGAAATTAACAAAAAACATTGGCAACC  
AATAGAAAAATTGACATTGAAAAAAGAGGCTAGTAGTATTTTATGTGTTTCAGT  
TGGTTCCATGCTTTATACAACAAATTCGTAATTATATACTTTTTTATACAAAAAA  
GTTTAGGTATGTTGGTTATAGACATAGTGACTCACCAGGGGGAAATGTTTATAAA  
TACACATTTATAATTTTGATAATTGTCATTTATAAACTTTGCCAATTAACAAAATG  
TACTTACTATTTTTTTAACTTCAAATTTGCACATTATTTTCAATTTGTGTGACCAA  
AAAACATAACTCCAAAAATTCAGTCGGACAAAGGCAACACTAGTACTATTTTTA  
TCTTTCTTAAGAAAATATATTATTTGTTACTTTGTTTATTACAAAAAGTGTGGTAA  
AGTTAGTGAGTTTTATTTATTTATTTATTTTTAAAAAATATGTAGGTGGAGCATG  
TGGATATGGAAATTTGTATAGCCAAGGATATGGAACCAACACAGCAGCACTAAG  
CACTGCTTTGTTCAACAATGGTTAAGCTGTGGATCTTGCTATGAAATGAGATGC  
AATGATGATCCAAGATGGTGCAAACCTGGTTCTATTATTGTTACTGCTACAAATTT  
TTGTCCACCAAATCCATCTTTGCCTAACAACAATGGTGGTTGGTGTAAACCCTCCTT  
TGCAACATTTTGATATGGCTGAACCTGCCTACCTTCAAATTTGCTGAATATAGAGCT  
GGAATTGTGCCTGTTTCCTTTAGAAGGTTAGTGAAGTCTTTTTGCTATGCTCTCTC  
AACTTAAAGAAACAATAATTGCCCCGTTGATATACAAATTAATTACTTTTTGAC  
GTTATATCTCTTTGATGCATCAAACATGAGATTTAATCAGAATAGGATAAATATA  
TAAGTTTTTAGGGGCCGTTTGATGATCAGGATATGAGCTGTTTAAATATCTTTGTC  
TTCCTATCCTGATCATCAAACGACCTATAAAAAACCTCGATATTCAAGTTCAAATC  
ACTTTTTTTTTCTTCAAACCTTCTAATTTATAGGTCATATTTTATTCATTGTTAAGA  
TGTCTAATAATGTTATTATTTTGGTGATTATGATAGGGTGCCATGTTTCAAAAAGG  
GAGGAGTAAGGTTCAACAATAAATGGCCACTCTTACTTCAACCTAGTTTTGGTCAC  
CAATGTAGGTGGTGCTGGGGATGTTCAATTCTATATCCATCAAAGGGTCAAGAACT  
GGTTGGCAACCAATGTCAAGAAATTGGGGCCAAAATTTGGCAAAGCAACTCTTATC  
TTAATGGACAATCCCTCTCATTTCAGTTACAACAAGTGATGGTAGAACTATGAC  
CAGTTTCAATGTGGCTCCAGCAAATTGGCAATTTGGTCAAACCTTTCCAAGGAGCA  
CAATTTTAAAATTTGCAATAAGGGTTAGGTTAATAGTTAGTGAAAAAGTTTGTAT  
ACTTAGTAAGTTCATTCTTGCAATTGCAGACCCAAAAAAAAGGTTTCATAATTAT  
AATAGCTATTTATTCTTGAAAAGTTGTAATTGTGATTTTAAAAGACCAGCATCCCT  
TTATTTTATTGGTCTACAAAAGTAGCTGAGGTGGTTATTAGCACCCGCTGGTCACT  
TTCTTATATATATAGAATATACATAAATATGGAGAGTTTTAT