

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

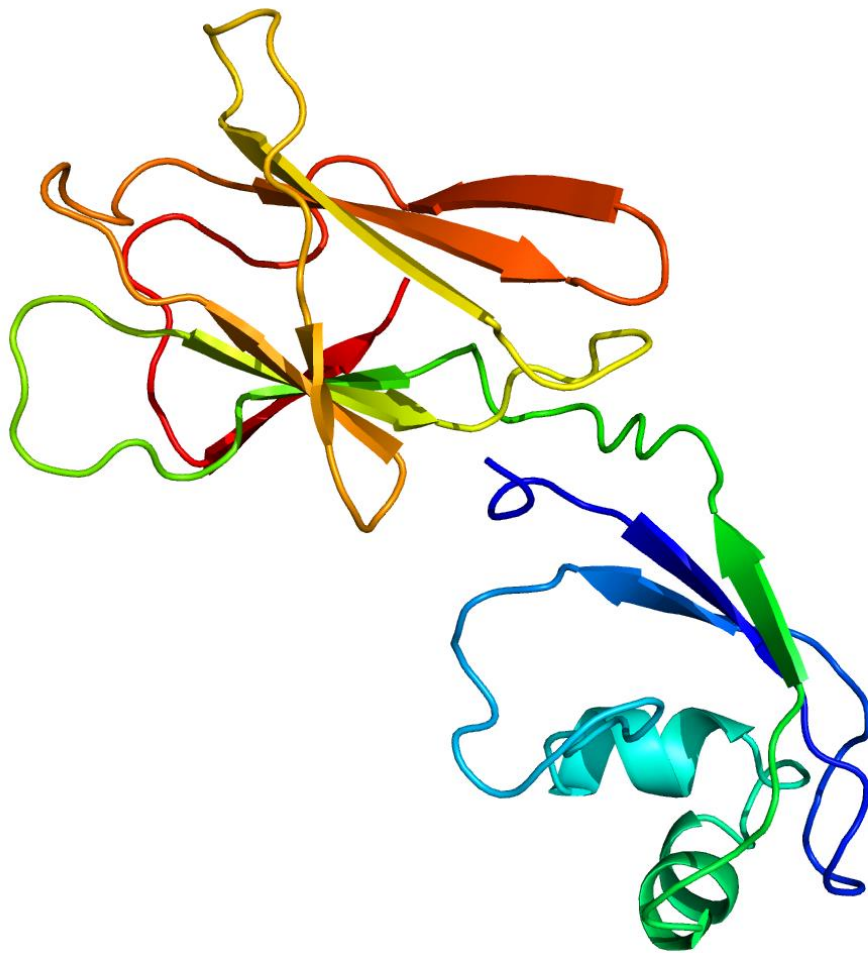
Locus: Medtr4g075790

Gene Model: Medtr4g075790.2

Description: MtrEXLA-02

Family: Expansin Like Alpha

3D structure:



GENOME DATABASES

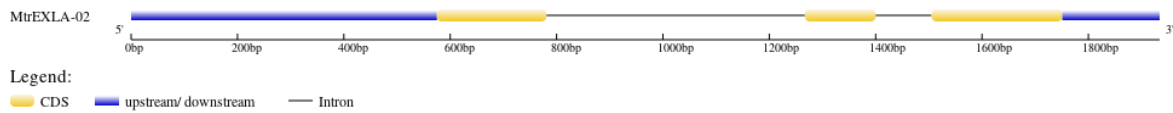
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula_Mt4_0v1

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

EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE

Query seq. M K L M N N L M Q V R C K N Q A I C T K E G T K V V L T D L N H N N Q T D F V L S S R A F T A M A Q K G M S Q Q I L K L G I V D I E Y K R V P C E Y K K Q N L A V R V E E S S K K P D Y L A I K F L Y Q G G Q T E I V G V D V A Q V G S S N W S F L S R N H G A V W D T S R V P Q G A L Q F R I V V T S G Y D G K W L W A K K V L P A D W K N G V I Y D S D I Q I T E I A Q E G C S P C N D E T W S *

Superfamilies PLN03023

Name	Accession	Description	Interval	E-value
PLN03023 super family	c133621	Expansin-like B1; Provisional	9-178	1.30e-60

SEQUENCES

Peptide

>MtrEXLA-02

MKLMN NLMQVRCKNQAICTKEGTKVVLTDLNHNNQTDFVLSSRAFTAMAQKGM S
QQILKLGIVDIEYKRVPCEYKKQNLA VRVEESSKKPDYLAIKFLYQGGQTEIVGVDVA
QVGSSNWSFLSRNHGA VWDTSRVPQ GALQFRIVVTSGYDGKWLWAKKVL PADWK
NGVIYDSDIQITEIAQEGCSPCNDETWS*

CDS (coding sequence)

>MtrEXLA-02

ATGAAATTAATGAACAATTTGATGCAGGTAAGATGCAAGAACCAAGCTATATGC
ACAAAAGAAGGTACCAAAGTGGTATTAAC T GATCTTAATCACAATAATCAA ACTG
ATTTTGTCTTAAGCAGTAGAGCCTTTACAGCTATGGCTCAAAGGGTATGAGCCA
ACAGATATTGAAACTTGGCATTGTTGACATTGAATACAAGAGAGTACCATGTGAG
TACAAAAACAGAATTTGGCTGTTTCGTGTTGAAGAATCAAGCAAAAAACCAGAT
TATTTAGCAATTAATTTTTGTATCAAGGGGGTCAAACAGAGATAGTAGGTGTTG
ATGTAGCTCAGGTTGGATCTTCAAATTGGAGTTTCTTGAGTAGAAATCATGGGGC
AGTGTGGGACACAAGTAGGGTTCCACAAGGGGCATTGCAATTTTCGTATAGTGGTT
ACATCAGGGTATGATGGTAAATGGCTATGGGCAAAAAAGGTTCTTCCAGCTGATT
GGAAAAATGGGGTGATATATGATTCTGATATTCAGATTACAGAAATTGCACAAGA
GGGTTGTTACCATGTAATGATGAAACATGGTCATAA

Nucleotide

>MtrEXLA-02

ATGTCAATTTGTTTTGTACTTTACCCTTCTCATTTCTCAAATCATATAACCATATAT
GGCTTTCTTTCTTTGCTTCTTCTTTTCATTCTTGCTTCCCTCAGCCACTGCTTGTGAT
CGTTGCTTGCATCAATCCAAGGCTTCATATTTCTCAAAGCTTCTGCTCTTTCATG
TAACAATAACAATCATT CATAATTTCTTTTCAATATTCATCTTATATAGAAAATAA
AAAATATGTTGTTGATAAATTGATTTTTTTTTATATGCAGCTGGGGCATGTGGGTAT
GGTTCTTTAGCACTTGACTTTAGTGGTGGACACCTTGCAGCTGGTGTCTTCTTCACT
CTTCTATAATGGAGCTGGTTGCGGTGCTTGCTTCCAGGTATATACACAAATCATCG
TATTTAAGGTTTTAAATTGCAGTTGCAGTCATTGTAGTTGTTCGGTGTATTAATCA
TGCGGACGCAATACAATTATAAAAGTCACCAGAATCTTTGCATTGCGTCCGCAAT

TTTAAACTACGCTGACATTTAGCGAAATTAATATATATCTTTTATTGATGTCATGA
AACTTTTGTTTTAATGAAATTAATGAACAATTTGATGCAGGTAAGATGCAAGAAC
CAAGCTATATGCACAAAAGAAGGTACCAAAGTGGTATTAAGTATCTTAATCACA
ATAATCAAAGTATTTTGTCCCTAAGCAGTAGAGCCTTTACAGCTATGGCTCAAAA
GGGTATGAGCCAACAGATATTGAACTTGGCATTGTTGACATTGAATACAAGAGG
TAAGACATTTAAACCACCTTTTTGTAGCTTTACTTTAGTTATAAGTTGTTTCTAGAT
AAGTTCTAGATTTTCTTTTGTTAATGTAGCTTTTGTTTTTTTCCACATTCTTGATAT
GCCAGCATTTTTTGTGGACCCACTTCCCACCTAGCTAGTAGACAGTGGCACCCTC
CCACCATTGAAAATAGAACACCAATGTAGACAAATTATATGAATGAATCTAAGA
CAATTATATAGCGCAATAATAATAGTAACGGTCTAATCTGCTGTACTATATATTA
AATTTAATGTAACAATGTAATGTATATATAACACGTATAATGTCAGAATTCAGAT
ATTTTGTGTCTGTTGCAAGCATCAAATACAAAGCAATGATTAATTTTATAGTGTCT
TAAATTTGGAAATGGTGCACAAAATTCATATTCATATATTTATTTATTTATCAACT
GCATATGGTTGCTGAACATTTATGATTTTAATGGTGCAGAGTACCATGTGAGTAC
AAAAACAGAATTTGGCTGTTTCGTGTTGAAGAATCAAGCAAAAACAGATTATT
TAGCAATTAATTTTTGTATCAAGGGGGTCAAACAGAGATAGTAGGTGTTGATGT
AGCTCAGGTATATATTAATACTATATGCCAAAACAATCATTACCAAGTGTTTTT
ATTGAATTAAAAAAATATTAACCATATTGTTTTTTGTGGTTATTAATTACTTACTA
GGTTGGATCTTCAAATTTGGAGTTTCTTGAGTAGAAATCATGGGGCAGTGTGGGAC
ACAAGTAGGGTTCCACAAGGGGCATTGCAATTTTCGTATAGTGGTTACATCAGGGT
ATGATGGTAAATGGCTATGGGCAAAAAGGTTCTTCCAGCTGATTGGAAAAATG
GGGTGATATATGATTCTGATATTCAGATTACAGAAATTGCACAAGAGGGTTGTTC
ACCATGTAATGATGAAACATGGTCATAATTCAGGACAAAGACAACTATAGTGCT
GAATATAACCCACATAACATATACATATATAGATTTTAGGTGGCTTTAATTTTAT
TCTTCTGTGTATTATAGGCTTACAAACCAATGTAATACCCAGAAATCATATGGA
ATAGCTTAATAAAATTAATATGTGTTGTCTCCTTTGTGACTACTC