

IDENTIFICATION

Species: *Medicago truncatula*

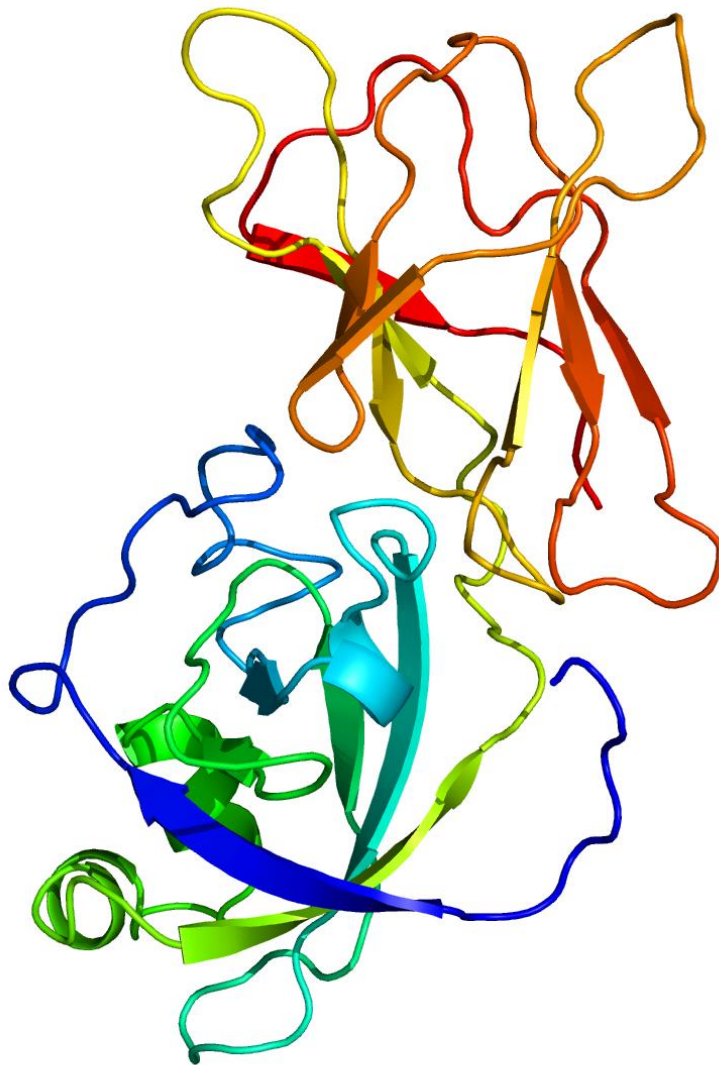
Locus: Medtr4g075790

Gene Model: Medtr4g075790.1

Description: MtrEXLA-01

Family: Expansin Like Alpha

3D structure:



GENOME DATABASES

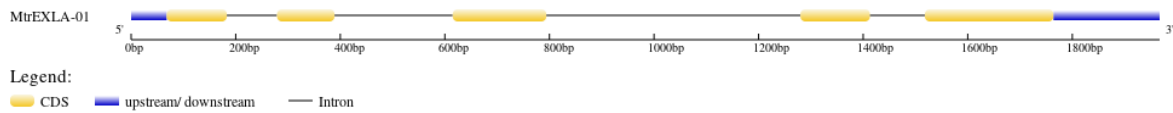
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mtruncatula_Mt4_0v1

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

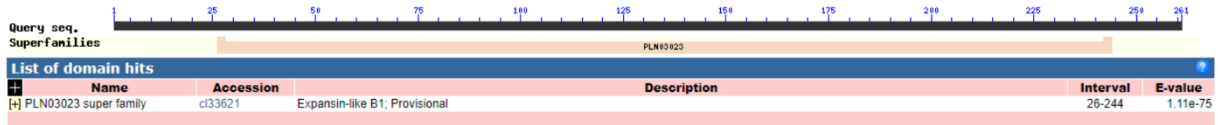
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>MtrEXLA-01

MAFFLCFFFFILASSATACDRCLHQSKASYFSKASALSSGACGYGSLALDFSGGHLAA
GVSSLFYNGAGCGACFQVRCKNQAICTKEGTKVVLTDLNHNNQDFVLSSRAFTAM
AQKMSQQILKLGIVDIEYKRVPCEYKKQNLAVRVEESSKKPDYLAIKFLYQGGQTEI
VGVDVAQVGSSNWSFLSRNHGAVWDTSRVPQALQFRIVVTSGYDGKWLWAKKV
LPADWKNQVIYDSDIQITEIAQEGCSPCNDETWS*

CDS (coding sequence)

>MtrEXLA-01

ATGGCTTTCTTTCTTTGCTTCTTCTTTTTTCATTCTTGCTTCCTCAGCCACTGCTTGTG
ATCGTTGCTTGCATCAATCCAAGGCTTCATATTTCTCAAAGCTTCTGCTCTTTCA
TCTGGGGCATGTGGGTATGGTTCTTTAGCACTTGACTTTAGTGGTGGACACCTTGC
AGCTGGTGTCTTCACTCTTCTATAATGGAGCTGGTTGCGGTGCTTGCTTCCAGG
TAAGATGCAAGAACCAAGCTATATGCACAAAAGAAGGTACCAAAGTGGTATTAA
CTGATCTTAATCACAATAATCAAAGTATTTTGTCTAAGCAGTAGAGCCTTTACA
GCTATGGCTCAAAGGGTATGAGCCAACAGATATTGAAACTTGGCATTGTTGACA
TTGAATACAAGAGAGTACCATGTGAGTACAAAAACAGAATTTGGCTGTTTCGTGT
TGAAGAATCAAGCAAAAAACCAGATTATTTAGCAATTAATTTTTGTATCAAGGG
GGTCAAACAGAGATAGTAGGTGTTGATGTAGCTCAGGTTGGATCTTCAAATTGGA
GTTTCTTGAGTAGAAATCATGGGGCAGTGTGGGACACAAGTAGGGTCCACAAG
GGGCATTGCAATTTTCGTATAGTGGTTACATCAGGGTATGATGGTAAATGGCTATG
GGCAAAAAGGTTCTTCCAGCTGATTGGAAAAATGGGGTGATATATGATTCTGAT
ATTCAGATTACAGAAATTGCACAAGAGGGTGTTCACCATGTAATGATGAAACAT
GGTCATAA

Nucleotide

>MtrEXLA-01

CTCTCATTTTCCTATGTCAATTTGTTTTGTACTTTACCCTTCTCATTCTCAAATC
ATATAACCATATATGGCTTTCTTTCTTTGCTTCTTCTTTTTTCATTCTTGCTTCCTCAGC
CACTGCTTGTGATCGTTGCTTGCATCAATCCAAGGCTTCATATTTCTCAAAGCTT
CTGCTCTTTCATGTAACAATAACAATCATTACATAATTTCTTTTCAATATTCATCTTA
TATAGAAAATAAAAAATATGTTGTTGATAATTGATTTTTTTTTTATATGCAGCTGGG

GCATGTGGGTATGGTTCTTTAGCACTTGACTTTAGTGGTGGACACCTTGCAGCTGG
TGTTTCTTCACTCTTCTATAATGGAGCTGGTTGCGGTGCTTGCTTCCAGGTATATA
CACAAATCATCGTATTTAAGGTTTTAAATTGCAGTTGCAGTCATTGTAGTTGTCGG
TGTTATTAATCATGCGGACGCAATACAATTATAAAAAGTCACCAGAATCTTTGCAT
TGCGTCCGCAATTTTAAAACACTACGCTGACATTTAGCGAAATTAATATATCTTTTA
TTGATGTCATGAACTTTTGTTTTAATGAAATTAATGAACAATTTGATGCAGGTAA
GATGCAAGAACCAAGCTATATGCACAAAAGAAGGTACCAAAGTGGTATTAAGT
ATCTTAATCACAATAATCAAACCTGATTTTGTCTAAGCAGTAGAGCCTTTACAGCT
ATGGCTCAAAGGGTATGAGCCAACAGATATTGAAACTTGGCATTGTTGACATTG
AATACAAGAGGTAAGACATTTAAACCACTTTTTTGTAGCTTTACTTTAGTTATAAG
TTGTTTCTAGATAAGTTCTAGATTTTCTTTTGTTAATGTAGCTTTTGTTTTTTTCCA
CATTCTTGATATGCCAGCATTTTTTGTGGACCCACTTCCCACCTAGCTAGTAGAC
AGTGGCACCGTCCCACCATTGAAAATAGAACACCAATGTAGACAAATTATATGA
ATGAATCTAAGACAATTATATAGCGCAATAATAATAGTAACGGTCTAATCTGCTG
TACTATATATTAATTTAATGTAACAATGTAATGTATATATAACACGTATAATGTC
AGAATTCAGATATTTTGTGTCTGTTGCAAGCATCAAATACAAAGCAATGATTAAT
TTATAGTGTCTTAAATTTGGAAATGGTGCACAAAATTCATATTCATATATTTATT
TATTTATCAACTGCATATGGTTGCTGAACATTTATGATTTTAATGGTGCAGAGTAC
CATGTGAGTACAAAAACAGAATTTGGCTGTTCGTGTTGAAGAATCAAGCAAAA
AACCAGATTATTTAGCAATTAATTTTTGTATCAAGGGGGTCAAACAGAGATAGT
AGGTGTTGATGTAGCTCAGGTATATATTAATACTATATGCCAAAAACAATCATT
CCAAGTGTTTTTATTGAATTAAAAAAATATTAACCATATTGTTTTTTGTGGTTATT
AATTACTIONACTAGGTTGGATCTTCAAATTTGGAGTTTCTTGAGTAGAAATCATGGG
GCAGTGTGGGACACAAGTAGGGTTCCACAAGGGGCATTGCAATTTTCGTATAGTGG
TTACATCAGGGTATGATGGTAAATGGCTATGGGCAAAAAAGGTTCTTCCAGCTGA
TTGGAAAAATGGGGTGATATATGATTCTGATATTCAGATTACAGAAATTGCACAA
GAGGGTTGTTACCATGTAATGATGAAACATGGTCATAATTCAGGACAAAGACA
AACTATAGTGCTGAATATAACCCACATAACATATACATATATAGATTTTAGGTG
GCTTTAATTTTATTCTTCTGTGTATTATAGGCTTACAAACCAAATGTAATACCCAG
AAATCATATGGAATAGCTTAATAAAAATTAATATGTGTTGTCTCCTTTGTGACTACT
CAACTTCATTACTATGTATTC