

## IDENTIFICATION

**Species:** *Mimulus guttatus*

**Locus:** Migut.D00821

**Gene Model:** Migut.D00821.2.p

**Description:** MgEXPA-04

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

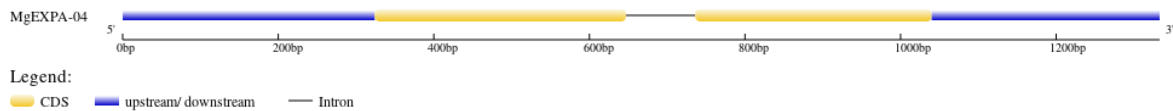
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mguttatus\\_v2\\_0](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Mguttatus_v2_0)

KEGG:-

## EXTERNAL RESOURCES

-

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE

Query seq. MYIGGACGYGNLYSQGYATNTAALSTALFNNGLTTCGACYEMRCENDPKWCLSGTIT  
Superfamily PLN00050

Name	Accession	Description	Interval	E-value
PLN00050 super family	c131535	expansin A; Provisional	3-208	2.18e-120

## SEQUENCES

### Peptide

>MgEXPA-04

MYIGGACGYGNLYSQGYATNTAALSTALFNNGLTTCGACYEMRCENDPKWCLSGTIT  
ITATNFCPPNFALPNDNGGWCNPPLQHFDMAEPAFLQIAQYRAGIVPVAFRRVPCMK  
KGGIRFTINGHSYFNLVLITNVGGAGDIHALSIKGSKTGWQPMSRNWQNWQSNLYL  
NGQSLSFQV TASDGR TITSYDV APSNWQFGQTYEGGF\*

### CDS (coding sequence)

>MgEXPA-04

ATGTATATAGGAGGAGCATGTGGGTACGGGAATTTGTACAGCCAAGGGTACGCG  
ACCAACACGGCAGCGCTCAGCACGGCCCTATTCAACAACGGGCTAACGTGCGGA  
GCGTGCTACGAAATGCGGTGCGAAAACGACCCCAAGTGGTGCCTTTCGGGAACC  
ATCACCATCACCGCCACCAATTTCTGCCACCAACTTTGCTCTGCCTAACGACA  
ACGGTGGGTGGTGCAATCCTCCCCTCCAGCATTTTCGACATGGCCGAGCCCGCTTT  
CCTTCAAATCGCTCAATACCGGGCCGGCATCGTGCCCGTTGCTTTTCGAAGGGTG  
CCATGTATGAAGAAAGGTGGGATTAGGTTACGATCAACGGCCACTCGTACTTCA  
ACTTGGTTTTGATCACC AACGTCGGAGGCGCAGGAGATATCCATGCACTCTCGAT  
CAAAGGGTCCAAAACCGGCTGGCAACCGATGTCGAGGAATTGGGGCCAAAATTG  
GCAGAGCAATTCGTACCTCAACGGTCAAAGCCTCTCCTTTCAGGTCACCGCCAGT  
GACGGTAGAACCATCACTAGCTATGACGTGGCGCCCTCTAATTGGCAGTTCGGTC  
AAACCTACGAGGGGGGTCAATTCTAA

### Nucleotide

>MgEXPA-04

CTCAAACCTTAAAACCTTCAAATTTTTAATTAATTAAGCTTTAATTATGGTTGC  
TAAATCACTTCTCTTGCCACTTTTTCTTTCTTCATTCTGAATTTACTCCGGTTTCA  
TAGTGTTGAGGCTGATTACGGAGGATGGGAAAACGGTCACGCCACGTTTTACGGC  
GGTGGCGATGCTTCGGGGACGATGGGTACGTA AAAATTTGTCAA AATCGAGTCG  
TACCAAATTTTTGTTACAATAATATTCAATTA ACTAATTTAAATCATATATTCAA  
TGTTATATTTTATATGTAATTGATAAAAAAAAAAATTAATATTCCAATGTATATAGG  
AGGAGCATGTGGGTACGGGAATTTGTACAGCCAAGGGTACGCGACCAACACGGC  
AGCGCTCAGCACGGCCCTATTCAACAACGGGCTAACGTGCGGAGCGTGCTACGA  
AATGCGGTGCGAAAACGACCCCAAGTGGTGCCTTTCGGGAACCATCACCATCACC  
GCCACCAATTTCTGCCACCAACTTTGCTCTGCCTAACGACAACGGTGGGTGGT  
GCAATCCTCCCCTCCAGCATTTTCGACATGGCCGAGCCCGCTTTCCTTCAAATCGCT

CAATACCGGGCCGGCATCGTGCCCGTTGCTTTTCGAAGGTTCCGGAAATTTTGTATT  
CCATATATTGACTTTAATTTAAATATTAATTAAGAGATAAAACCTCTCAAAGAT  
AATTTAAATATTGTAGGGTGCCATGTATGAAGAAAGGTGGGATTAGGTTACGAT  
CAACGGCCACTCGTACTTCAACTTGGTTTTGATCACCAACGTCGGAGGCGCAGGA  
GATATCCATGCACTCTCGATCAAAGGGTCCAAAACCGGCTGGCAACCGATGTCGA  
GGAATTGGGGCCAAAATTGGCAGAGCAATTCGTACCTCAACGGTCAAAGCCTCTC  
CTTTCAGGTCACCGCCAGTGACGGTAGAACCATCACTAGCTATGACGTGGCGCCC  
TCTAATTGGCAGTTCGGTCAAACCTACGAGGGGGGTCAATTCTAAAAGATCATAT  
TTATACATACTTTGAATTA AAAAGATTCGAGACGAATGAAATTGTTTAATTAAAC  
AAAAATACATACCATTTCTCTTAAAATGTACGAATGTACGTATGTACGTATATGT  
ATGTATGTATTTATGTATGTATGTATGCATGCATGCTAAGTTTTTTGGGCATGGTA  
AGTAATTTGTTAGGGTTATAGAAAGTGTTGAAGTGGTGGCTAATGGCTGCTTACA  
CCGGCCGCTTGGCCTTATATATTTACCGGATTAATAATATTGAAGAGATTAATTA  
ACATCTT