

## IDENTIFICATION

**Species:** *Phaseolus vulgaris*

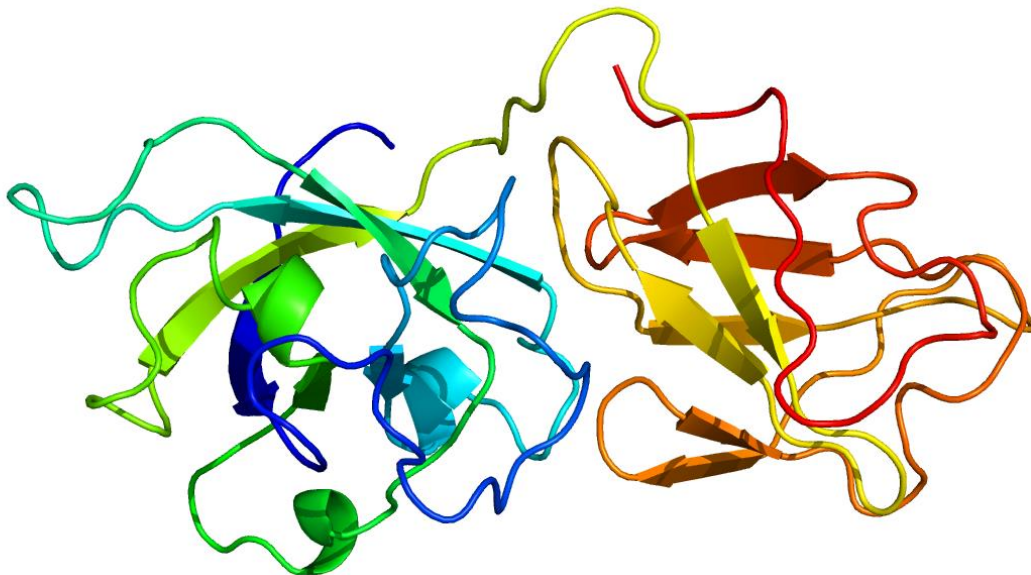
**Locus:** Phvul.004G030500

**Gene Model:** Phvul.004G030500.1.p

**Description:** PvEXPA-09

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

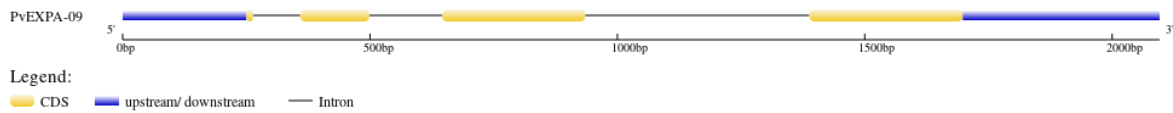
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Pvulgaris\\_v2\\_1](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Pvulgaris_v2_1)

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/gn:T03093>

## EXTERNAL RESOURCES

<https://www.pulsedb.org/organism/636>

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE

Query seq. Superfamilies

PLN00050

Name	Accession	Description	Interval	E-value
PLN00050 super family	cl31535	expansin A; Provisional	21-248	7.00e-116

## SEQUENCES

### Peptide

>PvEXPA-09

MFTSKKMVYVGFLLGCFSIMISYANGYATNGGWNAHATFYGGSDASGTMGGAC  
GYGNLYSQGYGTDTAALSTALFNGLSCGSCYQIKCANDPQWCLPGTIVVTATNFCP  
PGGWCDPPNHFDLSQPVFQQIAQYKAGIVPVVYRRVRCRRRGGIRFTINGHSYFNL  
VLVTNVGGAGDVHSVAIKGSRSRWQAMSRNWQNWQSN SYLNGQSL SFLVTTSDG  
GSVLSYNAAPPSWSFGQTYTGRQFLY\*

### CDS (coding sequence)

>PvEXPA-09

ATGTTACATCCAAGAAAATGGTTTATGTTGGTTTTTTCCTTCTGGGGTGTTTCTC  
CATCATGATCTCCTATGCTAATGGTTATGCCACCAATGGGGTTGGAACAATGCA  
CATGCCACATTCTATGGTGGAAGTGATGCTTCTGGGACAATGGGTGGGGCTTGTG  
GCTATGGAAACCTGTATAGCCAAGGGTATGGAAGTACACAGCAGCTCTTAGCAC  
TGCCTTGTCAACAATGGCTTGAGTTGTGGCTCATGCTACCAAATCAAATGTGCA  
AATGATCCACAGTGGTGTCTCCCTGGCACCATTGTAGTCACTGCCACTAATTTCTG  
CCCCCTGGTGGATGGTGTGATCCTCCAATCACCATTTTGATCTTTCTAACCTG  
TTTTTCAGCAAATTGCTCAATACAAAGCTGGTATTGTTCCCTGTGGTTTACAGAAGG  
GTAAGGTGCAGAAGAAGGGGCGGAATCAGGTTACCATCAATGGTCATTCATAC  
TTCAACTTAGTCCTTGTGACTAATGTTGGAGGTGCTGGTGTGTCATTCTGTGGC  
CATCAAAGGTTCAAGGAGTAGATGGCAAGCCATGTCAAGGAATTGGGGCCAAAA  
CTGGCAGAGTAATTCTACCTTAATGGACAGAGTCTCTCCTTTTTGGTCACCACAA  
GTGATGGTGGCAGTGTCTCTCATACAATGCTGCACCACCAAGTTGGTCCTTTGG  
ACAAACCTACTGGAAGGCAATTCCTCTACTAA

### Nucleotide

>PvEXPA-09

ACTGATTCTTGTACCTGAGTTGAGCAGGTAAGGATTCCATTGACTGATTTGGTTTG  
AGGTAATGGTTTGTATCTCCATTGAAAAGCAGAGTTTGAAGAAAAGTGGTTGAG  
TCCAATGCTGCTTACTCCCTCACAGTTTTTGGACTTGCATGGTCCCAACAGCT  
AAAGTGTGTCAGGGTTTGTGTTGACTCACCTCTATTTATTCCATCTCCAGTCCCC  
CCCTCATTTCCCAACAACCTCCATTCAATGTTACATCCAAGTAATTTATTATCTC  
ATGTCCTCCTTATGCTTTCTTTCAATTTATTGTTATAGGGATATCACATTGCTGAAT

CAAATTCTGCTGCATTTATGCAGGAAAATGGTTTATGTTGGTTTTTTCCTTCTGGG  
GTGTTTCTCCATCATGATCTCCTATGCTAATGGTTATGCCACCAATGGGGGTTGGA  
ACAATGCACATGCCACATTCTATGGTGGAAGTGATGCTTCTGGGACAATGGGTAT  
GTATTAATGTATGTATGGATGTGTTAATGTATTGCCTGTAGCATGTATGAACAAAT  
GTGACTAAGAAATGTATGTGTTTGCCAAAATTGTACATTAGATTTTTCAAGTTTGC  
TTGCATAGTTATCTATATCATCCTATTGCAGGTGGGGCTTGTGGCTATGGAAACCT  
GTATAGCCAAGGGTATGGAAGTACACAGCAGCTCTTAGCACTGCCTTGTTC AAC  
AATGGCTTGAGTTGTGGCTCATGCTACCAAATCAAATGTGCAAATGATCCACAGT  
GGTGTCTCCCTGGCACCAATTGTAGTCACTGCCACTAATTTCTGCCCCCTGGTGGA  
TGGTGTGATCCTCCCAATCACCATTTTGATCTTTCTCAACCTGTTTTTCAGCAAATT  
GCTCAATACAAAGCTGGTATTGTTCCCTGTGGTTTACAGAAGGTAAC TTCACC ACT  
CTATTTTCTTTATCCTTTAAAGATTCTAGTACATAGTATTTATGCAGCATGTGAA  
CTAATTTGTACAAACATAACTACTTTCACGATGAGACTTAAATGCAGTTCTTTTGA  
ATGTTTTTTTGTACTATTGGGCAATCACAGTTAAAGTTTCACTTCATAAACTACCA  
GGATTTTTTCGATCAGATAACACCTAAAACGTCCAAGGAATTCTAGTTATGTTTGG  
GCTTTATTTTATGAAAAAGTTTACATAATGCATTCAACAAAATGGTAGTTCACAT  
GACTTGTAAGATAACTGATGCAAAGTTGAGGAAGTTGTTATATATGACAGAGTG  
TGATTGGATAAGATGGTGAGTATAAATACTCCAAGTTTTATCCTTACTTTTACTAC  
CTATTGGTCTTGAAGGTGATATTTTTGTCTTGATGGATTTTGATTGAAGGGTAAGG  
TGCAGAAGAAGGGGCGGAATCAGGTTACCATCAATGGTCATTCATACTTCAACT  
TAGTCCTTGTGACTAATGTTGGAGGTGCTGGTGATGTGCATTCTGTGGCCATCAA  
AGGTTCAAGGAGTAGATGGCAAGCCATGTCAAGGAATTGGGGCCAAA ACTGGCA  
GAGTAATTCCTACCTTAATGGACAGAGTCTCTCCTTTTTGGTCAACCACAAGTGATG  
GTGGCAGTGTCTCTCATAACAATGCTGCACCACCAAGTTGGTCCTTTGGACAAAC  
CTACACTGGAAGGCAATTCCTCTACTAACCAACCCTTTTCATGGAACATCACTCTC  
ATTATGTTGCCTACCACCACCAACATAGTAATAAGGATGCATCAAAGAGAAAAC  
GACTACGGCATAAGTTCAACAGTGTAATGTGTCAATATTGAGCCACAAAATAGTG  
TGGTTTAGTTTAATCTAGTCTCTTGAAGATGTTTAGATTTATACTGCAAGATTTTTT  
CCAGATTAATTGCTACTGTGGTTTATGCTAAGTTAGCCTCAAGGGTACTTGTGTTT  
CTTTGCCGGCTGAAGAGAAGTAGATTAGAGATGGCATTTTGTGTGCATTATTACT  
GCACTTTGGCAAATGGGATTCTGTGCCTCTCCATAAAGACCTACTTAAATAATAA  
TAATAACAATAAAGTATATTCTTCTTGTACTTTTATAA