

IDENTIFICATION

Species: *Helianthus annuus*

Locus: HanXRQChr03g0074761

Gene Model: HanXRQChr03g0074761

Description: HanEXLB-01

Family: Expansin Like Beta

3D structure:



GENOME DATABASES

Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T05101>

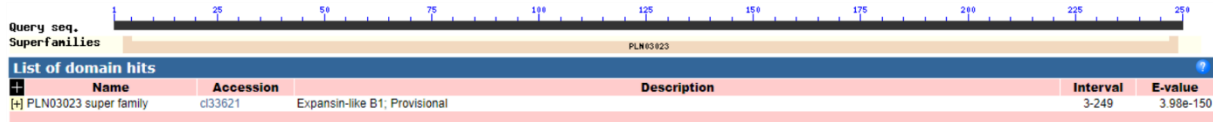
EXTERNAL RESOURCES

<https://www.heliagene.org/>

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>HanEXLB-01

MGLTLD SHISLLCVIVILLPSLCFSQDSYVSSRATYYGSPDCLGTPGTGACGYKEYGSTV
NGGEVTGVVSFKLFGKNGTGCACATCTCTCTACTGTGTGTGATTGTAATACTTCT
ARAYNK LALQGQAEILFSYGVVDVEYKRISCQYPGYNLMFKVHEHSRYPQYLALIAI
YQAGVSEITAVELWQEDCQEWGRMRRAYGAVWDMPNPPQGAINLRFQVSGSKWV
QLKSLIPSEWKAGATYNTAIQLD*

CDS (coding sequence)

>HanEXLB-01

ATGGGTTTAACTAGATAGTCACATCTCTCTACTGTGTGTGATTGTAATACTTCT
GCCTTCATTGTGCTTCAGCCAAGACTCTTATGTCTCTTCTAGAGCAACTTATTATG
GTAGCCCTGATTGCTTAGGGACTCCAAGTGGTGTGCGGGTATAAAGAATATGG
AAGCACCGTTAATGGTGGTGAAGTGACTGGAGTCTCTTTTAAGCTCTTCAAGAAT
GGTACTGGCTGTGGAGCATGCTATCAGGTTAGATGCAAGTATTCGAAGCATTGCA
GTGAAGACGGGATCAAAGTGGTTGTGACCGACCATGGTGAAGGAGACAACACAG
ACTTCGTCCTCAGCGCTCGTGCCTACAATAAACTTGCACCTCAAGGACAGGCGGA
AATACTATTTTCATATGGTGTGGTTGACGTCGAATACAAGAGGATTTCTTGCCAGT
ATCCAGGCTATAATCTCATGTTCAAAGTTCATGAACATAGCAGATACCCTCAGTA
CCTTGCACCTCATCGCTATATAACCAAGCCGGTGTGAGTGAATCACTGCTGTCGAA
TTATGGCAGGAGGATTGCCAAGAATGGAGGGGTATGAGGAGGGCTTATGGAGCA
GTATGGGACATGCCCAACCCACCACAGGGAGCTATAAACTTGAGGTTCCAAGTG
AGTGGTTCAAAGTGGGTTCAACTTAAAAGTTTGATTCCAAGTGAGTGGAAGGCTG
GGGCTACCTACAACACTGCTATACAACTTGATTAA

Nucleotide

>HanEXLB-01

CTAGATTTCTCATCCCACCCTCATTTTACACTCATAAAAACCTTGATCATATTCTTT
GAAAAAAGAAAACCTAAGTTATGGGTTTAACTAGATAGTCACATCTCTCTACT
GTGTGTGATTGTAATACTTCTGCCTTCATTGTGCTTCAGCCAAGACTCTTATGTCT
CTTCTAGAGCAACTTATTATGGTAGCCCTGATTGCTTAGGGACTCCAAGTAACTA
ATCTCTTTCTTAAACAAATGTTTTTCTTATATGCATTGTGTTTCATTTTAAACCG
GCAATATATTATCGTAATGTGTATGTCAGCTGGTGTGCTTGCGGGTATAAAGAATAT

GGAAGCACCGTTAATGGTGGTGAAGTGACTGGAGTCTCTTTTAAGCTCTTCAAGA
ATGGTACTGGCTGTGGAGCATGCTATCAGGTAAGTATAGTATAGCATAACAATCAC
TGGTGATTTGTTATTTTGTATATTGGTTTTGGAAAAGTAACGAACGTGTTAAATA
GACTAGCAGATATTATATATTTTAAATGATCAGCTAGTTTTTGTACTATAATGAT
TACTAATTTTTTAAACATCCAACAACTTTTTTAATAACTGACCAACATGATATGTA
TTCTAACAGGTTAGATGCAAGTATTCGAAGCATTGCAGTGAAGACGGGATCAAAA
GTGGTTGTGACCGACCATGGTGAAGGAGACAACACAGACTTCGTCCTCAGCGCTC
GTGCCTACAATAAACTTGCACCTCAAGGACAGGCGGAAATACTATTTTCATATGG
TGTGGTTGACGTCAATAACAAGAGGATTTCTTGCCAGTATCCAGGCTATAATCTC
ATGTTCAAAGTTCATGAACATAGCAGATACCCTCAGTACCTTGCACCTCATCGCTA
TATACCAAGCCGGTGTCAAGTAAATCACTGCTGTCAATTATGGCAGGTAATGAT
CAAGTTATTTATAAAAAGATAAAAAAAAATTGGTCTTGATATGGTTCAAATATAC
AGGAGGATTGCCAAGAATGGAGGGGTATGAGGAGGGCTTATGGAGCAGTATGGG
ACATGCCCAACCCACCACAGGGAGCTATAAACTTGAGGTTCCAAGTGAGTGGTTC
AAAGTGGGTTCAACTTAAAAGTTTGATTCCAAGTGAGTGGAAGGCTGGGGCTACC
TACAACACTGCTATACAACCTTGATTAATAAACTCCATCATGAAGATGAATATC
TAAACATTCTATATATGGTCGTATACATGCTTCATTAAGCTAGATAAATAACACA
TGTATTAGTTTGTGTTGTTGTTGTTAGTTGTGTGGTTAATCTTTATGTGATATATGTG
CAATAATAAAGGAGTGTTTTAGTCAATTATGTTCTGGTAATTGCATGCTTGAATA
AATCCCAAGGGATCATGTCTTTTGGAAGTATAGATATAAATAGTTAAGCATAAGC
TTTTTTTCATATAATCTATTGATGGGTCTCAATGAGCAGCATTCCACAAATGAATT
CATATAAAAAGATGGCCAAGTCTATATTACCTAATACTAGGACCGTAAACTTATT
TTACAAAACCTAGCAAAAATCGGTAAATCAACACATTGACCAAAA