

IDENTIFICATION

Species: *Helianthus annuus*

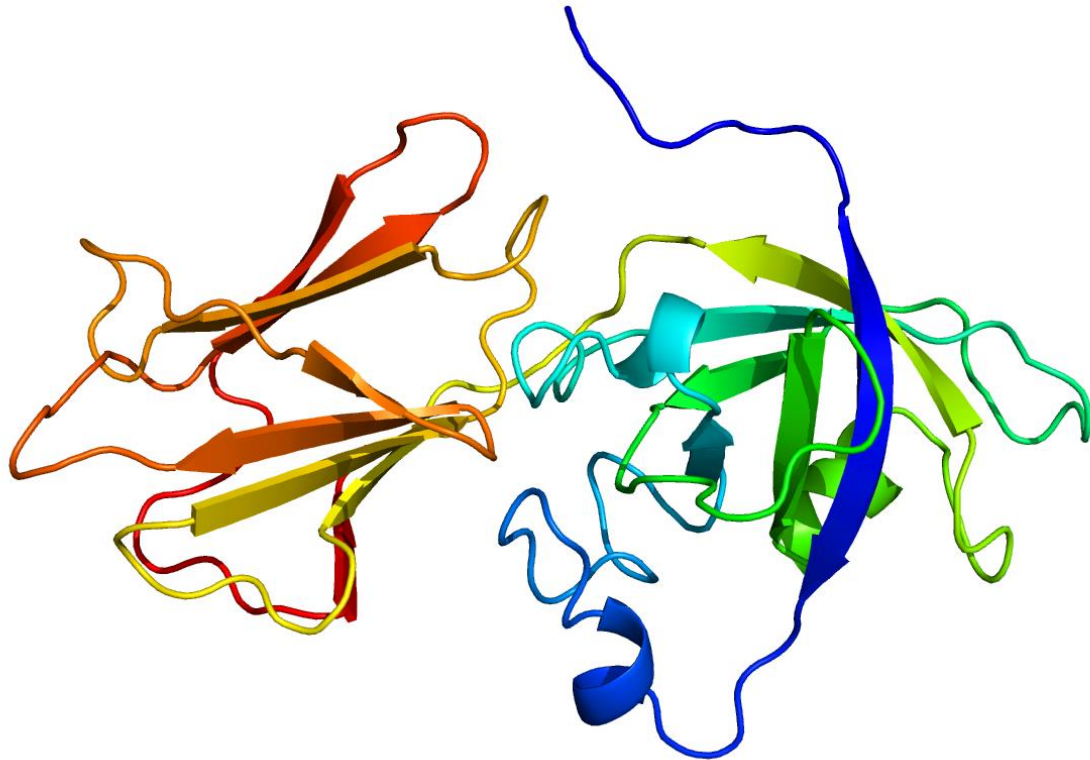
Locus: HanXRQChr04g0114001

Gene Model: HanXRQChr04g0114001

Description: HanEXPA-03

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

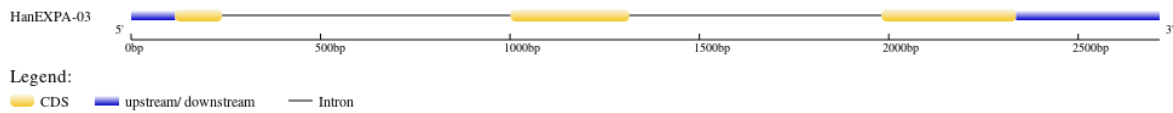
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2

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

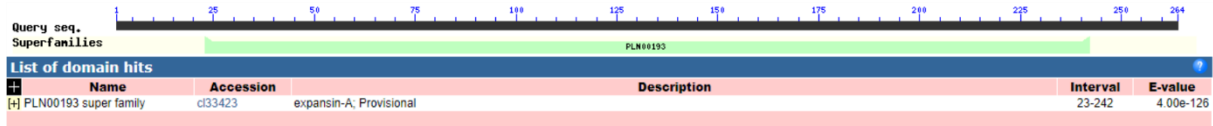
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>HanEXPA-03

MKISMVLLLTATLLHTTTAAYGGWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNLYSEGY
GTNTAALSTALFNGLSCGGCYEMMCTNDPQWCLPGSVIITATNFCPPNFDLPNDAG
GWCNPLQHFDMAQPAFLQIAKYKAGIVPVSFRRVPCVRKGGIRFTMHGHSYFNLVL
ISNVGGAGEVHAVSIKGSNTGWQAMSRNWGQNWQSNLYLNGQSLFRITTS DGRTT
TSYNAVHAGWQFGQTYTVPSTNLSNKTHKEMEIKSQFP*

CDS (coding sequence)

>HanEXPA-03

ATGAAGATATCTATGGTTCTCTTGCTCACTGCCACCCTCCTCCACACCACAACCGC
CGCCTACGGCGGCTGGCAGAGCGCCACGCCACGTTTTACGGCGGTAGTGATGCA
TCCGGGACAATGGGTGGAGCTTGTGGTTATGGAACTTGTATAGCGAAGGGTACG
GGACAAACACTGCGGCACTTAGTACCGCGCTTTTTAACAAACGGGTTAAGTTGCGG
GGGTTGTTATGAGATGATGTGCACGAACGATCCGCAGTGGTGCCTACCCGGATCG
GTCATTATCACCGCCACAAATTTCTGCCCGCCTAACTTCGACTTGCCAACGACG
CTGGGGGCTGGTGCAACCCACCACTCCAACATTTTGACATGGCTCAGCCTGCTTT
CTTGCAGATTGCTAAATACAAAGCTGGAATTGTGCCAGTATCGTTTAGAAGGGTT
CCATGTGTAAGAAAAGGAGGAATAAGGTTACCATGCATGGTCATTCTTACTTCA
ACTTGGTTTTGATCAGCAATGTTGGAGGTGCAGGGGAGGTTTCATGCGGTATCAAT
TAAAGGGTCCAATACAGGGTGGCAAGCCATGTCGCGAAACTGGGGTCAAATG
GCAAAGCAACTCATACCTTAATGGTCAAAGTCTCTCGTTTAGAATCACAACGAGC
GATGGAAGAACAACACTACAAGCTACAACGCGGTCCATGCTGGTTGGCAGTTTGGCC
AGACTTACACGGTCCCTTCAACTAATTTGTCCAACAAAACACACAAAGAAATGGA
AATTAATCCCAATTCCCATGA

Nucleotide

>HanEXPA-03

GGCTCCGCCTCTCCACGGTGGTTCTTGGGTGTCTTGTTTTTATTTATAAATACAAAC
CATCACCTCATTTTCCATACAACACATCTCACTTTCTTTAGTCTTTCTTATCTTTGC
AACATGAAGATATCTATGGTTCTCTTGCTCACTGCCACCCTCCTCCACACCACAAC
CGCCGCCTACGGCGGCTGGCAGAGCGCCACGCCACGTTTTACGGCGGTAGTGAT
GCATCCGGGACAATGGGTATGTTCTAAAGCTTATATGCTATAGTTGTATCATATG

AATAGGGGTGCCAAACTGGTCGTGTTTTCGGGTTAATGTGCCCAACGCTACATGA
AACCGAAAATTTGACACGAACATAAAAATCGTGTTAGATATATATGAACCCAAA
CACGACATGAATATTCATGGGTTTACACACACGACGCGTTAAACCATACTTTTTTC
TTATTTTTTTGAATATCAATAGTTTAACTACAATATTACAAATAAAAATGCAAT
TTTATATTA AAAAATTATATTACATTTATAAATATAATGTCGATCTCTGTTTTAAC
TTGGGTGTTCCGGGATGGAATTTGAAAATAAATTATTA ACTTATTGAAGCCAATAA
GTTAATAAGTTATTTGTAAAATCCCAAAATCTTAGTTTTCTGAAATAACTTATTGA
CTTGTTAGCTTTTTAATAACTCATTTCCAAACACAGTCTCAAACAACTTTTGGAC
TAAACACGTTTCTCTAGAATGAACTAAAATAAATAGGAACAACCTAGGAGCCG
CAGGTGGACATGAACACGACCATTAAGCTAAACGTGATAGCGGGTTCGACTCAA
AGCTAAAAGAACTCATGATAGGTTCAAGCTGTAACGTTGTGTTATAAATTTACAC
CGCTAATAAATATACGTTGATGTTTTAATCTAATAAGCCGTAAACCCGAACATTT
ACTTAGTACTACAAAATCGCAGATCAAGATACAATTTAGTTAATTGTTTTGCATTTA
TGTAGGTGGAGCTTGTGGTTATGGAACTTGTATAGCGAAGGGTACGGGACAAA
CACTGCGGCACTTAGTACCGCGCTTTTTAACAACGGGTTAAGTTGCGGGGGTTGT
TATGAGATGATGTGCACGAACGATCCGCAGTGGTGCCTACCCGGATCGGTCATTA
TCACCGCCACAAATTTCTGCCCGCCTAACTTCGACTTGCCAAACGACGCTGGGGG
CTGGTGCAACCCACCCTCCAACATTTTGACATGGCTCAGCCTGCTTTCTTGCAGA
TTGCTAAATACAAAGCTGGAATTGTGCCAGTATCGTTTAGAAGGTAAACCAAGGG
CGGTTTAGTCATTTGCTAATTATTA AACATAGGATTTTGACTTTATTAGTCCTAA
GCCTCATGTGTGATTTTAGACCTCAACATGATATTTGCGGGTTTAAATTTAGTCT
AAATGGGAGTGTTTAGTGAAA ACTATGAACACGATTAGATATACTAGCCGAGATC
GGGTCAATATGAAGAGTTTTGCAGGTTGACCCATTTATGTTTATAAGGTAAAGAT
ATGTTTTGTTAGGTCGTCGTA ACTTAAACTAGTTTGGCATTTTGTGCCAAAATTAA
AAAGCTAAAAGGAAATGGGTATCAAATTTACAATTTATATGTATTTGTTTTAAA
CATATTTGTATTTTTGGTATTAATGGTTTTAAATTTGTAATTTAAAATGTTACAAG
CAAAAACAAAAA AAAAAATAAAAAACAATAACAATAATATTTTTTTGGGTAA
ACAAGTTGTATTTTTGTTCATGAATATGAAATGATTTTTAGGTTTCGTGTCGTGTGC
TTATATAACCACGAATACAAACAGCATCACACCCCTATCCTAAACTACAATGATA
ATTTATTTATCTTTATAAGGATAACTAAAATTCGGTCTAAACCGATAAAACCATA
ACCAAATTGTGATGTAGTTAAATTGAACCGGTTTTTATCATGCAGGGTTCCATGTG
TAAGAAAAGGAGGAATAAGGTTCAACATGCATGGTCATTCTTACTTCAACTTGGT
TTTGATCAGCAATGTTGGAGGTGCAGGGGAGGTTTCATGCGGTATCAATTAAGGG
TCCAATACAGGGTGGCAAGCCATGTCGCGAAACTGGGGTCAA AATTGGCAAAGC
AACTCATACCTTAATGGTCAAAGTCTCTCGTTTAGAATCACAACGAGCGATGGAA
GAACA ACTACAAGCTACAACGCGGTCCATGCTGGTTGGCAGTTTGGCCAGACTTA
CACGGTCCCTTCAACTAATTTGTCCAACAAAACACACAAAGAAATGGAAATTTAA
TCCAATTCCCATGAAATCCTATGGATTCTGTCAACCAAACAGCCCCTTAGGGTT
CATTTGAATTTTGCTTTGCAATTTTCGACATACGAATTACATATTTTTACTACCGTA
TTCAAAAATATGCATTACA ACTCATATACCGCCCTCTACTCACTTTGTGTTTTGAG
GTTTTATTTGAAATAGCTTTTGTGGTTAGACAAAGCTGAAGATAAATCCGAATTT
GTATAATCTTTATGTTTTTGTGTTATTTTTATTGGAAGCAGAGGTGTTGATTAACA
TCCGCTCAACGTTGTATTAACATATCTCTATAAATGTTACCTTATGACATGATCA
ATGATAAAACTTCAATTTGTTTTGAGCCTTTCATATATACATGCTTTTTAAATCAA
GGC