

IDENTIFICATION

Species: *Helianthus annuus*

Locus: HanXRQChr17g0570851

Gene Model: HanXRQChr17g0570851

Description: HanEXPA-39

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

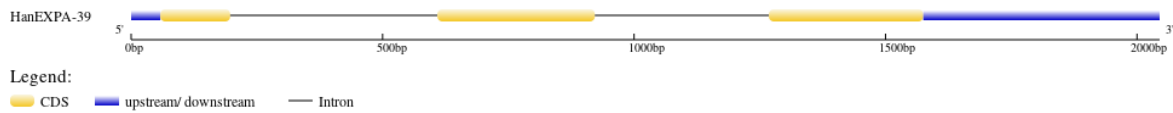
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2

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

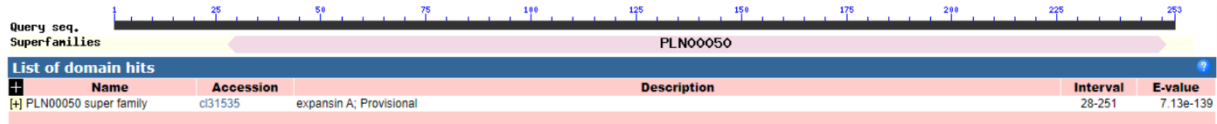
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>HanEXPA-39

MKSMAALTTFGFFFLGFLSVPVAVNADGGWVNAHATFYGGGDAAGTMGGACGYGN
LYSQYGTNTAALSTALFNGLSCGSCFEIKCVNDNKWCLPGSIKVTATNFCPPNTAL
PNNNGGWCNPPLQHFDLSQPVFQHIAQYKAGIVPVA YRRVPCLRRGGIRFQINGHSY
FNLVLVTNVGGAGDVHAVA VKGSKTGWQQMSRNWQNWQSN TYLNGQALSFKV
TTSDGKTVISNNVVPAGWSFGQTFTGAQFR*

CDS (coding sequence)

>HanEXPA-39

ATGAAATCCATGGCTGCTCTCACTACTTTTGGGTTTTTCTTCCTGGGTTTCCTCTCA
GTTCCC GCCGTCAACGCCGACGGCGGCTGGGTCAACGCTCACGCCACCTTCTACG
GCGGCGGCGATGCTGCCGGCACAATGGGTGGAGCATGTGGGTATGGGAATTTGT
ATAGTCAAGGGTATGGTACAAACACAGCAGCATTAAAGTACTGCTCTGTCAACAA
CGGGTTGAGTTGCGGGTCATGTTTCGAAATCAAGTGTGTGAATGACAACAAATGG
TGTTTGCCCGGCTCCATTAAGGTTACCGCTACCAACTTCTGCCACCTAACACCGC
CTTACCTAACAACAACGGCGGGTGGTGCAACCCTCCACTACAACATTTTGATCTC
TCTCAACCTGTGTTTCAACACATTGCTCAATACAAAGCTGGGATTGTTCTGTGTC
TTACCGAAGGGTACCTTGTTTGAGAAGGGGTGGAATTAGGTTCAAATCAATGGT
CATTCTACTTCAATTTGGTGTTAGTTACAAATGTGGGTGGTGCCGGAGATGTAC
ATGCGGTGGCAGTCAAAGGGTCAAAGACCGGATGGCAACAAATGTCAAGAACT
GGGGGCAAATTTGGCAATCCAACACTTATTTAAATGGACAGGCCCTATCTTTTAA
GGTCACTACAAGTGATGGCAAACCGTAATTTCTAACAATGTGGTCCC GGCCGGC
TGGTCTTTCGGGCAGACCTTCACGGGTGCCCAATTCCGTTGA

Nucleotide

>HanEXPA-39

CCACCATCCTCACCCTCACTAACAACACACACACACACACACACCACATTCTCAT
ACAATGAAATCCATGGCTGCTCTCACTACTTTTGGGTTTTTCTTCCTGGGTTTCCTC
TCAGTTCCC GCCGTCAACGCCGACGGCGGCTGGGTCAACGCTCACGCCACCTTCT
ACGGCGGCGGCGATGCTGCCGGCACAATGGGTACTAACTACATTCTTTCATAT
GAGAAATATCGTAGCTACTCTAGCTCGGGTAGCTAACTTGACCCGAGCTCTAGT
ATAAAAATAAGCTTGTTTAAACAATGAGCTAATTACGGTTATAAAGTTATTAATG

TACAAAGAATAATTTGATATTTATGCAAGATAAATGTAAAACCTGAGTTTGTTTA
AAAAGCTAGCTTTGTGTCATGCCCTGCAAAAATTCAGCACAAATTTTCAGCATT
TAGAACTTTCCAGGGCCATCTAGACGCGTCTGAGAGCTGCCTCTATGGCGCCTCA
GGAGAGTTAGAAAATTACTCCGTGACACCTCACTTGAGTTTTATTATTGACAATT
TTTTTTAGTTTTGGTTGATTAGTTAAGTGACATTTTGTGTTGTTGTATTGGGTAGG
TGGAGCATGTGGGTATGGGAATTTGTATAGTCAAGGGTATGGTACAAACACAGC
AGCATTAAAGTACTGCTCTGTTCAACAACGGGTTGAGTTGCGGGTCATGTTTCGAA
ATCAAGTGTGTGAATGACAACAAATGGTGTTTGCCCGGCTCCATTAAGGTTACCG
CTACCAACTTCTGCCACCTAACACCGCCTTACCTAACAACAACGGCGGGTGGTG
CAACCCTCCACTACAACATTTTGATCTCTCTCAACCTGTGTTTCAACACATTGCTC
AATACAAAGCTGGGATTGTTCCCTGTTGCTTACCGAAGGTAAGAGCAATTTTCCTC
ATTCAACAAGGGTATTTTGATAATTTTATGAGCATTTTCTTGAAAAGGGTATTTTA
GTAATTTTACAAGGATAGTTTAGTAAAATTACCAGTTTACCAAATTA AAAAGGTGT
TCTGGTAATTTTAAATATCAGCTAACAAACAAGGGTAGTTTAGTAATTTTACAAA
ACATTTTAGGTGAAATACAAGTGTAGTTTTGGCGAATTAAGAGTGTTTTAGTCGA
ATTAAAGGGTATTTTTCAAACAGAATGGCGTTTTGGTATTTTAGTCAATCTCTTAA
GGGTGTTTATTAATTTTACAAATATTTGTTTTTTTTTTGTTTCTGTTGTAGGGTACC
TTGTTTGAGAAGGGGTGGAATTAGGTTCCAAATCAATGGTCATTCCCTACTTCAATT
TGGTGTTAGTTACAAATGTGGGTGGTGCCGGAGATGTACATGCGGTGGCAGTCAA
AGGGTCAAAGACCGGATGGCAACAAATGTCAAGAACTGGGGGCAA AATTGGCA
ATCCAACACTTATTTAAATGGACAGGCCCTATCTTTTAAGGTCACTACAAGTGAT
GGCAAACCGTAATTTCTAACAAATGTGGTCCCGGCCGGCTGGTCTTTCGGGCAGA
CCTTCACGGGTGCCCAATCCGTTGAAAAGGACATTTTTACCCTTAATGGGTTGTA
GGTTTAGTGGTCACCTAGTATTTACTATTGTA ACTTTTTAGCTACTACAATAGGTA
CTACAATGTCTATGGGCTTAGTTTCAAAGGGCCTTTTAGTCATTTTGCTTTTTTTAG
GGTTACCTTAGTATTAAGAAAGGTTCCCTAGTATTTTAATAGTTGTGATTTGTTGT
TTTTGGTGTGTAAGGGCAGTGGTGATCTTTTGCACCCGCCAGAAGAGGATTTGAC
TTTTTTGCCCTTGTGGGTGGGCATTTGGACTAGGTTATGATATTGTGGTGTCTTTG
TTTGCAATGTTTTTGATTTTATGAGGTCTGAAGTTGTAAATTTAGGGTTTTTATTA
GTAATGGAAGGTGACTACAAATATCATTAGTTAAGGTTGTTTGGTGTCTCTATTTA
ATGTACTACATTTAATGGATGAAATACA ACTATTAATGCTGTTTTTTTT