

IDENTIFICATION

Species: *Helianthus annuus*

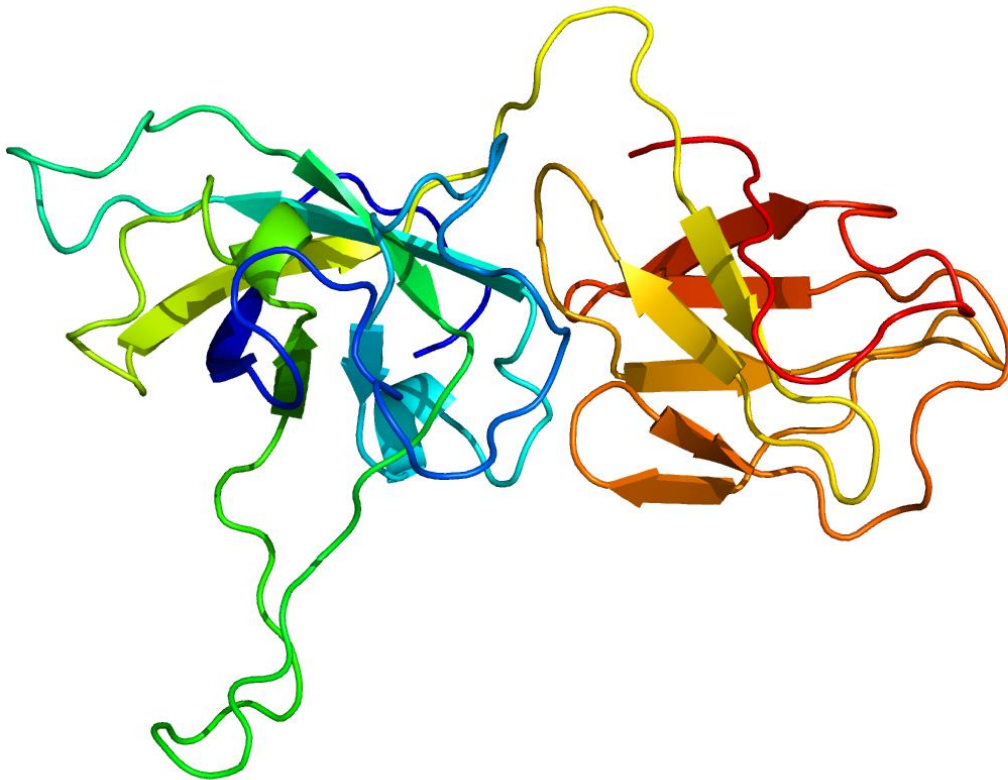
Locus: HanXRQChr16g0503111

Gene Model: HanXRQChr16g0503111

Description: HanEXPA-38

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

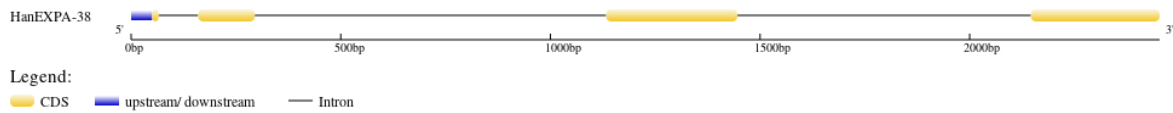
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2

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

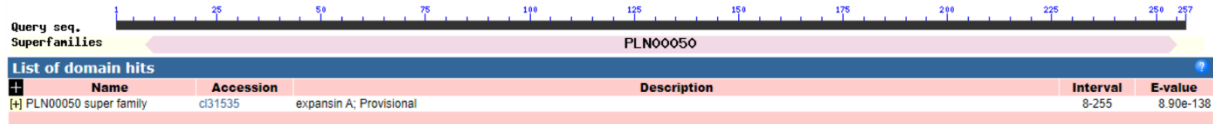
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>HanEXPA-38

MNFSKEKMTPIGILVVGILSMVSLVQGNNGGWVNAHATFYGGGDASGTMGGACG
YGNLYSQGYGTKTAALSTALFNNGMSCGACFEIKCAGEPKWCHPGSIVVTATNFCPP
NNALPNNAGGWCNPPQQHFDLSQPVFQQIAQYRAGIVPVHYKRVPCMKKGGIRFTIN
GHSYFNLVLITNVGGAGDVTAVAIKGSKTGWVPMSRNWQNWQSNLDGQALSF
KVTTS DGRTVVCNNAVPASWSFGQTF TGGQFT*

CDS (coding sequence)

>HanEXPA-38

ATGAATTTCTCTAAAGAAAAAATGACACCCATTGGGATTTTAGTTGTGGGTATTC
TTTCAATGGTCTCTCTTGTTC AAGGAAACAACAATGGAGGTTGGGTTAATGCTCA
TGCAACCTTCTATGGAGGTGGTGATGCTTCTGGCACAATGGGTGGGGCTTGTGGG
TATGGGAATTTATACAGTCAAGGGTATGGTACAAAGACAGCAGCATTGAGTACA
GCTTTATTCAACAATGGGATGAGTTGTGGAGCCTGCTTTGAGATCAAGTGTGCAG
GTGAACCAAAAATGGTGTGCATCCTGGTCTATAGTAGTAACTGCCACTAACTTCTGT
CCTCCAAACAATGCCTTGCCTAACAATGCTGGAGGTTGGTGCAATCCTCCACAAC
AACATTTTGATCTCTCTCAGCCTGTGTTTCAGCAGATTGCTCAGTATAGAGCTGGA
ATTGTTCTGTTTATTACAAAAGGGTACCATGTATGAAGAAAGGTGGGATCAGGT
TCACAATTAATGGACACTCATACTTCAACTTGGTACTAATAACAAACGTAGGAGG
AGCAGGTGACGTAACAGCGGTTGCGATAAAAGGTTCAAAGACCGGATGGGTACC
CATGTCAAGAACTGGGGTCAAACCTGGCAAAGCAACTCAAACCTTGATGGGCA
AGCTTTGTCTTTCAAGGTGACGACCAGCGATGGTTCGTACCGTTCGTATGTAACAAC
GCGGTCCCCGCCAGTTGGTCCCTTTGGCCAGACATTTACTGGCGGACAATCACTT
AG

Nucleotide

>HanEXPA-38

CCCCACTCATCATTTTCATCAACAAAGACCTTCAACTATTCTTCTTCCATGAAT
TTCTCTAAAGGTATTATAACCTTTATTGTTTTTTTTTTAATCCAGTTTCAGCTACA
AAGTTCAAGAATTTATAAAAATCTCAACTTTTGTTTAATTTTGCAGAAAAAATG
ACACCCATTGGGATTTTAGTTGTGGGTATTCTTTCAATGGTCTCTCTTGTTC AAGG
AAACAACAATGGAGGTTGGGTAAATGCTCATGCAACCTTCTATGGAGGTGGTGAT

GCTTCTGGCACAATGGGTACAAATAAAATACAACCGTTATGTTTTATCCTTCAGA
TTATTACTTTATTTTTTTATACTAGGTTAGAAACCAGTGTATAACACATGTAACT
ATATGTTTTTCAAAAATATTTATTTAAGTAACATATCATATATATCTCAAAGACG
TTTTATATAAAAAAATTAAGAATAAGACTTATGGTGTAATCATATTATTTACCA
AATTAATAAAAAATATTATCATTTAATAGAAGAGAGACGCGATAAATCAAATTCT
AGACTTCACTAGAAGTCGACATGGCCGGCTCAAGGGGAGTGAAATAAAGCAAGT
ATTTTGGGCCACCATTTTCATAGGGTCTCAGATTCTAAAAAAAATATTATATGTAA
GTGATCTTGGATTAAAGATTATTGATATTGAGATTTATGATCTATAATTATGTATA
CACTGAGATAAATATGAATAATAGGATCTAAAACAATTTTTTTTTTTATTTTTTATG
AAAAGAGCCTCAATTTTTCTATCTGCTTTGGGCCTACAATTTTTTGAGTGGAAGTC
GACACGTGTCATTTAGTATATGATATTAGAGTATCATCTTTTAGCTGCCTTGAAGT
GTGTTCCCGTTATTTTTATTATTAGATATACGCAATTATCAGGGGCGGACCTAG
GTGAAGCCTAAGCGGGCGCGTCCCTTAAAAAATTTAGTGTATTTTTTAGGTA
AAACCTGACTGCACCCACTGAAAATATGCTTGAACACTCATCTGCACCCCCAAC
AAATAATTCCCGGGTCCGCCACTGGCTAGCGATTATGGTTTATAAGTTGTAACAA
GTATGGGTATGTTAATATGCAGGTGGGGCTTGTGGGTATGGGAATTTATACAGTC
AAGGGTATGGTACAAAGACAGCAGCATTGAGTACAGCTTTATTCAACAATGGGA
TGAGTTGTGGAGCCTGCTTTGAGATCAAGTGTGCAGGTGAACCAAAATGGTGTCA
TCCTGGTTCTATAGTAGTAACTGCCACTAACTTCTGTCCTCCAAACAATGCCTTGC
CTAACAATGCTGGAGGTTGGTGCAATCCTCCACAACAACATTTTGATCTCTCTCA
GCCTGTGTTTCAGCAGATTGCTCAGTATAGAGCTGGAATTGTTCCCTGTTCAATACA
AAAGGTATTTATTATATACATGCAACAATCTTGATTGTTTAACCGGCAACGTTTGA
GTTCCCGACCCGAGGTCTAAGATTTGAATCCAACCTTCTACTGGTTTTCTCATGTTC
ACGGTCCGGTTTGGTTGGTTTTGACGAAATTTTGAGACGGACCATCAACTAAGAT
TTTGTGAAAATACAACTGAACCGACCAGGTTGGCTGGGTTGGTTGAACTGTCTG
GATTGACACTTCAGTATTGCCAGTTTTACGATTTTAGACGATAAAAAAATATTTTT
TAAACATAATTTTTTGTATTAGAAATCTAAAAAATACTAAGAATTGTTTATTTA
TATTATATTATATTATATTATATTATATTATATTATATTATATTATATTATATA
TTATATTATATTATATTATATTATATTATATTATATTATATTATATTATAACTACGT
GAATTTATATATCTAAAATAAAAAAGTATATAATAAATGTTAAACGACCGGTTCC
ATTTACATGACAAGCTACAAACAGTAAACCGAGTTGTAAACCAGCAGACCGTTA
AAATAGAACAGTAAACCGAACCATACATATTTCAAACCTCGAAGCCGGCCGACT
GTCTTCGGTTTGGACGTTTTACGAACCAATCTCACTCTAAAACAATCTGTGATAA
ATTTTTAAAGTGAATATTTTTGTTTTTATGTGACAGGGTACCATGTATGAAGAAA
GGTGGGATCAGGTTTACAATTAATGGACACTCATACTTCAACTTGGTACTAATAA
CAAACGTAGGAGGAGCAGGTGACGTAACAGCGGTTGCGATAAAAGGTTCAAAGA
CCGGATGGGTACCCATGTCAAGAACTGGGGTCAAACCTGGCAAAGCAACTCAA
ACCTTGATGGGCAAGCTTTGTCTTTCAAGGTGACGACCAGCGATGGTCGTACCGT
CGTATGTAACAACGCGGTCCCCGCCAGTTGGTCCTTTGGCCAGACATTTACTGGC
GGACAATTCCTTAG