

IDENTIFICATION

Species: *Helianthus annuus*

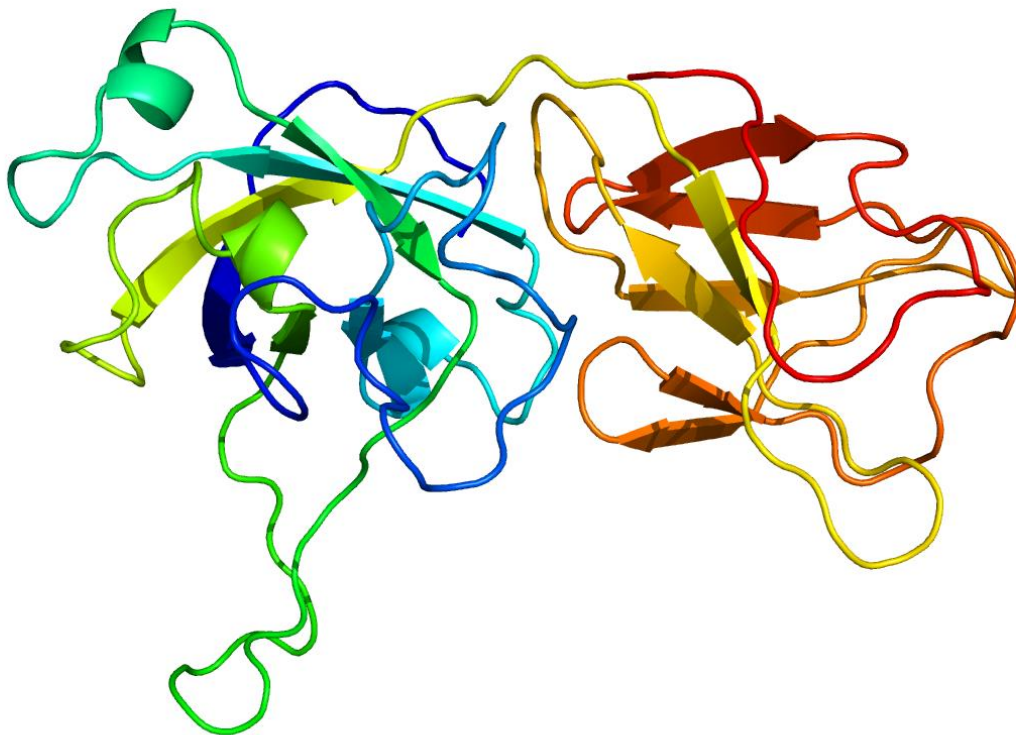
Locus: HanXRQChr05g0134961

Gene Model: HanXRQChr05g0134961

Description: HanEXPA-04

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

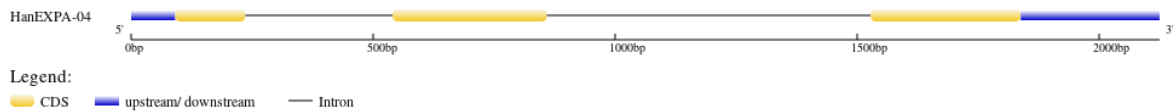
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2

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

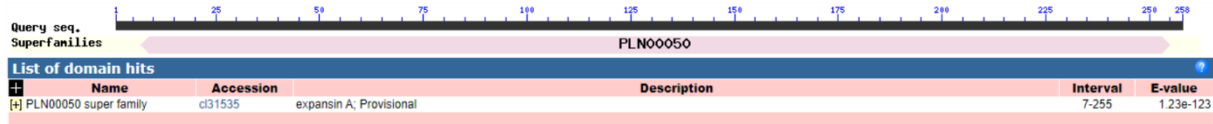
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>HanEXPA-04

MGITGGIIFLVLCLLSLTEARIPGNYAGGPWQSAHATFYGGSDASGTMGGACGYGNL
YSQGYGVNTAALSTALFNNGFSCGACFEIKCVNTPQWCLPGSPSIFITATNFCPPNYAL
PNDNGGWCNPPRTHFDLAMPNFLKIAQYRAGIVPVS YRRVPCRKAGGIRFTINGFRY
FNLVLITNVAGAGDIQKAWVKGTKTNWMSMSRNWQNWQSNVLTGQSLSRVTS
SDRRTSTSWNIVPANWQFGQFTTGKNFRV*

CDS (coding sequence)

>HanEXPA-04

ATGGGAATCACCGGCGGCATTATCTTCCTGGTACTCTGTTTGTTCGTTGACCGA
GGCCCGAATCCCCGGAACACTACGCCGGTGGGCCTTGGCAAAGTGCTCATGCCACG
TTTTACGGTGGAAGTGACGCCTCCGGTACAATGGGAGGTGCTTGTGGATATGGGA
ACCTATACAGCCAAGGATACGGCGTTAACACGGCGGGCGCTAAGCACGGCGCTCTT
TAACAACGGGTTTAGTTGCGGTGCGTGCTTCGAAATCAAGTGTGTTAACACCCCA
CAGTGGTGCCTCCCCGGAAGCCCCTCCATTTTCATCACCGCCACCAACTTCTGCC
GCCGAATTACGCCTTACCTAATGACAATGGCGGCTGGTGTAACCCTCCTCGTACT
CACTTCGACCTAGCCATGCCCATGTTCCCTTAAAATCGCCCAGTATCGTGCTGGCAT
CGTCCCCGTCTCTTACCGCCGAGTCCCTTGTAGAAAAGCAGGAGGGATTAGGTTC
ACAATTAACGGTTTCCGTTACTTCAACTTGGTTTTGATCACCAACGTTGCGGGTGC
GGGTGATATTCAAAGGCGTGGGTCAAAGGCACAAAGACCAATTGGATGAGCAT
GAGTCGAAACTGGGGTCAAACCTGGCAATCTAACGCTGTTCTCACCGGCAATCA
CTCTCCTTTAGAGTTACATCCAGTGACCGACGTACCTCCACCTCATGGAACATTGT
ACCCGCTAACTGGCAATTTGGTCAAACCTTCACCGGGAAAAACTTTCGGGTATGA

Nucleotide

>HanEXPA-04

CCCTCCATAAATACCCAACACCCCTCCTCTTCATCCTCCAAACCCACCATTACACT
CTCTCTTACAGTCTTCTCTCTACAATTCATTGAAATGGGAATCACCGGCGGCATT
ATCTTCCTGGTACTCTGTTTGTTCGTTGACCGAGGCCCGAATCCCCGGAACCTA
CGCCGGTGGGCCTTGGCAAAGTGCTCATGCCACGTTTTACGGTGGAAAGTGACGCC
TCCGGTACAATGGGTATGTTTCATATCTTTTTACGCCCTGGTTGTCCTAAGCAATG
TTTTCAGAACTAGACATCTTACTGGTCCACTGGTCAAACCGGATTTAAGAACCGG

ATAACATTATATATATATTATAAATTACAAGTATTCTCAGAATTTATGCAACTCAA
AAGAAAAATAATTTAGTAATTAATAAATGATTTAGTAATTAACGCTACTAGTAGT
CTAGTACTAGACTACTAGTAGCGTTAATAATAATTTTGGTACACTAATTCCCATTG
CATGTTATTGAGATTGTTTTTAACCTTCAATTATCACAGGAGGTGCTTGTGGATAT
GGGAACCTATACAGCCAAGGATACGGCGTTAACACGGCGGGCGCTAAGCACGGCG
CTCTTTAACAACGGGTTTAGTTGCGGTGCGTGCTTCGAAATCAAGTGTGTTAACA
CCCCACAGTGGTGCCTCCCCGGAAGCCCCTCCATTTTCATCACCGCCACCAACTTC
TGCCCGCCGAATTACGCCTTACCTAATGACAATGGCGGGCTGGTGTAAACCCTCCTC
GTACTCACTTCGACCTAGCCATGCCCATGTTCCCTTAAAATCGCCCAGTATCGTGCT
GGCATCGTCCCCGTCTCTTACCGCCGGTATGTTTTGCGCCTTTTTTCGTTCTTAGTT
TTTTAACCTACAACACACGATTAACCTTTTATTAAGTTCTACTCGTGAGACTTGAAC
CTGAACCACTTTAATAATTAATTAAGTAAACACATGTTGACATTACACCAAAG
TACCTTTTTTCGTTAATGTGTACTATTTTTTACTTGTATACAAAATTATTAAGAAT
TGCAACTTTAATTTGACTTTGATTTAAAAAAGCTGACCATTTGTTAATTGT
ACCATATATATATTCGCCCATGTGTAAACTTATCTTATTTCTGATATGACTTTTGG
AGTTTAAAAATATAAAAAATAAGAAATTATTTCTGATATGACTTTTGGAGTTTAA
GGGAAATTACCGATTGTTGCTCGTGTATCTTATGTTTTAATGTAAGTATAGTATGTA
TGAATAAAAAATGTTATATCTATAATAAAAAATAGTAGTTATTTAATTTAAAAAA
AAAAGAAAAAAGAAAATTGAGTATGTTTTAGAGGGAAAGTACCGATTGTAATCA
CCGGTGGTACGACAACCGGCACGTGATAAGAATAAAGCTTGTAGGTCCACAAC
ACTTTTACTATACTATAACCATGTCAACACCTTATGTATGTATATTGACGAACTAA
CCTTTGTGTTTATGATTTATTTCTGTAGAGTCCCTTGTAGAAAAGCAGGAGGGATT
AGGTTACAATTAACGGTTTCCGTTACTTCAACTTGGTTTTGATCACCAACGTTGC
GGGTGCGGGTGATATTCAAAGGCGTGGGTCAAAGGCACAAAGACCAATTGGAT
GAGCATGAGTCGAAACTGGGGTCAAACCTGGCAATCTAACGCTGTTCTCACCGGC
CAATCACTCTCCTTTAGAGTTACATCCAGTGACCGACGTACCTCCACCTCATGGA
ACATTGTACCCGCTAACTGGCAATTTGGTCAAACCTTCACCGGGAAAAACTTTTCG
GGTATGAAGAACGCCGGAATGGACACAATTCCCACCCCTCTAATCTATTTCGAATT
TGTTTCCATGAGTGACTGGATTTAACTGTGCGATTTGGTGTTTACTTAAAAAAT
CATCGTTTCTTGTAATAAATAACAACTTTGCAAACAGTGTGCGGTCTTAGTCAACC
AAATTGCAAAGTATGATGATATTAATTATATGTTGTTCTAATTAAGTTGGTGTTC
AATTCTAACTATAGCTGATTTTATATATTACTAAAGTTATCAGGTGGCTGCAA
TCTTTTTTTATTTTA