

IDENTIFICATION

Species: *Helianthus annuus*

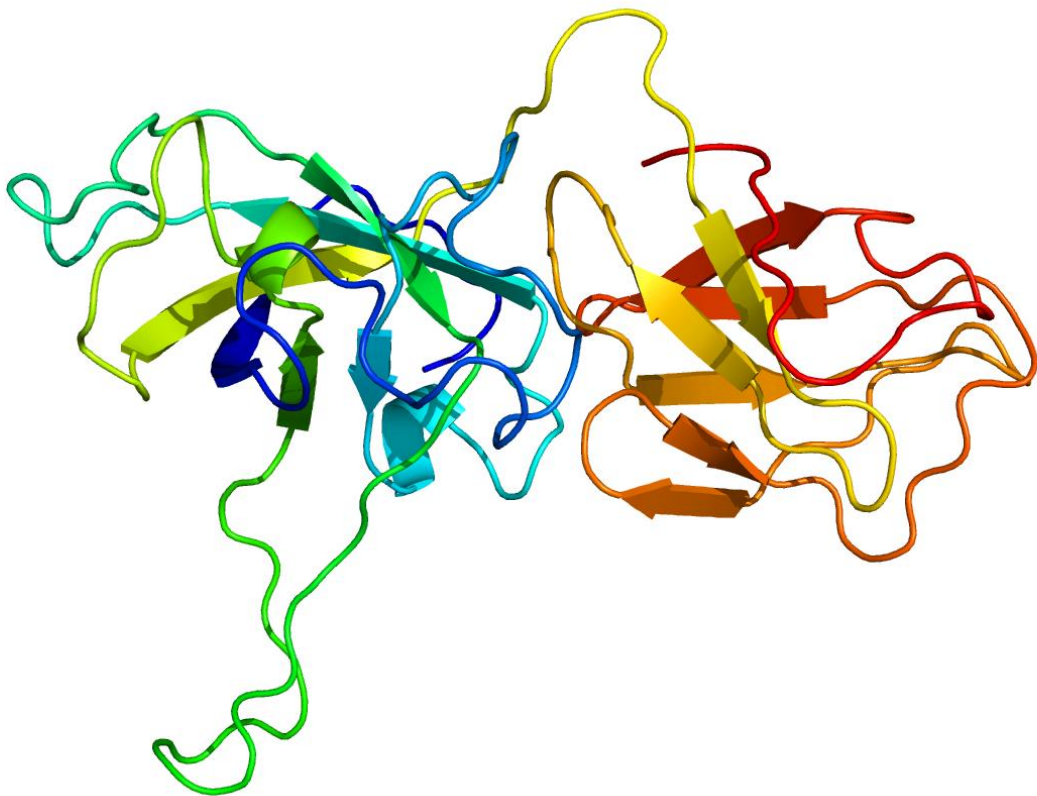
Locus: HanXRQChr16g0500671

Gene Model: HanXRQChr16g0500671

Description: HanEXPA-37

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

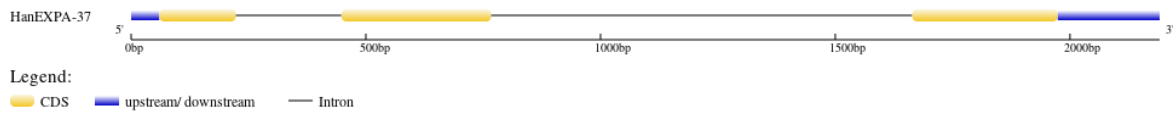
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2

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

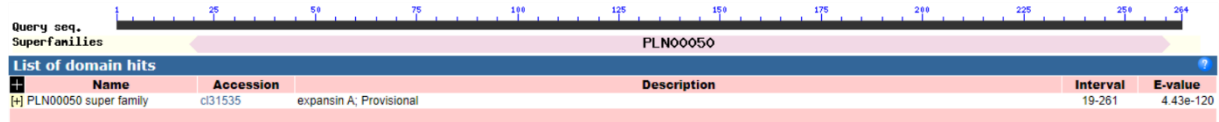
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>HanEXPA-37

MCVKMVVSGHVAYFLLVSIILTSVNARIPGVYTGQWETAHATFYGGSDASGTMGG
ACGYGNLYSQGYGVNTAALSTALFNGLSCGACFEIKCVNDPQWCHPGSPSIFITAT
NFCPPNFAQPSDNGGWCNPPRTHFDLAMPFLKIAEYRAGIVPVS YRRVPCRKQGGV
RFTINGFRYFNLVLITNVAGAGDITRAWVKGSRTGWMSLSRNWQNWQSNVAVLVG
QSLSFRVTGSDRRRTSTSWNIVPANWKFGQTFVGKNFRV*

CDS (coding sequence)

>HanEXPA-37

ATGTGTGTGAAAATGGTGGTCAGTGGTCATGTGGCTTACTTTCTACTTGTGTCTAT
AATTTTAACGTCCGTCAACGCTCGTATACCCGGAGTTTACACCGGAGGCCAATGG
GAAACTGCTCACGCCACCTTCTACGGTGGCAGTGATGCCTCCGGCACCATGGGTG
GAGCGTGTGGGTACGGAACTTGTACAGCCAAGGGTACGGGGTCAACACAGCGG
CGTTAAGCACTGCTTTGTTCAACAATGGGCTGAGTTGTGGGGCTTGTTTTGAGATA
AAGTGTGTGAATGACCCACAATGGTGCCATCCCGGGAGCCCATCGATTTTCATCA
CGGCCACTAATTTCTGTCCGCCTAATTTTCGCTCAGCCAAGTGATAATGGTGGGTG
GTGCAACCCTCCTCGAACCATTTCGATCTCGCCATGCCTATGTTTCTCAA AATTG
CGGAATATCGTGCTGGTATAGTTCCCGTTTCTTACCGCCGGGTGCCATGCCGAAA
ACAAGGAGGTGTAAGATTCACCATCAATGGATTCCGTTACTTCAACTTGGTTCTC
ATCACCAACGTTGCCGGAGCAGGGGACATAACTCGAGCATGGGTGAAAGGTTCA
AGGACCGGATGGATGAGCCTTAGCCGAACTGGGGTCAA AACTGGCAGTCAAAT
GCAGTGCTTGTGGTCAATCACTTTCGTTTAGGGTCACGGGTAGTGATCGACGCA
CTTCCACTTCTTGAACATTGTTCTGCTAATTGGAAGTTTGGACAAACCTTTGTT
GGCAAAAATTTCCGAGTTTAA

Nucleotide

>HanEXPA-37

GCGGTTCCAATTTTCATACTCTTCACACTTTCAACTCCA ACTATTCTAAACTCTGTT
CTTCATGTGTGTGAAAATGGTGGTCAGTGGTCATGTGGCTTACTTTCTACTTGTGT
CTATAATTTTAACGTCCGTCAACGCTCGTATACCCGGAGTTTACACCGGAGGCCA
ATGGGAAACTGCTCACGCCACCTTCTACGGTGGCAGTGATGCCTCCGGCACCATG
GGTGCATCACCATTTCCATTTTAATAATAAACATGCTACAAGTTCATTATCATTTA

TTTAAGTTTCCGTTTTCTTAGATTCATACAAATATATACAATCTCATACGTCCAAA
TAGAAGGTAAACGAACAATAAGTTGTGTAGATACGTCTTTTTAAATAGTAAAAGT
AAGTCTTTTAAACTAGTTACTTTTAATAGTTAATGGAAGTTGGTTTGATTGTGTTG
CAGGTGGAGCGTGTGGGTACGGAACTTGTACAGCCAAGGGTACGGGGTCAACA
CAGCGGCGTTAAGCACTGCTTTGTTCAACAATGGGCTGAGTTGTGGGGCTTGT
GAGATAAAGTGTGTGAATGACCCACAATGGTGCCATCCCGGGAGCCCATCGATTT
TCATCACGGCCACTAATTTCTGTCCGCCTAATTTTCGCTCAGCCAAGTGATAATGGT
GGGTGGTGCAACCCTCCTCGAACCCATTTTCGATCTCGCCATGCCTATGTTTCTCAA
AATTGCGGAATATCGTGCTGGTATAGTTCCCGTTTTCTTACCGCCGGTAAGCCTTCT
TTTCTTCTTGTCTTCTTATTTAAGTACAGTAGACACTAGTATCTGAAAATTTATG
GTTTTAGCAAACATATTTGGTAGTGTTCACCCGTAGATAGGATATGGGGAGGGT
GAGACGAAGTGTAAGGTGACACGGTTTTAAATAACAACATTATCTTATATTTGAC
CAGAACTGGGTTGAAAACAAAGCTCAATCGCAAGGAGCTACCCAAGATTGGCTC
GATAAACTCGAACTGAGTCGAGTTTTAAACGAGCTCGAGCTTTTATCGATGCTCA
TTTAACAAGCGAGCTTAACCGCGAGCTTCACACATCAAACCCGAGCCGCTCACAA
GCCTAAATGAACCTTTTATTTATATAGCTTTTATTTGATTTATTTAATATATTTGTA
CAATACTTATTATTATATTTAAAATCATCATAAAAATAATTAGATAATATATATTA
CTTTATATATAAACTTAGTTTTAAATATGCATGTAAATAATTATATAATAACAAG
ACAAGCTCAGACTTGAAAACTACTCACAATCCGAGCTCAAACCTTTAAAAGTAGA
ACTCTAAAAGAGTCGAGCTCAAAAACAAGCTCTCTTAATGTTAAACAAATTGAGC
TCGAACATAAACGAGTTCAAGCTCAGTTCGACTCATTGACCCCTACTAGAACT
TATTTAATAGAGCTACAAATTAAGTTTTAAACCTTTAAATGATATATATTATTTAC
TATATTTGGTGATTATGTATCAAATTTTCCAACATCTTTAAGACTTTCCACCCGGA
AAAACCGGGCCGCGTGACCCTACCCTCAAACCGTGTTTACATTTACACATATAC
CAATTTACCCTTGTACACTTACTAAATGGGAAAAAAAAAACATTGTGTTACATAG
GGTGCCATGCCGAAAACAAGGAGGTGTAAGATTCACCATCAATGGATTCCGTTAC
TTCAACTTGGTTCTCATCACCAACGTTGCCGGAGCAGGGGACATAACTCGAGCAT
GGGTGAAAGGTTCAAGGACCGGATGGATGAGCCTTAGCCGAACTGGGGTCAAA
ACTGGCAGTCAAATGCAGTGCTTGGTGGTCAATCACTTTTCGTTAGGGTCACGGG
TAGTGATCGACGCACTTCCACTTCTTGGAACATTGTTCTGCTAATTGGAAGTTTG
GACAAACCTTTGTTGGCAAAAATTTCCGAGTTTAACCACTTGGTTATTAATCGGT
CAAGTAAACATTTACTAAAATTACACAAGCTTTATAATAAAGAATTTGTGTA
TACGAGCAAGTTTAGAAAGAGTGTGATTGGGAGGTGTGAAGTGGCTATAAACTA
CAAAGTCATGCCTCGAGTCATGACGGCCCGCAACTTTCTTTTTTTTTTAAATATT
TTTATGTTATCATCATTATGAAAAATGGGAA