

## IDENTIFICATION

**Species:** *Sesamum indicum*

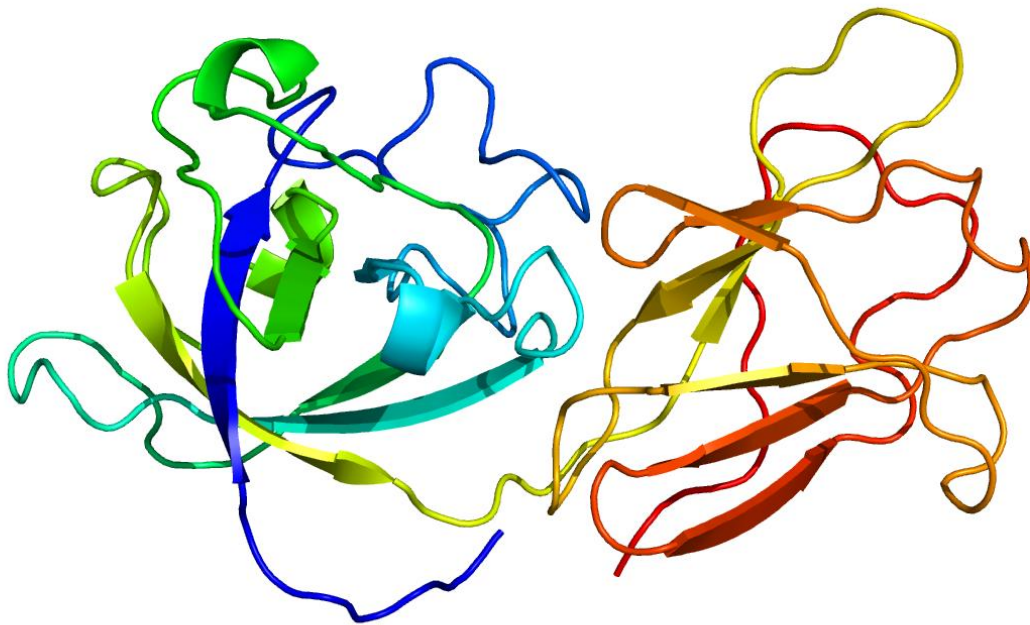
**Locus:** XP\_011073047

**Gene Model:** XP\_011073047.1

**Description:** SinEXPA-04

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Sesamum+indicum%5Borgn%5D>

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/gn:T04135>

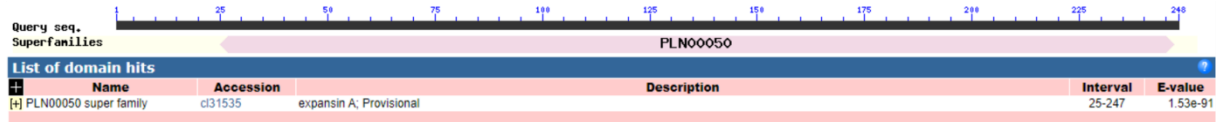
## EXTERNAL RESOURCES

-

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>SinEXPA-04

MGFLHGFMCFSVVFVAVVDIGYVVAGWDRAHATFYGNIKGDETMQGACGYGNLFE  
QGYGLTTTALSTALFNNGAACGACFELMCTKAPQWCIRGKIRVTATNFCPPDYTKTQ  
DIWCNPPQKHFDLSLPMFLKIAKYKAGIVPVVYRRVMCGKKGGIKFEMKGNPYWML  
VLVYNVGGVGDVVSVRVKGNSNWNWQMARNWQNWQTWERLQGGQSLSFVVKTS  
DGETVKAYNVAPKNWQFGKTYEGKNFH

### CDS (coding sequence)

>SinEXPA-04

CGTAGGTGTGTGGGATCATGGGTTTCTTACATGGGTTTATGGTTTGCTTTTCAGTT  
GTTTTTGCAGTGGTGGATATTGGTTATGTGGTTGCTGGATGGGATCGTGCTCATGC  
TACGTTCTATGGGAATATAAAAGGCGATGAAACCATGCAGGGAGCTTGTGGATAT  
GGGAACCTATTTGAGCAAGGATACGGCCTCACAACTGCTCTAAGCACCGCAC  
TGTTCAACAATGGTGCAGGCTGTGGAGCTTGTTCGAGCTAATGTGCACAAAAGC  
CCCACAATGGTGCATCCGAGGGAAAATTCGTGTGACGGCCACGAATTTTGGCCCT  
CCCGACTACACAAAACCTCAGGATATTTGGTGTAAACCGCCTCAAAAACACTTTG  
ACCTATCGTTGCCAATGTTCCCTTAAAATTCGCAAATACAAGGCTGGGATAGTCCC  
TGTCGTGTATAGGCGAGTCATGTGTGGCAAGAAGGGTGGGATCAAGTTTGAGATG  
AAGGGGAATCCGTATTGGATGCTTGTCTTGTGTACAACGTTGGAGGAGTTGGCG  
ACGTTGTATCGGTTAGAGTTAAGGGTTCTAACTCGAATTGGGTTTCAGATGGCCCG  
CAATTGGGGCCAAAATTGGCAGACTTGGGAAAGACTGCAGGGACAAAGCCTGTC  
GTTTGAAGTGAAAACCTAGTGATGGTGTGACGGTCAAGGCTTATAATGTGGCCCCA  
AAGAATTGGCAATTTGGAAAACTTATGAAGGGAAGAATTTTCATTAG

### Nucleotide

>SinEXPA-04

GTAAATATTCAGCCTAATACACTTTTGTCCCATTAGTTACAGGACTCTCATTAGTG  
ATTCCATGATTTCAAATAAAATCACTTTTAGCCTATTCATCAAATTTTGTATTAC  
TTGAACTCAAGAGCATGCGGGTATTAACCTCTCGATTTTTTGGATAACAGTCATGC  
ACGTGCATTTTTCGTCAAAAATACTAACAAAATTTGATGAGAATTTTCGTAACATA  
TGGAACGAAAATGCATTAATAGAATATGAGATGAAAATGGTATCTCCCAAT  
GTATGTACTACATATACATATTAATAATAGAACGACAAAAAATATGATAAAAAA

TCCACATACCACATTCCGAGAACTAACCCTATCCCAAACCTTGCATTCATCCAA  
ACACAAAAATACCCATTAATGAGCTTGTAACAATTTATTGAGATATTGAGAATAA  
TAAATGACCAATTACACTATACATTTTACTTGTCTACTCGATCTCCTAACGAATCT  
CAATCTAATGAAAATTCTTCCCTTCATAAGTTTTTCCAAATTGCCAATTCTTTGGG  
GCCACATTATAAGCCTTGACCGTCTCACCATCACTAGTTTTCACTTCAAACGACAG  
GCTTTGTCCCTGCAGTCTTTCCCAAGTCTGCCAATTTTGGCCCAATTGCGGGCCA  
TCTGAACCCAATTCGAGTTAGAACCCTTAACTCTAACCGATACAACGTCGCCAAC  
TCCTCCAACGTTGTACACAAGAACAAGCATCCAATACGGATTCCCCTTCATCTCA  
AACTTGATCCCACCCTTCTTGCCACACATGACTCGCCTATACACGACAGGGACTA  
TCCGAGCCTTGATTTTCGCAATTTTAAGGAACATTGGCAACGATAGGTCAAAGTG  
TTTTTGAGGCGGGTTACACCAAATATCCTGAGTTTTTGTGTAGTCGGGAGGGCAA  
AAATTCGTGGCCGTCACACGAATTTCCCTCGGATGCACCATTGTGGGGCTTTTGT  
GCACATTAGCTCGAAACAAGCTCCACAGGCCGCACCATTGTTGAACAGTGCGGGT  
CTTAGAGCAGTCGTTGTGAGGCCGTATCCTTGCTCAAATAAGTTCCCATATCCAC  
AAGCTCCCTCTGCAACAAATTCAAGTAGATTCATTTTAGCATTGATAACTAATTTT  
ATAAAAAACAAAGTTGAAGATAAAGACAAGTACGATAATCAAGAACATACGGAT  
ATTTTTTGGCAATGATGCGTGCATTTTATTGACTATGCAAAGAATTGGCAAGTCT  
AATGATTTTTGAAATACGATCCACCAAATATTTATATCAAATAAAAAATGAAAA  
AAAATACATTTTTCATTCTATAACTATAATGGGGAAAGTATTTTTTGATTCATTTAG  
ATTTTAATTTTATAATTGAGGACAATAATTTAAAAAAAGTAGCATTTTTTTTTAAC  
AAATTTATGCCAAAAGTATCAAAAACATAAGGGGTGTCATGTGTCAAGCTGC  
ATGTGCCTTTTCAAATTGAACCAAATGTTCAATATTTTGGTTAAGTTACTGTTCT  
CAATTATAAAATTAATAATTAACGTTTTCACCCATTATAATTATAGAACAAAAAA  
TGCATAATATATTCTAAAGATTATCATAGCACGCCAGATTGAAAAGATTAAACGG  
ACTTGATCGATCGACACAGGTTCAAATTTAGATTTCCCTTATAGTAAGGAATTA  
GTAAACACTCCTTACATAATTTCATACCCATATTTGTATCAATCACAATAGTTCAG  
ATTAATAAACAGGACTCTCTATAAAAAAAAAAAAAACGACCGGCAATTTTTGATT  
CATTTTCGATTTTAATTTTATAATGGGCGGCAATAACTTTAAAAAAAATAGTATTTT  
CAATTCAATTTCAATTGAAAATTGTCAATTTACCAGCAAATCAGGGTTTGTCA  
CATGCCGAAGCACGTAATTTTTTTTGTTCGATAGAAATTGGACCAAATATACTATTT  
TTTTCGTTAAATTATTTTCAATACGAACAACATGAAAAATATCAATCAAGAAAA  
CGAAAAAATTCAAAGGGAATAAATTTAAGAAAAAAAACACTCACGCATGGTTTC  
ATCGCCTTTTATATCCCATAGAACGTAGCATGAGCACGATCCCATCCAGCAACC  
ACATAACCAATATCCACCCTGCAAAAACAACCTGAAAAGCAAACCATAAACCCA  
TGTAAGAAACCCATGATCCACACACCTACGTATAATTCTCCAAAATTTTCAGA  
CACAAATACATATTCTTGAAAACGTTAATTTATAGTATTGCACAAAGTGGTAGGT  
GGGCAGAAATCGTCTGTTACTTGTAAATAGTAAAGTGAAATGGTGAAATGTGATAT  
GGAGTGAAAGGAGGGGAGATTTGGTGGGAGTAAGTGCTGACTGCTGACTGTAAT  
AGAATTCAATACATTTCTAATTAGGCATACAGAAGATCCCATTGGTTGTGTTACTT  
TCCAAAAGCTCTGTGAGGGGGAATGTGTTTCTTCCCTTTCACAAAACAAGAGTA  
TCTTTCTTTGGTTGGAAAAGAATTGATTTTTGTGGTCTATGTGGAGAAGTGATTT  
ACAGTATGTACAAATATTGTTGAATTTGGAACCAAATTGATTGTAATTAGTTGAA  
AAGATTGAAAAGAATTGAGTGAGATTTGAAGAACACATTTTAGGGTTGGATTTTG  
TGGTGTAGGATTGGGAGATTGGTCAATATGGCGAA