

## IDENTIFICATION

**Species:** *Sesamum indicum*

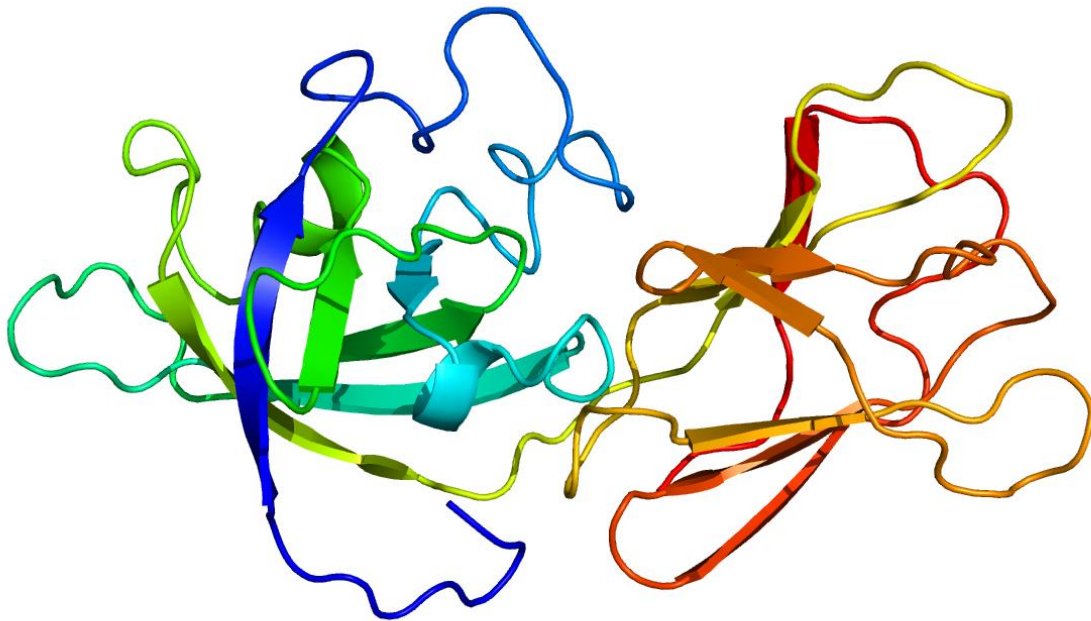
**Locus:** XP\_011083443

**Gene Model:** XP\_011083443.1

**Description:** SinEXPA-13

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

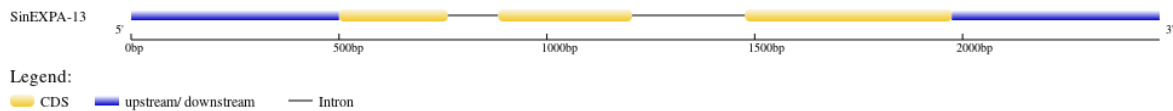
NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Sesamum+indicum%5Borgn%5D>

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

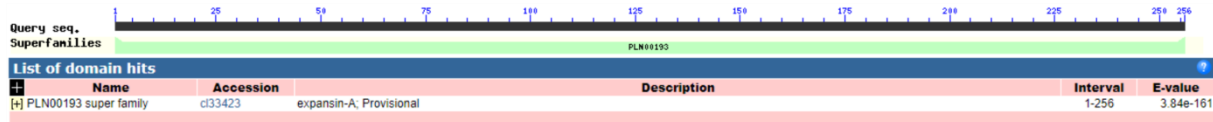
## EXTERNAL RESOURCES

-

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>SinEXPA-13

MAINGFSLALMVGIIYFVTNTDAFTASGWSRAFATFYGGSDASGTMGGACGYGNL  
YSSGYGTRTAALSTALFNNGASCGQCYKIICDFKANPQWCKRGVSVTVTATNFCPPN  
YDLPSNNGGWCNPPRQHFDMAQPAWEKIGIYRGGIVPVLVYQRPCKKHGGVRFTMN  
GRDYFELVLISNVGNAGSIRSVRIKGSKTGWMSMSRNWGANWQSYSYLNQSLFSM  
VTTTDGITKTFSNVVPSNWAFFGQTYSSPIQF

### CDS (coding sequence)

>SinEXPA-13

CTCTCCACCTGCTTCTTTACCTTAAATTCTCCCACCTATATAAACTCCTCCCACATC  
TTCTTTTAGTTCATCCACACTCATCTCTTCCCGCAATTTTCTCCTTTATCAAACATC  
TCAAATATGGCGATAAACGGCTTTTCCTTATTGGCACTTATGGTCGGAATCTACTA  
CTTCGTCACCAATACCGATGCCTTCACAGCTTCCGGCTGGAGTCGGGGCGTTCGCC  
ACCTTCTATGGAGGCAGCGATGCTTCCGGAACCATGGGGGGTGCTTGTGGGTACG  
GCAACTTGTATTCATCTGGCTACGGGACTAGAACTGCAGCATTGAGCACGGCACT  
GTTCAATAACGGGGCGTCGTGCGGGCAATGCTACAAGATCATATGCGACTTCAA  
GCTAATCCGCAGTGGTGAAGAGAGGGCGTGTGAGTACCGTCACTGCCACAACT  
TCTGCCACCAAAATTATGATCTTCTAGCAACAATGGTGGGTGGTGAACCCTCC  
CCGCCAGCACTTCGACATGGCTCAGCCCGCTTGGGAAAAGATTGGCATCTATAGA  
GGCGGCATAGTGCCCGTTCTCTACCAAAGGGTACCTTGCAAGAAGCATGGTGGAG  
TGAGATTCACCATGAACGGTAGAGACTTTCGAGCTGGTGTGATCAGCAACGT  
GGGCAACGCTGGATCCATTCGATCAGTCAGAATCAAGGGCTCAAAAACAGGGTG  
GATGAGCATGTCTAGGAACTGGGGTGCTAACTGGCAATCCTACTCTTACCTCAAC  
GGCCAATCCTTGTCGTTTCATGGTCCACCACCACCGACGGCATTACCAAACTTTCTC  
AAACGTTGTCCCTCCAACCTGGGCTTTCGGACAGACGTACTCTAGCCCAATCCAA  
TTCTGAGCTCTAAATGGGCTGGCATCCCAGTTCTGGGCCGCGGCATGCTTTTTTAT  
TTTTCTGAAAGCAGCCCGCCAAAAGAAAAATTATAATTGTGAAATGTGTGCGGA  
GTGAGTCCATGGACTCGGGGGCTGTAAGAATTGGTTCAGACTGTATTTAGCGATT  
AGTTTCTTTGGTTTCAAATGTACACATCCA

### Nucleotide

>SinEXPA-13

GGATAACTCGTTATTAATAATTTGTGAAAAATGGTCTTTTTCTCCCTTATTTGATTG  
CTCTTTTTACTCCAAACATCTTATATTTAGGATTTTATAAGCTCTATTAGAAAAAT  
AATTTATTAAGTAATTTATTATATTTTGAAAAGCTTATAAGCTCAACCAAAATGA  
GCTAATGGAGTTGTAACGATCAAGTCGGGTAATACCCTGATATATTTTGCAAAAG  
AAAATATGCTATTAATTTTAGATAATTGTAATGAAAAATTAATCTATCTAACTCTT  
TTATCATTTGAAAAAAAAAAAAATAGAGAGAGAGAGAGAAAGAAAGAATGTGAGA  
AATGAAAAATTTTGGTGTGCTAATTTGATTGATCCATTCACGCCTGGTCTATTGGG  
AGATCCATGTGGGGGTAGTGAGAGAACGTGGGAATAATTCTGCATTCTTCATACC  
CCAAAATATTATAATTGTTTCAGATTTTCAGCTTCTTGCTGCTCTCTCACATCTCAC  
CACTCTCCACCTGCTTCTTTACCTTAAATTCTCCCACCTATATAAACTCCTCCCAC  
ATCTTCTTTTAGTTCATCCACACTCATCTCTTCCCGCAATTTTCTCCTTTATCAAAC  
ATCTCAAATATGGCGATAAACGGCTTTCCCTTATTGGCACTTATGGTCGGAATCTA  
CTACTTCGTCACCAATACCGATGCCTTCACAGCTTCCGGCTGGAGTCGGGGCGTTC  
GCCACCTTCTATGGAGGCAGCGATGCTTCCGGAACCATGGGTACGTAATTTTTAT  
TCGCAAAAAGGATAATTTACTCATTTATAATATTATAAGGGGAAAGTGTATTA  
CCCAATTA AAAACGATCAAGAGTTGAAGTTTAAATTATTGTGACATGCAGGGGG  
TGCTTGTGGGTACGGCAACTTGTATTTCATCTGGCTACGGGACTAGAACTGCAGCA  
TTGAGCACGGCACTGTTCAATAACGGGGCGTCGTGCGGGCAATGCTACAAGATCA  
TATGCGACTTCAAAGCTAATCCGCAGTGGTGCAAGAGAGGGCGTGCAGTGACCGT  
CACTGCCACAACTTCTGCCACCAAATTATGATCTTCTTAGCAACAATGGTGGG  
TGGTGCAACCCTCCCCGCCAGCACTTCGACATGGCTCAGCCCGCTTGGGAAAAGA  
TTGGCATCTATAGAGGCGGCATAGTGCCCGTTCTCTACCAAAGGTCCTTTCCCTTT  
TACTCCCTTCTGTACTCTTTACTATCGTGTACCTAATCAGTACCGAAAAGGATT  
ATTTGTCCATTTAAATCATCCGGGCATTACGGGTTCATACTGGAATCAGTCGTCTA  
CGATGAACTCAAACCTGATCAAACCTAAGTTAATCTACTTGCGATATGATCGATT  
AATCCAGATACACTATGTGAACACATACGCATTTAGCGAAAATAAAAAAAAAAAAA  
ATCAAATGTGGATGATCAATCTAAATTTGTAATGCAGGGTACCTTGCAAGAAGC  
ATGGTGGAGTGAGATTCACCATGAACGGTAGAGACTACTTCGAGCTGGTGTGAT  
CAGCAACGTGGGCAACGCTGGATCCATTCGATCAGTCAGAATCAAGGGCTCAA  
AACAGGGTGGATGAGCATGTCTAGGAACTGGGGTGCTAACTGGCAATCCTACTCT  
TACCTCAACGGCCAATCCTTGTCGTTTCATGGTCACCACCACCGACGGCATTACCA  
AACTTTCTCAAACGTTGTCCCCTCAAACCTGGGCTTTCGGACAGACGTACTCTAGC  
CCAATCCAATTCTGAGCTCTAAATGGGCTGGCATCCCAGTTCTGGGCCGCGGCAT  
GCTTTTTTATTTTTCTGAAAGCAGCCCGCCAAAAAGAAAAATTATAATTGTGAAA  
TGTGTCGGGAGTGAGTCCATGGACTCGGGGGCTGTAAGAATTGGTTCAGACTGTA  
TTAGCGATTAGTTTCTTTGGTTTCAAATGTACACATCCATGGAAAGATACAAA  
AGCATAATAAGAAGCGGGATGTAATGTCGCTTCACAATTTCTATTTTTTCTAGTTGTA  
ATTGCAAACCTTTGTAATTATTATTACGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGGATGGT  
GTGTGATTGTTTAAAGATTTTGCATTTGGATTTCTAATTACAAATTGTTTTTCTGATCT  
TGTGTCTGGTGTCTGATTTTGTCAAAGTAAGTTTCCAATATAATTTATGAGAG  
AAAAATAAAAAAAAAAATTATGATGTCGTTTGATTTTTTTTACTTAATTAATAATA  
TTATTTTTTGTTTTTTAATTTAAATACAAAAAATACTTGATACTATTCGATATCAAT  
AGGTTTGAATGATGGTGTGGGTATCCAAAAAACAGTAAATTGCAAAAGAAAA  
ACGATTTATTTGTAATGTTACCATCTAACTTTCTCATCATGTCATATTA  
ATAAAAAATTAACTTGAAAACCTAATAACAAAAATATCA