

IDENTIFICATION

Species: *Helianthus annuus*

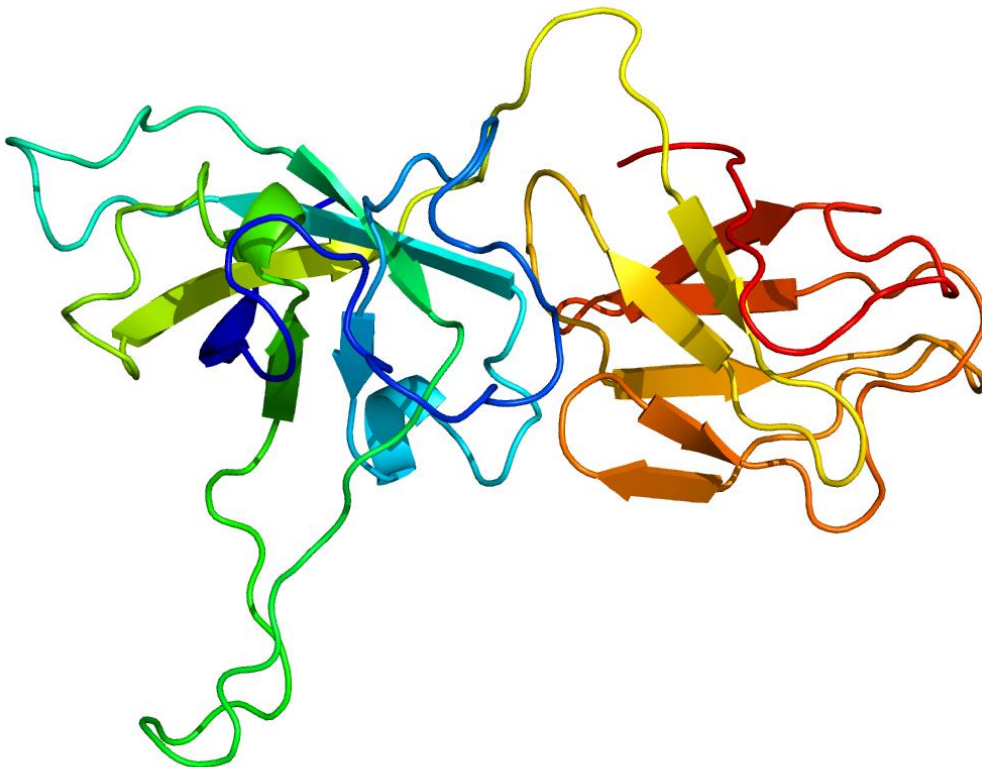
Locus: HanXRQChr07g0203691

Gene Model: HanXRQChr07g0203691

Description: HanEXPA-08

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

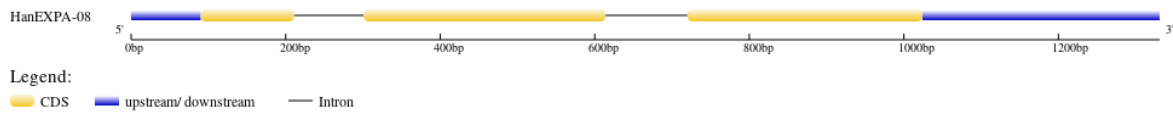
Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2

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

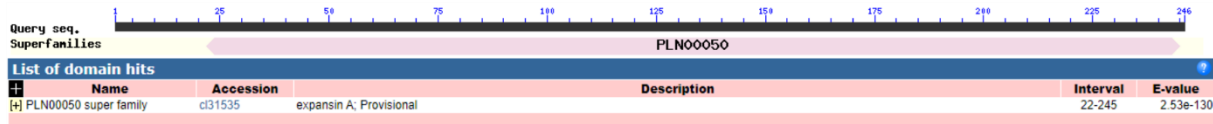
EXTERNAL RESOURCES

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

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>HanEXPA-08

MALSTLTIVSLLLSSFSLVYGGWESAHATFYGGGDATGTMGGACGYGNLYSQGYGT
NTAALSTALFNGLSCGSCYEMRCNDPKWCLPGSIIIVTATNFCPPNPAQPNDNGGW
CNPPLQHFDLAEP AFLKIAQYRAGIVPVSFQRVPCVKKGGVRFTINGHSYFNLVLITN
VGGAGDVHSVSIKGSKTGWQPMSRNWQNWQSNNYLNGQSLSFQVTTSDGKTITS
YNVAPSNWQFGQTFQGGQF*

CDS (coding sequence)

>HanEXPA-08

ATGGCCCTTTCAACACTCACCATTGTCTCTCTACTTCTATCTTCCTTTAGTCTTGTC
TATGGAGGTTGGGAAAGTGCCCATGCCACCTTCTATGGCGGCGGAGATGCCACCG
GAACAATGGGGGGTGCTTGTGGCTATGGAAATTTGTATAGTCAAGGATACGGTAC
CAACACTGCCGCATTGAGTACCGCACTTTTTAACAAATGGCTTAAGTTGTGGGTCTT
GTTACGAGATGAGATGCAATGACGACCCTAAATGGTGCTTGCCTGGCTCCATCAT
TGTCACCGCCACCAATTTTTGTCCACCTAACCTGCCCAACCTAATGACAATGGC
GGGTGGTGCAACCCTCCTCTCCAACATTTTGATTTGGCCGAGCCTGCATTCTTGAA
AATTGCACAGTATCGAGCTGGAATCGTACCAGTTTCATTCCAAAGGGTGCCTTGT
GTTAAGAAAGGAGGAGTGAGGTTACAATAAATGGTCACTCCTACTTTAACTTGG
TTTTGATCACCAACGTCGGAGGTGCAGGGGATGTCCATTCGGTTTCAATCAAGGG
GTCAAAAACCGGGTGGCAACCCATGTCAAGGAATTGGGGGCAAACTGGCAAAG
CAACAATTACCTTAACGGTCAAAGTCTTTCTTTCCAAGTGACAACCAGTGACGGA
AAAACCATAACTAGCTACAACGTGGCACCATCTAACTGGCAGTTTGGTCAGACGT
TTCAAGGGGGACAATTTTAA

Nucleotide

>HanEXPA-08

TTGCTTGTTTCCAACCTTCCCCTATATAATAAGTGTTTAGTTAACTCTATTTCCCACA
TTCTACCAACATCACCTTCTTAAACAACCTTCAATGGCCCTTTCAACACTCACCAT
TGTCTCTCTACTTCTATCTTCCTTTAGTCTTGTCTATGGAGGTTGGGAAAGTGCCC
ATGCCACCTTCTATGGCGGCGGAGATGCCACCGGAACAATGGGTATATATATACA
CACACATATATAAAAGTGTGTTTTGTTTTTCGACTATATAATGTCTTAAATAAAATTTA
ATATGTTTTACTTGTGTATAGGGGGTGCTTGTGGCTATGGAAATTTGTATAGTCAA

GGATACGGTACCAACACTGCCGCATTGAGTACCGCACTTTTTAACAATGGCTTAA
GTTGTGGGTCTTGTTACGAGATGAGATGCAATGACGACCCTAAATGGTGCTTGCC
TGGCTCCATCATTGTCACCGCCACCAATTTTTGTCCACCTAACCCCTGCCAACCTA
ATGACAATGGCGGGTGGTGCAACCCTCCTCTCCAACATTTTGATTTGGCCGAGCC
TGCATTCTTGAAAATTGCACAGTATCGAGCTGGAATCGTACCAGTTTCATTCCAA
AGGTATATATATGACACTATATGATAATGTTATCTTTTGACTTCACTTAAATAATA
ATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAACAACATATTGTTTTTGTATAGGGT
GCCTTGTGTTAAGAAAGGAGGAGTGAGGTTTACAATAAATGGTCACTCCTACTTT
AACTTGGTTTTTGATCACCAACGTCGGAGGTGCAGGGGATGTCCATTTCGGTTTCAA
TCAAGGGGTCAAAAACCGGGTGGCAACCCATGTCAAGGAATTGGGGGCAAACT
GGCAAAGCAACAATTACCTTAACGGTCAAAGTCTTTCTTTCCAAGTGACAACCAG
TGACGGAAAAACCATAACTAGCTACAACGTGGCACCATCTAACTGGCAGTTTGGT
CAGACGTTTCAAGGGGGACAATTTTAATTTTCTCGGTTTGAACTAACTTAAAG
TTTTAAAAACATATATATATTTGTATATGGCTTATTCATTGCCTTGAGGTTTCGGGG
TGGGGTGGGGGTAGCTCTATTGCTGAGGTGGCTGGTTAGCACCCGCTTAGAACTG
TATCTAATGATAGCGTTATTATCGTGGTGTCTTATGATCGAGTAGTATAGTATGC
CTTATTTGGATTATAGGCATCTTATATGTATGTATTTGTCATGAAGTTTGTAATGT
CATCTTAAAATTATTATAGTGCAAATTGGTTATTGCTTTGCTCTTTCTTCTCATT