

## IDENTIFICATION

**Species:** *Helianthus annuus*

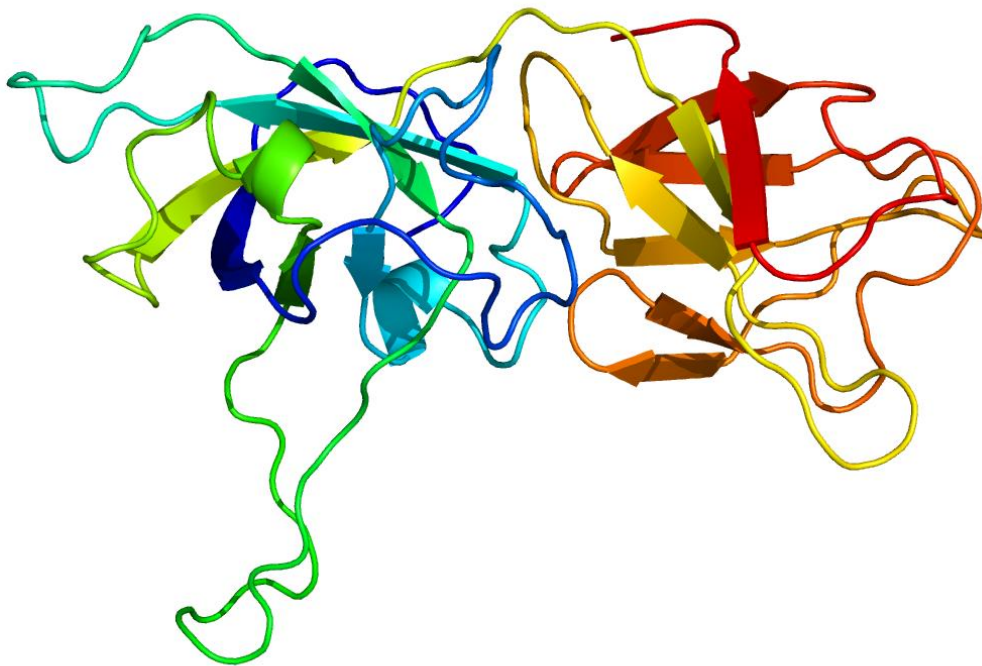
**Locus:** HanXRQChr12g0378651

**Gene Model:** HanXRQChr12g0378651

**Description:** HanEXPA-23

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

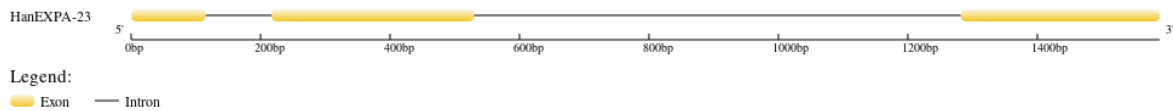
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus\\_r1\\_2](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2)

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

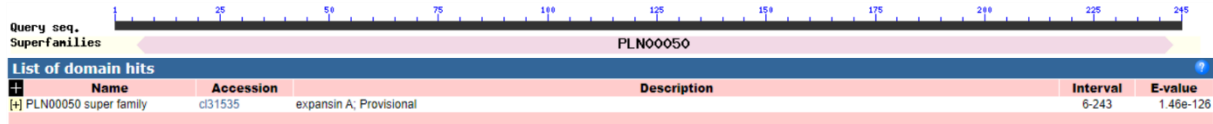
## EXTERNAL RESOURCES

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

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>HanEXPA-23

MKSIVIFIFSSLLLVSFPSIVNGGWLNAHATFYDDGTMGGACGYGNVYRQGYGTNNV  
ALSSALFNDGLSCGACFQIMCVNDRQWCLPGSIVVTATNFCPPNPALPSEKGGWCNP  
PLRHFDSLQPAFLRIAQYKAGIVPVA YRRVPCVRRGGIRFQMNGHPYFNLVLITNVGG  
AGDVHAVA IKGSRGTGWQQMKQNWGQNWQSDTYFNGQSLFSMVTTS DGRTVVSNN  
VVPANWSFGQTFSGSQFR\*

### CDS (coding sequence)

>HanEXPA-23

ATGAAATCCATTGTTATTTTCATTTTCTCTAGCTTATTGCTTGTTAGTTTTCCGTCA  
ATCGTTAACGGCGGTTGGCTCAATGCACATGCCACCTTCTACGACGACGGCACAA  
TGGGTGGTGCTTGTGGGTATGGGAATGTGTATCGTCAAGGGTATGGTACAAACAA  
TGTAGCATTAAAGTAGTGCTTTGTTCAATGATGGTTTGAGTTGTGGGGCATGTTTTTC  
AAATCATGTGTGTTAATGATCGTCAATGGTGTTTACCGGGTCCATTGTTGTCACC  
GCCACCAACTTCTGCCCACCGAACCCCGCCTTACCTAGCGAGAAAGGCGGCTGGT  
GCAACCCTCCTCTACGTCATTTTGATCTATCTCAACCTGCCTTCTACGCATTGCT  
CAGTACAAAGCTGGAATTGTTCCCTGTTGCTTATAGAAGGGTACCCTGCGTGAGAA  
GGGGTGAATTAGGTTCCAAATGAACGGACACCCTACTTCAATTTGGTGTTAAT  
TACAAATGTGGGTGGTGTGCTGGTGACGTGCACGCGGTGGCAATCAAAGGGTCAAG  
AACAGGATGGCAACAAATGAAACAAAACCTGGGGGCAAACTGGCAATCCGACAC  
TTATTTTAACGGGCAGTCTCTATCTTTTATGGTCACCACAAGTGATGGTCGGACTG  
TGGTGTCCAACAATGTTGTCCCCGCTAATTGGTCTTTCGGGCAGACCTTCAGCGGT  
TCCAATTTTCGTTGA

### Nucleotide

>HanEXPA-23

ATGAAATCCATTGTTATTTTCATTTTCTCTAGCTTATTGCTTGTTAGTTTTCCGTCA  
ATCGTTAACGGCGGTTGGCTCAATGCACATGCCACCTTCTACGACGACGGCACAA  
TGGGTATGCAGTACTGATCATAATTATCTCAAATTTGTTGTGTTGTTTATTATTA  
TTATTATTATTTTAAAACGGTAACTCACACTCTGTATGTATAACAGGTGGTGC  
TTGTGGGTATGGGAATGTGTATCGTCAAGGGTATGGTACAAACAATGTAGCATT  
AGTAGTGCTTTGTTCAATGATGGTTTGAGTTGTGGGGCATGTTTTCAAATCATGTG

TGTTAATGATCGTCAATGGTGTTCACCGGGTCCATTGTTGTCACCGCCACCAACT  
TCTGCCCACCGAACCCCGCCTTACCTAGCGAGAAAGGCGGCTGGTGAACCCTCC  
TCTACGTCATTTTGATCTATCTCAACCTGCCTTCCTACGCATTGCTCAGTACAAAG  
CTGGAATTGTTCCCTGTTGCTTATAGAAGGTATATAAATTATTAATTTTCATGAGAT  
GCCTTCACACATCGTGGGTATTTTGGTAAATTTACAAGCATTGTCTTGAAAAGTT  
ATTTTGTATTTTGAAAGTATTAATGTACTTTAGAAATTTTACAATTACTAAATG  
TATTTTGGTAATCTACTTAAAATACCAACATATTTTACAAAAGATTATCAGACCG  
AATGCGTAGTGAACCGTCTCTAAACGAATCACGTACTTAGTGATCAGTCGTGAAC  
CGTGACAAAGTTTTTTTATATCTACTTATTTAATAAAGAAACGAATATGAACAAG  
ATATTTGTCTACTTAATTAATTAATAAAGAAACGTATATGAACAAGAAGTTTTTT  
TGTATCTACTTAGAAACTTTTGTATATGCATCACTTGTTTCTTAATCATGCGATGAT  
ATTGGTATTTGGATTTTCATTTATATAATTTTAATTTAATTTTCATTTACATG  
TGTTATAACAAATATGATTGAACACAACTAGAGCAAACAAAGTTTGATTCTTTA  
AAGCTTGTGTTTAATATATAATTTTTTCGTTTAATTCATCTCAATAAAGTAACAAA  
ATGACAAATTACAAACAAATGACAGGTAAACATGAAACAAGTTGCACCGCAAAA  
ATATGCTCTCTTTTTGCATGCTCTCTTTTTCTCCAATTTGTTTACATGCCTAAACAT  
TGCAGTTCTAATACCAAACCTATTTTAGTAATATTTTTTTGTTCTTGTTTTCTAGGGT  
ACCCTGCGTGAGAAGGGGTGGAATTAGGTTCCAAATGAACGGACACCCCTACTTC  
AATTTGGTGTTAATTACAAATGTGGGTGGTGCTGGTGACGTGCACGCGGTGGCAA  
TCAAAGGGTCAAGAACAGGATGGCAACAAATGAAACAAAACCTGGGGGCAAAAC  
TGGCAATCCGACACTTATTTAACGGGCAGTCTCTATCTTTTATGGTCACCACAAG  
TGATGGTCGGACTGTGGTGTCCAACAATGTTGTCCCCGCTAATTGGTCTTTCGGGC  
AGACCTTCAGCGGTTCCCAATTTTCGTTGA