

## IDENTIFICATION

**Species:** *Helianthus annuus*

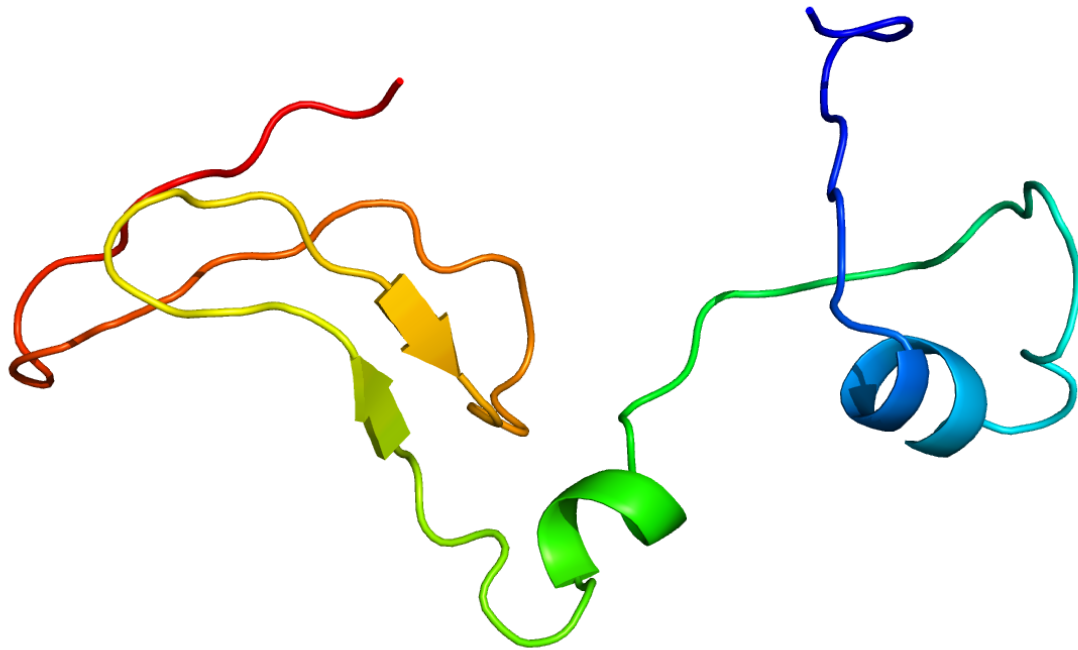
**Locus:** HanXRQChr08g0220801

**Gene Model:** HanXRQChr08g0220801

**Description:** HanEXPA-10

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

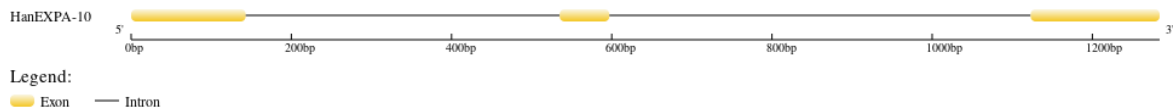
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus\\_r1\\_2](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2)

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

## EXTERNAL RESOURCES

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

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE

Query seq. MNYNKKTFYFNNNGGWCNPPRAHFDLSMPMCLKIAEYRAGLVLVSYCRSNEDLNDYPLLQHLMVQTVWCHVVNKEGYDSPYITGFRYYNLVLITNVAGAGDITQAWVKDSNTDWMMSLKRN\*

Superfamilies PLN00050

Name	Accession	Description	Interval	E-value
PLN00050 super family	c131535	expansin A; Provisional	11-121	5.37e-24

## SEQUENCES

### Peptide

>HanEXPA-10

MNYNKKTFYFNNNGGWCNPPRAHFDLSMPMCLKIAEYRAGLVLVSYCRSNEDLND  
YPLLQHLMVQTVWCHVVNKEGYDSPYITGFRYYNLVLITNVAGAGDITQAWVKD  
SNTDWMMSLKRN\*

### CDS (coding sequence)

>HanEXPA-10

ATGAATTATAATAAAAAACCTTTTATTTCAACAATAATGGTGGATGGTGCAACC  
CCCCTCGCGCCCATTTTCGACCTTCCATGCCTATGTGTCTCAAGATTGCGGAGTAC  
CGCGCTGGCCTCGTCCTCGTCTCTTATTGCCGCTCTAATGAGGATCTTAATGATTA  
CCCCTTACTGGTTCAGCACTTAATGGTTCAGACTGTTTGGTGCCATGTCGTAAACA  
AGGAGGGATACGATTCACCATATATAACTGGTTTCCGCTATTACAACCTGGTTTTG  
ATCACCAATGTTGCGGGTGCAGGGGATATCACTCAGGCTTGGGTAAAGGATTCTA  
ACACCGACTGGATGAGTCTTAAAAGAACTAG

### Nucleotide

>HanEXPA-10

ATGAATTATAATAAAAAACCTTTTATTTCAACAATAATGGTGGATGGTGCAACC  
CCCCTCGCGCCCATTTTCGACCTTCCATGCCTATGTGTCTCAAGATTGCGGAGTAC  
CGCGCTGGCCTCGTCCTCGTCTCTTATTGCCGGTTCGTTTTCTTTAACATTTTCGCAT  
TATATTTTCATAGGTTTAAATTCTTGCAAGTGAAGATTATTAAGGGATGAATATTT  
AGGTGTCAAAGTTGTTAAAACCTTATGGTTTTTTTTTTCAGATACTATCTTGTTTGT  
TAGATTGACACAAAAGATTAATACACCATTTATCTTAGCAAAGAGTTTGTAT  
TATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATT  
ATTATTATTATTGTTTACCTTTATAATACAAGAAGCCTTAAAAGGTGGACCCAGT  
CTAATTTTTTTTCTAGCAAATTATACATAATTATTTTTTAACTAAGTGTTTAGCA  
TGTTACACTAAAAGGGTTGTTTGTGTTAGCTCTAATGAGGATCTTAATGATTACCC  
TACTGGTTCAGCACTTAATGGTTCAGACTGTTTGTGTTTGCAGCAGATGTCTGAA  
TGGTTTAGACATTTGTCTCTGAATGGTTAAGCATTATACTGAGTCTAAGTGGTTAA  
GACATCTAATCTGAATTGGTTAGTAATTTGCCTCTGAACATATTGACTCTTAATGG  
TTCAAACCTTTACTGGTTCAGCATTAAACCATTCAAAGTTGACAAACAGTCTGT  
AATCTATTAATTTTTGTTTATAGAGATTTTGATTTAATTTTTGTAAAGTTATCTAT

TATAATAATTTATCAATAGCAATAATATCACTAACCATGTATTACGATTTCTAAAG  
ATATTTTTTCTTGCTTATGATGATTTGTAAAAAAAATCTACATGTTATTCTAATTCT  
ACTAAATATTTATGCATATGACATACTCTATTTCTATTAAATATTTTATTACCTCAT  
AAAATATGATACCTTACATAAATATAATTTATGCACATGACTTACGTTTTAACATTT  
TCTTTTTTAGGGTGCCATGTCGTAAACAAGGAGGGGTGAATTTCTTTTTTAGGGT  
GCCATGTCGTAAACAAGGAGGGATACGATTCACCATATATAACTGGTTTTCCGCTA  
TTACAACCTGGTTTTGATCACCAATGTTGCGGGTGCGGGGGATATCACTCAGGCT  
TGGGTAAAGGATTCTAACACCGACTGGATGAGTCTTAAAAGAACTAG