

## IDENTIFICATION

**Species:** *Helianthus annuus*

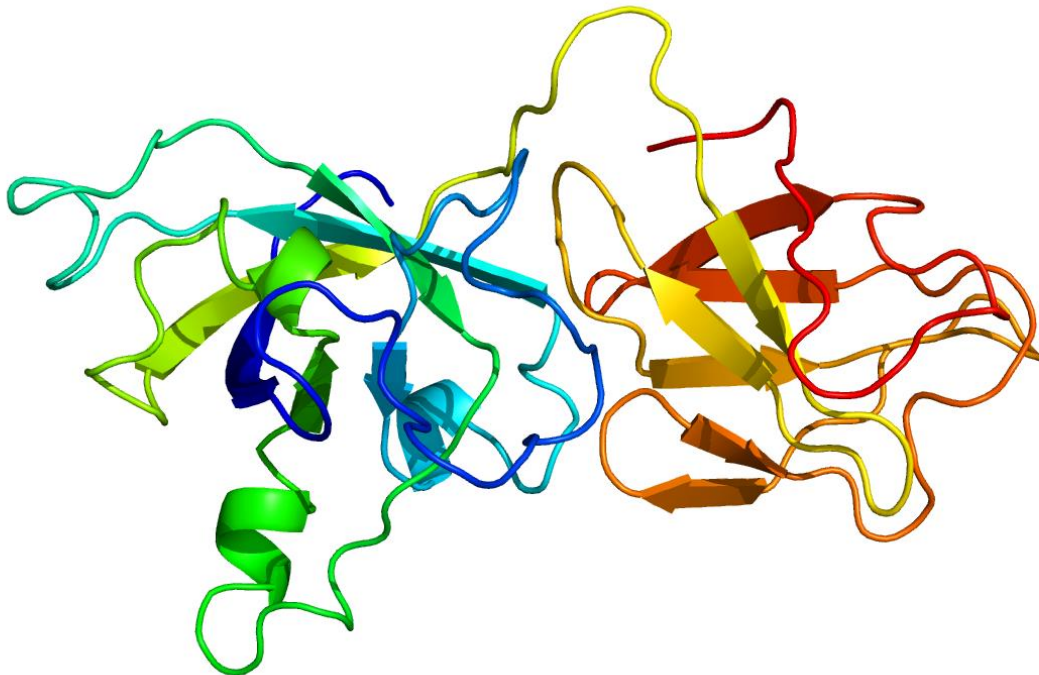
**Locus:** HanXRQChr14g0429611

**Gene Model:** HanXRQChr14g0429611

**Description:** HanEXPA-31

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

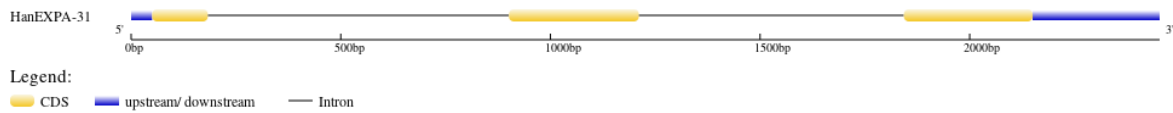
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus\\_r1\\_2](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2)

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

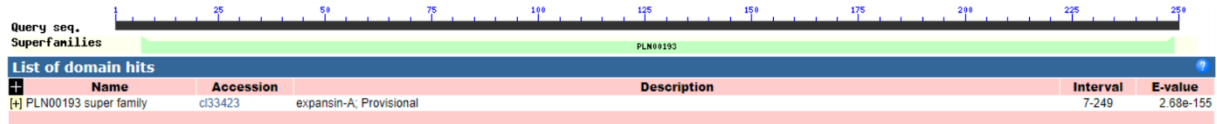
## EXTERNAL RESOURCES

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

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>HanEXPA-31

MVKSHILLLLAFCYFLIDVESLIASSWTKGHATFYGGSDASGTMGGACGYGDLYSAG  
YGTRTAALSTALFNQGAACGQCYKIACDRKADPRWCKKGSVTITATNFCPPNFAGPG  
GWCNPLQHFDMAQPAWEKIGIYKAGIIPVIFKRVPCKRHGGVRFRTINGRDYFELVSI  
TNVAGAGSVQSVKVKGSRTGWTTPMSRNWGSNWQSN SYLNGQSLFSMITTTDGVTR  
TFLNIVPSNWRFGQTYSSRLQF\*

### CDS (coding sequence)

>HanEXPA-31

ATGGTGAAATCTCACATTCTTTTGTACTGGCTTTCTGCTATTTTCTTATTGATGTT  
GAATCTTTAATTGCTTCAAGTTGGACTAAAGGTCATGCCACGTTTTATGGAGGCA  
GTGATGCTTCAGGAACAATGGGGGGTGCTTGCGGTTATGGTGATTTGTA CT CAGC  
TGGATATGGCACAAGAACCGCGGCACTAAGTACTGCTTTGTTCAACCAGGGTGCA  
GCTTGTGGCCAATGCTACAAGATCGCATGTGATCGCAAGGCAGACCCTCGATGGT  
GCAAGAAAGGATCTGTAACCATTACCGCAACTA ACTTTTGCCCACCGAATTTTGC  
TGGTCCTGGAGGGTGGTGCAACCCACCCCTCCAACATTTTCGACATGGCTCAACCC  
GCTTGGGAGAAGATTGGCATTTACAAGGCCGGAATCATTCCCGTTATTTTTAAA  
GGGTACCATGCAAGAGACATGGTGGAGTTAGGTTTACGATCAACGGAAGAGATT  
ACTTTGAGCTTGTTTCAATAACGAACGTTGCTGGAGCCGGATCAGTTCAGTCGGT  
GAAGGTGAAGGGGTCTAGAACTGGCTGGACACCAATGTCAAGAACTGGGGTTC  
TAACTGGCAATCAA ACTCGTACTTGAATGGCCAATCTCTCTCGTTCATGATCACA  
ACCACTGACGGGGTGACAAGA ACTTTCCTAAACATCGTCCCATCAAATTGGAGAT  
TCGGTCAAACCTACTCAAGCCGATTGCAATTCTAA

### Nucleotide

>HanEXPA-31

TTCAATTCTCTTCATCCCTACCATCTTCTTCATTCTTTTGCATACCAAAAATGGTG  
AATCTCACATTCTTTTGTACTGGCTTTCTGCTATTTTCTTATTGATGTTGAATCTT  
TAATTGCTTCAAGTTGGACTAAAGGTCATGCCACGTTTTATGGAGGCAGTGATGC  
TTCAGGAACAATGGGTATGTGTTTGAATCTTTTTATTGCGTAAATAACAAGTTTCC  
ATACAGTTTTCCATTTTTTTTATGCATGTCGTAAGACCGGCTCTGAAGAATCGGTT  
AGGGCTGTAAACGAGCTGAGTCGAGCCAAACTGAGCTCGGGCTCAGATCGAAAT

TAAACGAGACAACCTCGGCTTAAGTGATTTATTTATCTTAACAAGCGGAAATGCTA  
AGCCTTAATATCATAATATACATACAGTTTTCCATTATTAATGCATGCATGCATGT  
AGAGCTGGCCATGAAGATAAACAAGCTCAGGCTCGAAGTTAAACGATTCAACTT  
GGCTCGTTTTGATTCGTTTTATCTTAACGAGCTGAAATGTTGAGCTTGAGTTAGCTC  
ATGTCTCGTTAACTCAGCTCGTTTTATTTTTAAAAGTTTTTTTACACTAATGCATCTA  
GAAGCACAAAATAATACATTTAATATAATATTTTTACCTGATTTAAGTTGGGGTC  
CAGTGATATGTTATAACTTAGATTATATTTAAAATTTGGACTTTATTTGTAACGAGC  
CAAATGAGTGAGTCAACGAACCATCTAACAAGCGAACTTACATTGGCTCAGGCTC  
GGTTCGTTTACAAACCAAGCCAATTTCTAGTGTAACTTTTTAATTTTTTTTCCAAG  
CAAGTGCAAGTCACAAGCTTTTTGAATAGACCAGAAAGCGGTATTGATGATCTT  
GATTTATTTTAGGGGGTGCTTGCGGTTATGGTGATTTGTACTCAGCTGGATATGGC  
ACAAGAACCGCGGCACTAAGTACTGCTTTGTTCAACCAGGGTGCAGCTTGTGGCC  
AATGCTACAAGATCGCATGTGATCGCAAGGCAGACCCTCGATGGTGAAGAAAG  
GATCTGTAACCATTACCGCAACTAACTTTTTGCCACCGAATTTTGCTGGTCCTGGA  
GGGTGGTGAACCCACCCCTCCAACATTTTCGACATGGCTCAACCCGCTTGGGAGA  
AGATTGGCATTTACAAGGCCGGAATCATTCCCGTTATTTTTAAAAGGTACCCGTA  
TTTCTACTTAGTTAAAGTGTTAAATAATCGATATAGGTTCGAGTAATGGATCAAAA  
CGGGTTCAGATCATTGTGATGTCTATAACCATTTTAAGTACATCGTAAAACATA  
GTTTCTAACGGATTTGCTATGATTTTGGCCGAAAACAAAAAATCCTCATCACAAA  
GCATGTTTTCATCTTAAATCAGTCTGATTATTAGCTATAGATCATAATTAATGTAC  
AGCTAATAGTGAAATGTTTTGAAAACATGCATGGTCCACATGGATAGGTATAACA  
CTTTTTTAATAATTATATAACTAATAATATGTTGAATATATTATAATTATGATA  
GCCATACTAAAGTTCTAATTTTTATTTTCTACGAGTAAAAAGAATTGAAGGATA  
TAGCATTTACACTTTTAGCATATTTTAGATTGTACAAATTTTATAGTCCAGTTGCT  
TTACCCATATCACTAGTTATCAATAAAATACATCTAAATTGACTTATTTTTACAAA  
AATTATTTAGATGTTTACAATTGTACTCTTACATAAATAATTTAGAAGTTCACAAT  
TGACTCCAATCAATAGTACAAGTGTAAGATATGGCATTAAAGATAGTGTTTTGT  
GTTCGATTTTTAGGGTACCATGCAAGAGACATGGTGGAGTTAGGTTTACGATCAA  
CGGAAGAGATTACTTTGAGCTTGTTTTCAATAACGAACGTTGCTGGAGCCGGATCA  
GTTCAAGTCGGTGAAGGTGAAGGGGTCTAGAAGTGGCTGGACACCAATGTCAAGA  
AACTGGGGTTCTAACTGGCAATCAAACCTCGTACTTGAATGGCCAATCTCTCTCGTT  
CATGATCACAACCACTGACGGGGTGACAAGAACTTTCCTAAACATCGTCCCATCA  
AATTGGAGATTCGGTCAAACCTACTCAAGCCGATTGCAATTCTAAATGTATTTCT  
AAGATTTTGGATTTGGTGTTTGAGGTTACGGTGTGCTTACTCTTTTTAAGGAAGCA  
TTCCGTTTAGTGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCATTTCTCACTCAAAGGGTACATGA  
ACTTGGGAGCAAACGAGCTTACTCTTGTTCAAATGGGACAAGCTCGTATACACT  
CCAATGTAATTAACAATATAGAATAATAAAAACCTCAGCAACGTATTATGTGTTAT  
TGGTATATAGTGGTTAAGGATATACTCGAAGAAATCCTTAATGTGATAAGCAAGT  
TCTATATAAAGAAGT