

## IDENTIFICATION

**Species:** *Helianthus annuus*

**Locus:** HanXRQChr12g0378671

**Gene Model:** HanXRQChr12g0378671

**Description:** HanEXPA-25

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

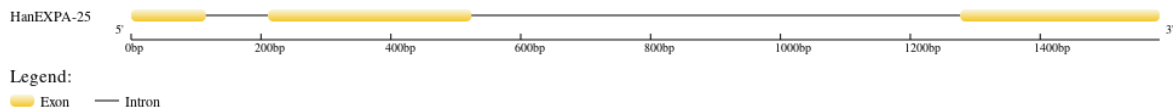
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus\\_r1\\_2](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2)

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

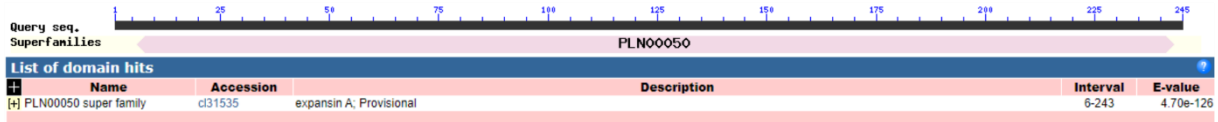
## EXTERNAL RESOURCES

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

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>HanEXPA-25

MKSIVIFIFSSLLLVSFPLIVNGGWLNAHATFYDDGTMGGACGYGNVYRQGYGTNNV  
ALSSALFNDGLSCGACFQIVCVNDRQWCLPGSIVVTATNFCPPNPALPSEKGGWCNPP  
LRHFDLSQPAFLRIAQYKAGIVPVAYRRVPCVRRGGIRFQMNGHPYFNLVLTNVGG  
AGDVHAVAIAKGSRTGWQQMKQNWGQNWQSDTYFIGQSLSFKVTTSDGRTMVSNN  
VVPANWSFGQTFSGSQFR\*

### CDS (coding sequence)

>HanEXPA-25

ATGAAATCCATTGTTATTTTCATTTTCTCTAGTTTATTGCTTGTTAGTTTTCCGTTA  
ATCGTTAACGGCGGTTGGCTCAATGCACATGCCACCTTCTACGACGACGGCACAA  
TGGGTGGTGCTTGTGGGTATGGGAATGTGTATCGTCAAGGGTATGGTACAAACAA  
TGTAGCATTAAAGTAGTGCTTTGTTCAACGATGGTTTGAGTTGTGGGGCATGTTTTT  
AAATCGTGTGTGTTAATGATCGTCAATGGTGTTTACCGGGTCCATTGTTGTCACC  
GCCACCAACTTCTGCCCACCGAACCCCGCCTTACCTAGCGAGAAAGGCGGCTGGT  
GCAACCCTCCTCTACGTCATTTTATCTATCTCAACCTGCCTTCTACGCATTGCT  
CAGTACAAAGCTGGAATTGTTCCCTGTTGCTTATAGAAGGGTACCCTGCGTGAGAA  
GGGGTGGAAATTAGGTTCCAAATGAACGGACACCCTACTTCAATTTGGTGTTAAT  
TACAAATGTGGGTGGTGTGCTGGTGACGTGCACGCGGTGGCAATCAAAGGGTCAAG  
AACAGGATGGCAACAAATGAAACAAAACCTGGGGGCAAACTGGCAATCCGACAC  
TTATTTTATTGGGCAGTCTCTATCTTTTAAGGTCACCACAAGTGATGGTCGGACTA  
TGGTTTCCAACAATGTTGTCCCCGCTAATTGGTCTTTCGGGCAGACCTTCAGCGGT  
TCCAATTTTCGTTGA

### Nucleotide

>HanEXPA-25

ATGAAATCCATTGTTATTTTCATTTTCTCTAGTTTATTGCTTGTTAGTTTTCCGTTA  
ATCGTTAACGGCGGTTGGCTCAATGCACATGCCACCTTCTACGACGACGGCACAA  
TGGGTATGCAGTACTGATCATAATTATCTCAAATTTGTTGTGTTGTTTATTATTA  
TTTTTTTTAAAACGCTAACTCACACTCTGTATGTATAACAGGTGGTGCTTGTGG  
GTATGGGAATGTGTATCGTCAAGGGTATGGTACAAACAATGTAGCATTAAAGTAGT  
GCTTTGTTCAACGATGGTTTGAGTTGTGGGGCATGTTTTCAAATCGTGTGTGTTAA

TGATCGTCAATGGTGTTCACCGGGTCCATTGTTGTCACCGCCACCAACTTCTGCC  
CACCGAACCCCGCCTTACCTAGCGAGAAAGGCGGGCTGGTGAACCCTCCTCTACG  
TCATTTTGATCTATCTCAACCTGCCTTCTACGCATTGCTCAGTACAAAGCTGGAA  
TTGTTCCCTGTTGCTTATAGAAGGTATATAAATTATTAATTTTCATGAGATGCCTTC  
ACACATCGTGGGTGGTTTGGTAAATTTACAAGCATTGTCTTGAAAAGTTATTTTG  
TTACTTTTGAAAGTATTAATGTACTTTAGAAATTTTACAATTACTAAATGTATTT  
TGGTAATCTACTTAAAATACCAACATATTTTACAAAAGATTATCAGACAGAATG  
CGTAGTGAACCGTCTCTAAATGAATCACGTAAGTAGTGATCAGTCGTGAACCATG  
ACAAAAGTTTTTTTATATCTACTTATTTAATAAAGAAACGAATATGAACAAGATA  
TTTGTCAACTTAATTAATTAATAAAGAAACGAATATGAACAAGAAGTTTTTTTA  
TATGTACTTAGAACTTTTGTATGCATCACTTGTTTCTTAATCATGCGATGATA  
TTGGTATTTAGATTTTCATTTATATATTGTAGTTTACTTTTCATTTACATGT  
GTTATAACAAATATGATTGAACACAACTAGAACAAACAAAGTTTGATTCTTTAA  
AGCTTGTGTTTAATATATAATTTTTTCGTTAATTCATCTCAATAAAGTATCAAAA  
TGACAAATTACAAACAAATGACAGGTAAACATGAAACAAGTTGCACCGCAAAA  
TATGCTCTTTTTGCATGCTCTTTTTCTCCAATTTGTTTACATGCCTAAACATT  
GCAATTCTAATACCAAACTATTTTAGTAATATTTTTTGTCTTGTCTTAGGGTAC  
CCTGCGTGAGAAGGGGTGGAATTAGGTTCCAAATGAACGGACACCCCTACTTCAA  
TTTGGTGTTAATTACAAATGTGGGTGGTGTGGTACGTGCACGCGGTGGCAATC  
AAAGGGTCAAGAACAGGATGGCAACAAATGAAACAAAACCTGGGGGCAAACTG  
GCAATCCGACACTTATTTTATTGGGCAGTCTCTATCTTTAAGGTCACCACAAGTG  
ATGGTCCGACTATGGTTTCCAACAATGTTGTCCCGCTAATTGGTCTTTCGGGCAG  
ACCTTCAGCGGTTCCCAATTCGTTGA