

## IDENTIFICATION

**Species:** *Helianthus annuus*

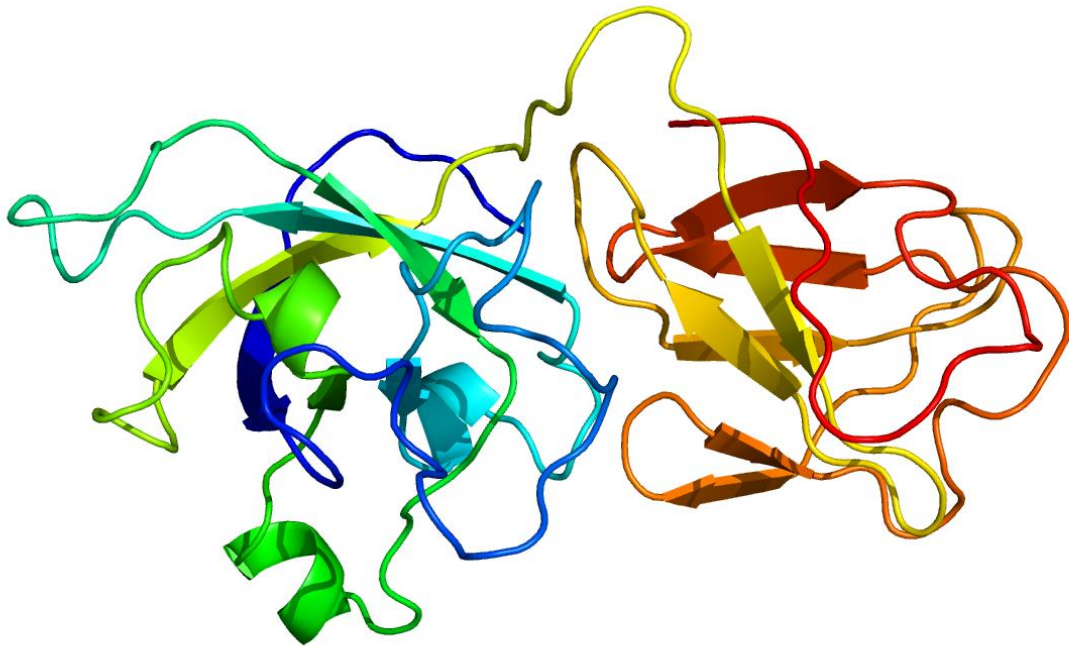
**Locus:** HanXRQChr08g0210821

**Gene Model:** HanXRQChr08g0210821

**Description:** HanEXPA-09

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

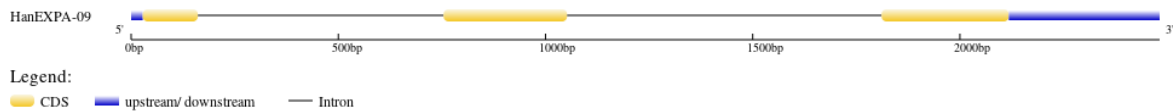
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus\\_r1\\_2](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2)

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

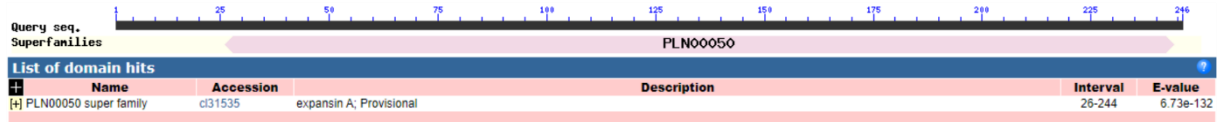
## EXTERNAL RESOURCES

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

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>HanEXPA-09

MAHFGVFLGLLALLSHVYVAAGNGGWSNAHATFYGGGDASGTMGGACGYGNLY  
SQGYGTNTAALSTALFNKGLSCGSCYEIRCVNDRQWCLPATIMVTATNFCPPNSNGG  
WCDPPRQHFDLSQPIFQHIAQYKAGVVPVA YRRVPCRRRGGIRFQINGHSYFNLVLIT  
NVGGAGDVHAVA IKGSRGTGWQQMSRNWQNWQSN SYLNGQSLSFKVTTSDGRTV  
VSYNVAPARWSFGQTF TGGQFR\*

### CDS (coding sequence)

>HanEXPA-09

ATGGCCCATTTTGGTGTTCCTTCTGGGTCTTCTTGCATTGTTATCCCATGTTTAT  
GTAGCAGCTGGTAATGGTGGTTGGTCTAATGCTCATGCCACCTTCTACGGTGGCG  
GCGACGCCTCCGGAACAATGGGTGGAGCTTGTGGGTATGGGAATCTATATAGTCA  
AGGATACGGTACAAACACCGCGGCTCTAAGTACAGCTTTGTTCAACAAAGGGTTA  
AGCTGTGGGTCTTGCTATGAGATCCGATGTGTTAACGACCGTCAATGGTGTTC  
CGGCCACCATTATGGTCACAGCCACCAACTTCTGCCACCCAACAGCAACGGTGG  
CTGGTGTGACCCTCCAAGACAACACTTTGACCTCTCTCAGCCTATCTTCCAACACA  
TTGCACAATACAAAGCTGGAGTTGTCCCTGTTGCTTACAGAAGGGTACCCTGTCG  
GAGAAGGGGTGGAATTAGGTTCCAAATCAATGGACACTCTTACTTTAACCTTGTA  
TTGATTACAAACGTGGGTGGTGCCGGTGATGTGCATGCGGTTGCTATCAAAGGGT  
CTAGGACCGGATGGCAACAAATGTCACGAACTGGGGGCAAAATTGGCAATCCA  
ACTCTTACCTCAACGGACAGTCCCTATCTTTCAAAGTCACCACTAGTGACGGTAG  
GACTGTAGTGTCTACAATGTTGCCCCCGCTAGGTGGTCCTTCGGTCAGACCTTCA  
CTGGTGGCCAATTCCGTTGA

### Nucleotide

>HanEXPA-09

CTTACCACAATTCACATATTCAAACACATGGCCCATTTTGGTGTTCCTTCTGG  
GTCTTCTTGCATTGTTATCCCATGTTTATGTAGCAGCTGGTAATGGTGGTTGGTCT  
AATGCTCATGCCACCTTCTACGGTGGCGGCGACGCCTCCGGAACAATGGGTACGT  
CATTACCATTACCTTTTTTTTTCTTTCAAAAAGTTTAGTTACTTTTAGAACGGC  
AAACTCAAACACTTACTAATTTCTTTTCTTTCTAAATTTAACAACAATGTTTAAA  
AACCGGTTTTTGAATTATGCCGGGTTGGACTCTGAAATGGTTCAACTGATTGAAC

CGGACGGTTGAACCGGGTACTAGTTAACCCAAAGATTCCATAAAATACAAATTC  
ATCTCAAAAAACAATCCGGTCTCAATTAGAATTTATGTAAGTATGATCATGCTTTTAT  
ATAAAAAACAACACTATTTTATTGTAAAATATTAAGCTTTTATTACTTATAACA  
ATATTGCATTGTACGAGGTGGGTAACACTTTAAACATTGATGAAATATTAATAATG  
AAAGACACTAGGTTAATTACCGGAAATATAAAAACTCAATATTACCTTAATATCA  
TATTTTTTTTTTTAAATTAATAATATCAAATTTTAAAGATAATGCAAACCTGGTTTAA  
TGGTTTGAACCGGTAGAACCAGATTTACCGCCGGTACAAGCCGATAATAAATAAA  
AGATATTTACTGTTAATTGAATTTTAAACAGGTGGAGCTTGTGGGTATGGGAATCT  
ATATAGTCAAGGATACGGTACAAACACCGCGGCTCTAAGTACAGCTTTGTTC AAC  
AAAGGGTTAAGCTGTGGGTCTTGCTATGAGATCCGATGTGTTAACGACCGTCAAT  
GGTGTGTTGCCGGCCACCATTATGGTCACAGCCACCAACTTCTGCCACCCAACAG  
CAACGGTGGCTGGTGTGACCCTCAAAGACAACACTTTGACCTCTCTCAGCCTATC  
TTCCAACACATTGCACAATACAAAGCTGGAGTTGTCCCTGTTGCTTACAGAAGGT  
ATTATTGGTTAATGTTTAAATTTTAACTAACTTTAGGGGTATTTTGGTAATTTAAG  
TTAAAACCTAAGGGTATTTTTGTAAATATGGGTTGGACCGGTTGAACCGCGAACTA  
GGAGTTAATTGCCATTTTCGTTTCATGTGGTTTGGTGGAAAATGACACTTCCGTCCA  
AAAAAATTTTTGCGCCACTTCCGTTCTCAACATTTTTTAAACGTGTCACTTCAGTT  
CAAAAAAATAACGCGCCGTTAAAAACGTTGAGGACGGAACTGGCGCAAGGCGTT  
ATCTTTTTGGACTAAAGTGGCACGTTAATGTTGATGATGGAAGTACGCAATTTTT  
TTTTGAACTGAGGTGACATTTTTACCAAACCTATAGGGGCGAAAATGACAGTTAA  
CTCTGCAAACCTAGACAAGCGTAGTAATTTTAAATTTTATTATCGTATCTCTAAAAA  
TCTAATTTAGTAATTCATTTTAGTGGATACGTAATTTTTATTATAATATTTATTTTT  
TTGTCAGCATTACGAATTCACACTATGTGCTATTTTTGTTTTAAATTAGTTATCTAG  
GCATGTTTATTCTTTTTAAATTATTTGGTAATTTAAGGGTTGCTCTAAAGGTATTTA  
CCCAATGTACCTCTCCTTACTAAATAGGTCATTTTGTATATCCACCTTTACTCAA  
TAGCGAGTATGTTTTGACATTTTAAAGTTTTTAAACCACCTTCGGATGTCATTGTAA  
TTTAAATTTGTTTCAACATGTCTATTTTTGTAGGGTACCCTGTCGGAGAAGGGGTGG  
AATTAGGTTCCAAATCAATGGACACTCTTACTTTAACCTTGTATTGATTACAAACG  
TGGGTGGTGCCGGTGTATGTGCATGCGGTTGCTATCAAAGGGTCTAGGACCGGATG  
GCAACAAATGTCACGAAACTGGGGGCAAATTTGGCAATCCAACCTTACCTCAAC  
GGACAGTCCCTATCTTTCAAAGTCACCCTAGTGACGGTAGGACTGTAGTGTCTT  
ACAATGTTGCCCCCGCTAGGTGGTCCTTCGGTCAGACCTTCACTGGTGGCCAATTC  
CGTTGAAAAGACATCTATGTCCTCTATACATACTTTTAAATTACCGGAGGACTTATT  
TTGGAGAGGTCATTTTGTCTTAAAGCCATGGGCGGCGGTGGACTTTAACCACCCG  
CTAGTAGTAGGACTAGTTTAAAGATGTCCTTATTTGTAATGGTTTTTATTTTTGAGG  
TACTAAGTTGTAAATTCTGGTTTTATATTTGTATTTTGTGTGCAACTTAACATGCA  
CATCGTACAATATTTCTAAGCATGTGGAAGGATTGGCTAGCTTTGTAATGGATTT  
ATGATTTATGGGTATAAAATAAATATATGATCTTGGGGGAATTTATAAAAAGCAT  
TCCAACCTTACTTGAAAATATAATTCTTCATTTCTTG