

# Lypha dubia

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Oestroidea > Tachinidae > Lypha

Assembly: GCA\_947311025.1\_idLypDub1.1\_genomic

**Lyp\_dub1 | OX371260.1:25027296-25027654 (+) | 359 nt | lncRNA: noe consensus e-value: NA**

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.92

GGCGGTTCTATAGCCCTGCAATGAAAGGGTGTTCACATTCCTTAACAAATGTGAAATTTGTAAATGCAGAAATCTCATCTAACCCAGCCGCTGCGTCAACGACGACTGAATTTCTGAAAAAACAATAAATCCTTTACGAAAA  
CACAAAAATCTCTATCACAAATTCACATTCAAAAAGAACGTTTAAATATGCACAAAAAGCTTCATTTCTCTCAACCTTTACACAAAAACATTCACACAAACACTTTCACCTCAAATGAGTGCAGTAAAGATTAAATTCG  
GGCCAAATTTGAAACAAATTCAAATGCAGAGGTTATAAAGGGGTAAATCCCAATTTTT

```
Lyp_dub1      -----atataatgtgtttttacattatcttctgttAAAAATCTCGATTCTTTTTgaataaaattaaqgttaaatcaaattttaagttgtataacatc-
Arthropod_7SK -----tgaaacccaatagcaagtgtttaacaagcatatatGTAATCTCGATTCTTTTTttcatgttttttaatatatacaacatttacttcatcaacttac-
U6            -----ttgttgttgaagaagaaatcttttttaaacccatCAAGTCTCGATTCTTTTTtccattattcaaatatatacaaaatdaaaagtgtacttcc-
U6            -----acatttacctgtcacacacaggaattttcgaagGGATTCTCGATTCTTTTTtatagaatgctgtataaaatccaaatttaaagttaaacattt-
U6            agctatttgaattgaattttgaataagagttgtttgtgttgaattaaCTATTCTCATTTGATAGCTTattatctgttgggaagttttaagtttaa-
U6atac        -----cgaatctattttatttatttatttatttattttaaCTGATTCTCGATTCTTTTTtaottacttttaaatcaaaatccacaaaaatcaaaadtdaaac-
U1            -----ttatttgcattgattcattcaaatctcatatttcatAGAACTCTCGTTTGGTTTATAattttaaatcaagtagtcaagtttttagagacaaaaagc-
U1            -----tttaatttcagattatttcatatttattgtatttcatAGAACTCTCATTTGGTTTAAAtttttaagcataagtagtcaagtaggttcaatgaaaggc-
U1            -----aacattgaaattttctatatattatgaatgttatctacATAATCCCGTTAGTTGAAACttatagtagcataagattttatgttttagagagaaaaagc-
U1            -----aacatagaaaaatttctatatattgtgaatgcgatttctatAGAACTCTCGTTTAGTTGAAACttatagtagcataagattttatgttttagcagagaaaaagc-
U1            -----aaactgaagcaaaacacaaacgtttttgaaatttcatAGAACTCTCATAAAGTTTATAattttaacagcacaagattttgagtttgcgaagaaaaagc-
U1            -----cgaatgaatatttttaaaatttcacacaaattctttATAACTCTCATAAAGTCGATattttaactcttaaatatttgaatttctctgaagaaaaagc-
U1            -----agctagcttgccctttatttcatattacattgtttcatAGAACTCTCATTTGGTTTAAAtttttaagcataagtagtcaactttacaaatgaaaggc-
U1            -----aaatagagtaaacattatcgtgaagttttactcataAGAACTCTCGTTTAGTTGAAACttatagtagcataagataaattttagcagagaaaaagc-
U2            -----attgaaadactaaatgaaaaacactatttcaactataATACTTCATTTAGTTGATACatttttatatactctgaaatttcaaacatatactgaaatttaagtt-
U2            -----attgaaadactaaatgaaaaacactatttcaactataATACTTCATTTAGTTGATACatttttatatactctgaaatttcaaacatatactgaaatttaagtt-
U2            -----agtgtgtgtttgttgaatgaattgtacaaaaagctTTAACTCTCAATTGGTTAAACttttattttgtataagtagttatgtttgtttatatatagtt-
U2            -----ttttaaataaataattattattatttcttcccttaTACTCTCATTTAGTTGTTTaatottttaaataaaatcaottttcacaaottttaagtt-
U2            -----ggaaaaacacttttagaaggaaaaacactatttctccTAATCTCATTCAAATTATTtttatattatcttgaatttgaacataaaattataactaaagtt-
U2            -----atctttacacataacatttcaaatataacataaactATAATCTCATTTTGTTCGCGtttaataagataaggtgtcgtgtgtttacggttgacattt-
U2            -----atctttacacataacatttcaaatataacataaactATAATCTCATTTTGTTCGCGtttaataagataaggtgtcgtgtgtttacggttgacattt-
U2            -----catctttaccataacatttcaaatataacataaactATAATCTCATTTTGTTCGCGtttaataagataaggtgtcgtgtgtttacggttgacattt-
U3            -----tcttatgtactcaaaaacaaatttttcttctatttataATACTTCATTCAGATTACaaaaatattagctgaaatagttgagtttgggttgataattt-
U3            -----acattattcacacaacotttadataatttttottaactTGAACCTCATTCATATATAaaaaattttttaaaataottcdootttdocacataattttt-
U3            -----attcaggttagtgcgaatttcatactcaagtttctgcgaTCAATCTCATTCATATATAaaaaattttttaaaataottcdootttdocacataattttt-
U3            -----atttaaatatagattttttatttatttatttataATACTTCATTTGGTTTAAAttttggaatacatacaaaatcgaattttagaattgaaagttg-
U3            -----tatataaataatttctaottctdoattttcatataATACTTCATTTAGTTGATACatttttataaaacaaatattttactttcgaattataaaott-
U4            -----acactagtttaataacttcatcatgttcttcttcttAAACTCTCATTTATTTCATCGaaaaactattttaataagacaagtaagagcagagtagcatt-
U4            -----aaatattttttttggcatttccaagtttttacttgtCCAATTCTCATTTATTTTATTtcgaattattttaataatagacatgcacgggcagagtagcatt-
U4            -----aaacataadaaaaaaataattdaadaaaatttttcttAAACTCTCATTTGGTTTATGtttaaaatttcttaataatatacdaatttttaaaaaaccatt-
U4atac        ttgttagttttgctgtgttctgttatacaaaaaaaagaaAAACTCTCATTCATTTATATTcttttgctataagtaatttgcgtttgtgtttacactt-
U5            -----ccattcaatatttgtattgttttctgttcaatttctGTAAGTCTCATTAAGTTTAAAttttggaatacatacaaaatcgaattttagaattgaaagttg-
U5            -----tctaatgaaactattatcacocctaatatattcctaataATAATCTCGTTTGGTTTATAaatataactaaaaaatotttaaaatcgttadaaattoact-
U5            -----gctatttggaaatttgcattgttttatatttaacaacataATAACTCTCAGGTAGTTGTGtgatatttgtataagaaatggtcgtttaccttacaacat-
U5            -----tcatccactatcaattaatgggattttttataaatgtcATAATCTCATTTGATTGTTTataagtttgtacaagatcctgagtaaaattacaatgaa-
U5            -----atatatttttcccttaaaatttttccaadctattttagTAACCTCGTTTCAGTTGTTTdaattttaacataaaatttcaadtttttctattcaaaa-
U5            -----ttctagtaagacattagatcatgctagtgatctgcatATAATCTCGTTTGGTTTATAaatatgttataaagagatgtgaaatcgtttacaattttct-
U5            -----ttgcctcattcttaatttctatgaatcacataatttaaATAATCTCATTTTCTTTATAGatttataatacaagacgtgtgtgtgtacgttagttg-
U5            -----cattattataatattttttttttttatcacattttccactATAATCTCATTTCCCTTTACatttaaacatttataaqaattttaataataaacttttaa-
U5            -----attatttctaattgaatcatttagtataatcacattttagGCAATCTCATTTCCCTTTATAGatttataatacaagatgtgtgtgttttcccttagttg-
U5            -----gaaacttctcggttattttttgaaatcacatttttccaactGATTCTCATTTACTATAGatatttaaggtgacagattttgaaactccactaagacatc-
U11           -----tacttttttaacacadaaaacccaattttatcttCCCAATCTCGTTTACTTCATATAatttaattttatttttcaattttttttttaaaaaactc-
U12           -----gttttttagtacctacatagccagatttttagtttcttATAATCTCATCTGTTCAATAttttttttagacagaagaacgacaaataaacagtttaacgtc-
```

Upstream promoter alignment showing conserved regions. Sequences include Pol III promoters (noeCR34335, Arthropod\_7SK, 7SL, RNase\_MRP, RNaseP\_nuc, U6, U6atac, tRNAsec, snoRNA18SA1806) and Pol II promoters (U1, U2, U3, U4, U4atac, U5, U7, U8, U11, U12, OrCD1). Conserved positions are highlighted in the alignment.