

Protophormia terraenovae

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Oestroidea > Calliphoridae > Protophormia

Assembly: GCA_951394005.1_idProTerr1.1_genomic

Pro_ter1 | OX596073.1:164609022-164609453 (+) | 432 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 2.6e-01

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 10nt PSE: 1.00

GGC GGT TCATAACCTCTGCATTGAAAGGGTTGTTCACATTCCCTAAACAAATGTGAAATTCGTTGTAAGAAATTCCTATCCCTCTCCAAAAAGGCCGCTCTAACGACGACGAAATTTCCAAAAATATAAAATAAACAAATTCCTCCCA
AAACACTCAAAAAATCTCTCTCAATCATTAACAAAGTTTACCTTAAAGGAAAAATATTAGATAAATATACAAAAACAAATCTCTCTCAATTAAATTCAAATTCATTTCCAAAAATAATCAAAACAAACGAGCAAAAAAATAAAACT
CAAAAAATTTCCAAACACTTTCTCATATCAATGTGCGCTTAAAGATTGAAAAATTAATAAAATTACAAAGCTAAATTCAAATAAATCTAATGTCCAGAGGTTACAGAAAAAGGTAATCGCCATTTTTTTTTTT

```
Pro_ter1  -----gtttctttaacgaatttcaattttttatcccttATAATTCTCATATTCCTTTCCttacttaagtgccttaaatcacatcttttttaaggctataccacc
U6       ----attattttcatttaattttatttcttaagctttatATAAATCCCATTTCTTTTTCTtaaaatfaacgtttaaataagacatttaagacaacaactttt--
U6       ----ttctataaacaatgtatattttatttaadgtcttATAAATCCCATATTCCTTTTTGtttaaaatfaaataaaatatttaatttaacattatcaacttt--
U6       ----ttttatttttaaatatcttcaacatagtgaaattttATAAATTCCTTTTTCTTTCCtttaaatatgtataaataagaatttaagtaaggacttt--
U6       ----tatttttcattgaaacattttttttttttataaATAAGTCCCATATTCCTTTCCtttaaatatagataaaataagaataaataagtaagaacttt--
U6atac   ----tcaatttttttccaatgtaadaataataaatacaTATAATTCCTATATTCCTTTTTTatcacctgtttaacataaaatccataaaataaaacttttataatt--
U1       --aatttttctgtacgttttataatttaattttgtttGTAAATTCCTATTTAGTTTATATgtgctgtctataagatgtttagttttgctgagaaaaagc---
U1       ----taaggattttatttctcgtgtgtttgtttattatcccttATAAATTCCTATTCAGTTTAAATatttgaacataaagtaacgaatttaaggaaacgaaaaagc---
U1       ----ctcgaattgtgtctatcttttttctcattctTACAATTCCTATTTAGTTTAAATtttttaaaactcaaaatattgaattttctgcaaccaaaaagc---
U1       ----cttcgtatcatgttattagttgacatttatattctTATAAGTCCCATTTAGTTTAAATatttataagatgttgggtttttgatgatgaaagc---
U1       ----aagctaaacatttgtgtgtattttgtattcttTATAAATTCCTATTTAGTTTATATatgccgtaataaagatgttttagtattttgcagagaaaaagc---
U1       ----ttttattacgaactaaccttattttaatttttttgcgAAATAATTCCTATTTAGTTTATAAaattttgtatacaagatgtttaagtttgacgaagaaaaagc---
U1       --accttccctctatctotcattatcccttttcccttcccttTCAATTCCTATTTAGTTTGAATtttttaacttaaaatattcaaattttaadcaacaaaaagc---
U1       ----acaatatccctataaaaaattcccttcacatccctttgAAATAATCCCATTTAGTTTCATAAaacatttgaataaaatacttagagtttgagctgataaaaaagc---
U1       ----tccaagtgtatattcttctatcttcttcttattccctTATAAATTCCTATTTAGTTTAAAAaatatttgacttaaatctcattgtttgagcaacgaaaaagc---
U1       ----taattgaattttcattttatttccacacatttcttcaAATAATTCCTATTTAGTTTAAATttaccatttaacttaaatgaatttaoatttaoacttgaacgaaaaagc---
U1       ----taattgcatattgtgtttatccctttattcttattccctTACAATTCCTATTTAGTTTAAATtttttcttactgaaatagtttaagtttgacgaacgaaaaagc---
U1       ----ctatgttgttatattatctctgtctgtattccctTATAAATTCCTATTTAGTTTAAAAaatatattacacaaaattgaagtttgagcaacaaaaagc---
U1       ----ctatgttgcgtatattgttacctagctgttattccctTATAAATTCCTATTTAGTTTAAAAaatatattatacaaaatattgaagtttgagcaacccaaaaagc---
U1       ----gttccaaggataaattgtttcttcttcttttatactttTATAAATTCCTATTTAGTTTAAACatgttcaagcaataagttatctcattgtttgagcaggaaaaagc---
U1       ----ttttctcaagaactaacctttattttaatttttctcaAATAATTCCTATTTAGTTTATAAaattttgtatacaaatattaaatttaoacttgaacgaaaaagc---
U2       ----taattgaagacatttttctatacaagaataattTAAAAATTCCTATTTAGTTTAAAAATaaattttaagataaagtaatttaactcttctgaattgtgtt--
U2       ----cataaatattttttcaadaataaaatttctttcatctTATAAATCCCATTTAGTTGATATcaatttttacttaaatatttaoaaatacttattacaott--
U2       ----gtctagatttggtagaagaataatttagtttccaatgtATAAATTCCTATTTAGTTTAAATtttttagatacataaagtagtttcagttttcaagcaaaaagc---
U2       ----atatataatcgggttttcttgaattttctcattgtTATAAATTCCTATTTAGTTTATAAaatcttttataaagatgaataattttgtagacttaagtt--
U2       ----atatataattcgggttttcttgaattttctcgaattTATAAATTCCTATTTAGTTTATAAaatatttcttgaagataaatttttttaadcatttaatt--
U4       ----ttttactttatagataacacacaaaattctcgtttTATAAATTCCTATTTAGTTTATATttaaaatgtatagatgaattgaagttgtcgtctgttgaagtt--
U4       ----tttttagttattagcaataaaagaacttatcttcatTATAAATTCCTATTTAGTTTATATttaaatatattataatagtaaaagctttttcaaggaatcatt--
U5       ----ccttaadaatttgaatttcttataaaaactctctatdaaaATAAATTCCTATTTAGTTTATTTtaaatttttttataaaoatcattctctacatatacaaa----
U5       ----gttttagtaaaacgatagttgtctactagcgtttcattataATAAATTCCTATTTAGTTTATATttatatatacataaattgaaggttggtggcgttaact----
U5       ----atacacattttagggttactgttatttatttttttacaataATAAATTCCTATTTAGTTTATATtaaaatcttttatattgtttaagtttttaaggccttag--
U5       ----tatgaacaaccaaccctttaaadatttttacttcactccTATAAATTCCTATTTAGTTTttacttttaatatatatcttccacacaaaatctctctttu----
OrCD1    ----agcacgcccactaggtttttactaagaaaaatcatATAAATTCCTATTTAGTTTttattttctgttaaaagaactgagtatgtgagtttgttaattt--
```

Upstream promoter alignment showing conserved regions. Sequences include Pol III promoters (noeCR34335, Arthropod_7SK, 7SL, RNase_MRP, RNaseP_nuc, U6, U6atac, tRNAsec, snoRNAme18SA1806) and Pol II promoters (U1, U2, U3, U4, U4atac, U5, U7, U8, U11, U12, OrCD1). Conserved positions are highlighted in the alignment.