Mulgravea parasiatica

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Ephydroidea > Drosophilidae > Mulgravea

Assembly: GCA_037075045.1_ASM3707504v1_genomic

Mul_par1 | JBAMCR010001971.1:3139-3815 (-) | 677 nt | lncRNA:noe consensus e-value: 1.7e-02

5' motif: GTGGT 3' motif: ATCAC Internal max. Poly-T: 4nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.98

```
GGGTGGTCGGTGTCTCAAAGTGCAAAGGGTTGGTCACATCCCCGACTAATTGTGACATTGGAGAGCAAAAATCAGCGGAACCTACCTTTGAACAAAATGAGAGCAATGAAAACTTGATGTTTATGACCAATGAATTATGATGGGATGATT
ATGTACTACTGCGCTACTTATGGATAACTATATGAATACTTGATAAATGATGTTGAGAATATGAACCTCTGAGAATAAAATGCATGAAATTTTGTGATCAACAAGGAACTTGGGTAGAAGAGAAAAAAAACAACAGAAGCAAAACAAA
AACAAACCACGCGCCGCGCCGCTCCGCAGAACCAACGCCAATGAAAAAGAAAGACGGATATATATGGACCTCTAAAATGAAAACAAGAAGAAGAGCCAATACAAAGAGAGAAAACTATACTACACTCGTGTGAGTAAATGATTGAAGCGA
AAAAAACCACTCAAACAAACCAATGAGAGAAGACCCTTTACAACAAAGAGGAAAAAAACACGCCACTACAACTACGAAGTTACCAAAAAACAAGAAAAACAACAATAAAAAACACAAAAAAAAAACAAACACTTTGAGATACGGGTGGAA
TGAAATAATCCCCTGCTTCGGGAGGAAAAAAAGTCCCCCGTTGCGGGAGGGAATTGTCCCCTTTGATCACCTTTTTT
```

```
Mul_par1          ------tgttcaacgtacaatataattttctgaaaatctTATAATTCTCAACTTTGTTTTCgcccgcattgcacatttaaatatgctaatgcaagttaacactctc--------
RNase_MRP         --------------atttgtattttatattataaacagctTAGAATTCTCAATTATATGTTTtgcgtatggcacatataaataccaacaagaatttagataaacagggtgttct
U6                -----caatagatggcgccaaaagaatttagcgtttttcTATAATTCACAACTATGTATTTagcacttgaataatttatataccgcaaaatttgtcctactttc---------
U6                ------cttgcaacccttaaatcctgcaagcgtaacagcTATAATTCCCAAGTGTTAGTTTcgcattccttcaatataaataaataatttctgtgataattcttc--------
U6                -----cgatagatggcgccaaatgaatttattgttttcctTATAATTCTCAAATATGTATTTagcaacacaacaatttatataccgcgaaatttgttccactttc--------
U6                ------cttacaacccttaaatcctgcaagcgtaacagcTATAATTCCCAATTGGTAGTTTcgtactcgttcaatataaatagatagtttctgtggtggttcctc--------
U6atac            ------aatatgtatactgacaattgtaaacgttgcgctTATAATTCCCAACTTTTTATTTtgcccaatgcgctgtataaaataacgttcgagttcgcgaagcactt--------
U6atac            ------aatatgtatactgatagttggtaagcgctgcgctTATAATTCCCAACTTTTTATTTtgccaaagcgctgtataaaagaacgttcgagttcgcgaagcactt--------
tRNAsec           ------atgaaaataaaaacagctgcttgtgtgatgtgttTATAATTCTCAACTATTTATTTgtcagcatgttcatataaaataagatttattcctgcgcatttt--------
snoRNAMe18SA1806  -----atgaattgttgtgtggatggttgtgcgaacagtgtTATAATTCCCAACAGTGTTTTCggcaaattgtaagtataagtaccagcgaaatagcaaatttcaa---------
snoRNAMe18SA1806  -----atgaattgttgtgtggatggctgtgcgaacagtgtTATAATTCCCAACAGTGTTTTAtgcaatttgtaagtataaatacgaacgaaatagcaaagttcga---------
U1                ---gcatacttttaggtaatttttctcatttcatgtactTGTAATTCTCAATTGGTTTTAGcttacaaagcatggtaacccagtcccagagcagaattgagc----------
U1                ---gcatacttttaggtaatttttctcatttcatgcactTGTAATTCTCAATTGCTTTTAGcttacaaagcatggtaacccagtcccagagctgaattaagc----------
U1                ---ttgaatattttggaattgatttcatgtgtccctTACAATTCCCAAACTGTTTTAAttgcttgaatatggaaacccagtcctcgaacggaagaaaagc----------
U1                ------aaacaaagtatagcatacttttcgaccagacagtTACAATTCTTAAAAGGTTTTAActgatttatatcatgctctagacattgggtcaaaatatttata-------
U1                ---ttattacataaatatatgtattaactaggatatttacTACAATTCCCAAATAGTTCTAGttgtgctgaataagtacacttgttccagatctgataaaagc----------
U2                ----ttgtgcaacactgcatatatttcattgaacgttccAATAATTCCCAACGAGTTCTTGtcaaaaattattgtagtgttgaaagttgtgtgactcaagtt----------
U2                ---gaaaacgaagcaagccttaaatattttcaatagtttAATAATTCGCAACTGGTTCTCGttcttaactcatgcagtcgtgctggtttcttcgacaagtt----------
U3                ----ttaatttattttgttattcatttggtaatgtcgtAAGAATTCTCAACTGGTTCTAGtgctgttattgtgtagtgcgtgttgttggacacggaaaattt---------
U4                ------taaataaaatggttattttgcaaacttcattcaaTAAAATTCCCAAAATGTTTAAGcagttgtcatataagtatctaaggtatgttctgtatgaaagcat-------
U4                ----tgtgaaaacgtttcgtatttttacacgaagcgcactTGAAATTCCCAACTAGTTCTGGctgcgtccgcatggtgtagtcgtcattaagcgagatttggtt---------
U4atac            tgcaataattttgttatgtaatttttccatttgatatgctTGCAATTCTCAAACGGTTCTAGcaaaagcttcataaggtcgagatcaattgctgtactcg----------
U4atac            tgcaataattttgttatgtaatttttaccatttgatatgctTGCAATTCCCAAACGGTTCTAGcaaaaacttcataaggtgaaaatcaattgctgtactcg----------
U5                --tgttgcctattttatggagtttttcacggcaaatatctTGAAATTCCCTAAATGGTTTAAGcaggtttaggaagcagtaatacgagcaatcctgggttcaa----------
U5                --gctccgtgaagtagactatgaatttacactcactaaagTGTAATTCCCAACTGGTTATAGcacgaatcacgtagtagtgctgctgggtggcagtggaaag----------
U7                -------------tgtgtcactcgcacagacttgtgcgccTATAATTCTCAATCGGTTCTTGtattccgctttatccaatgtgtgtttatagtgaaatgtgaaattaagtattga-
U11               ---acgatcttgtatgtagctttttcaacatgttgcactAATAATTCACAACCGGTTTTGGccccggacgggggtactacatgcgacataccgaagcataatt----------
U12               ----acgcagcagttgggaattatacgtttagcgaccctTACAATTCTCAAATGGTTTTTGttgtgtacacactagcgggtatgtggcagctgcttggaattt----------
OrCD1             ----aagttattatacgcactgttaataacatttgtgcacAATAATTCACAATCTGTTCTAAcattcccatgaaggagccaatgtaacgtttagaattaaaatg---------
```

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.