

# Leucophora spona

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Muscoidea > Anthomyiidae > Leucophora

Assembly: GCA\_965643815.1\_idLeuSpon1.hap1.1\_genomic

Leu\_spo1 | OZ286162.1:341095311-341095573 (+) | 263 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 5.3e-01

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGT Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.80

GGCGGTCTAAACCAATTGCGTTGAAAGGGTTGTCACATTCCTTGAATTTGAAATTTGAACAAATTCATCTAAGTCTTAACGACATGCCAAAAACAATAAAACAATTCATCAAAACAAACAAAAATGAACCAATTCGAAACTT  
AAAAATATTCTCTATAATTCAACAAATTTCTCAAAATGCGCTTAATAAAAAAATCATGAGCCACACTCTTAAAAATGCAGAGGTATTAAAAATTAAGCATCGTCACITTTTT

```
Leu_spo1      ----TtaaaqdataatitttacttccacacatcactttATAATTCTCAATACATTTTccttcttttaattatottttaaataotttttttaataaadtctactctc
Arthropod_7SK ----atatgtttacactgtttttttcacacacttcattttACAAATCGCATATGCTTTTTgttttaaaagtacgtttatatacaactcttagccttactgctggc-
U6            ---ttcagaaaaacacatttagttttattctttattttatATAAATTCATTTTGCITTTTcgtttaattgtacgtataagtagctgttttaattagtcacacattt-
U6            ---attttatataatttttatattcgttaadacataattTCAATTCCTATTTTGTCTTccccaattataaatacaaaataaaactttttatctctactt-
U6atac        ---aaataataaaattctatatatagatatacaaaataCATAATTCCTATTTGCTTTTTgtttattgattggtataaaataaaggttaagaattcataaaat-
U1            -tattgacttaaatattagatatatttttccccatagataAATAATTCCTATTAGTTTAccttcagtttgacataaaatagtttagtttgcctgacaaaagc---
U1            -attttcctttccttttttaataadttatatttctCATAATTCCTATTAGTTTAdtttatctttlacataaaatdtttcttttctcgttaaaaaagc---
U1            -tatattatccgttaaggatactaaagataatgaacgtttAAAAATTCCTATTAGTTTGAaaaatgtttgactgaatcttttagtttaagctgaacagc---
U1            -gctaaattttcttaaatccttttagattgtgaacacctttATAAATTCCTATTAGTTTAgtttccctaaataaagtagctctaaatagagctatcgaaagc---
U1            -ataaaataaactgtataaatatttacttttttactTATAATTCCTGTCAGTTTAtaocctcatttcoottaaatatttcoottatgcgtaaaaaagc---
U1            -aaatactttttatagcacacatatcttcttttagtattTTAAATTCCTAGTTTATtttctttcacataaagtagtttactttttctgtaaaaaagc---
U1            -aatttataaaatgcattaaacacatttcccaaatgtgaAAAAATTCCTATTAGTTTAtttttactttatctgaagtagtttagtttaagcgaactagaagc---
U1            -cttgtgtattttggcacaaaattttcgttttagtattTCAATTCCTATTAGTTTAtgttccctttcacataaactagtttagtttgtttgaaaaagc---
U1            -gocctcttaottttadattcttttattttcgttttaataAATAATTCCTATTAGTTTAtttgcadtttaacataaaatdtttaotttgcctgaaaaagc---
U1            -aattttataaaatttttttagcacattatgaagtgttaAAAAATTCCTATTAGTTTAgtttgccttctcgtcttaagtattttttctttgttcgtaaaaaagc---
U2            -taaatgaaagattttgaaagactcaaatgttTATAATTCCTATTAGTTTGAaatattataacgttaagtagtttagtttcatcttagtttggtt---
U2            --taotgtaattacacgtatatttttcttcttctCCTAATTCCTATTAGTTTGAaatattattatataaaatattcaaatgcctgaacatttaott---
U2            -aatgttaaaaaattgttttactatatttttccctTGTAGTTCTATTACTTTAAatagtttttaaaataaactagttttgtttgaattgatttagtt---
U2            --ttctgttagcttttttaacatgcccttaaaattgtTGAATTCCTACTTATGTTTGAaaattgtacacattagtagtttagtttggcagtggttagtt---
U2            -tcttttcaaaaaaatotttttattattttacottTGTAGTTCTACTTTTAAaataaatttaacataaactdattttottttaaatttaattttt---
U2            -ataclacactttattttatagccctataattctattCATAATTCCTATTAGTTTGAaaatttaaaacataagtagtttagtttagccatggttttagtt---
U3            -ttaaaactacccctaccccgcaataaacttttttTATGATTCCTATTAGTTTAtttgtattcaattgatatagattgtttgtgcgtataaaaaatt---
U3            -ttttacataaaattataaaattttttatatttttcaAAAAATTTCTATTAGTTTGAcaaaaccttgccttaattatgttttttaatttaaaacataaaatt---
U4            --catttgttaagttttaatatcactcagatttttctTAAATTCCTGTTTGTACTatcgtcaaatgtatatgatgtaaaagtgtgaatgggttaaaatc---
U5            ttttaataaacttagtagtagcataaacactgcggtaGTAAATTCCTGTTAGGTTTGAaatgtttttatatgtatagtttagtttgggtgtttttgt---
U5            gtttcaatttttccctcgaactttaatttaataatatTTAAATTCCTAGTCAATTAatttttctaaaccttaadatttttttttcaatdttttat---
U5            taataaacctgcttagtagcagataaactgcctcTGTAAATTCCTGTTAGTTTGAaatatttttatatgtatatttttagtttttgggaucattct---
U11           --acacccctatttagataaataattgtttatgtatacACTAATTCCTAGTTTAAaataactctgatataggttttaatttttcaatgtatgctt---
U12           --tgtgcattttatttacttacagggttttctatgggtatACAAATTCCTAATAGTTTAtcaaatgttgctatttagtatgttcagtttggtaacaaattc---
```

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.