Anastrepha ludens

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Tephritoidea > Tephritidae > Anastrepha

Assembly: GCA_028408465.1_idAnaLude1.1_genomic

Ana_lud1 | CM051848.1:46906386-46907225 (-) | 840 nt | lncRNA:noe consensus e-value: 6.3e-18

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

```
GGGCGGTCTGGTGTTCCGCAGTACACATCGGTTGGGCACAACCCGTTTCAAAATTGTGCCACAAAACTAACATACAAACTGAGTAACTAAAACAAATTGAATACTGAAAACTGGCAAATGATGATATGAATTTAATATACATACATACAT
ACATATAAATGCAAACTTTCGTCAACTAAAATGGAAAATGATTTACAGTTCAAAATGACACACACAAGCAAAAATTGAATCTGACTCAAGGCAAAATCTCATATACATAAGGGCAAACGATAAAACGAACCAATGAAGAATAACTTGCGA
AAACTAAAACTATATCAGATTTAATCAGATGCAAAAAAAGATTAAAAATAAGAAGCCAACTATGCAAAAATCGAAAATCGACTTCAAAAATACCAGGAAAACGCATAACTCTAATAAAAAAAAAATCAAAAAATCGCATCTGTGTGTCC
CGTTTGAGTACAAACGAAAGTCCATACTCGCCGTCGTTCTGGTGCGGCAACAACCCACAATATCAGCCAGTTCTGGCGCAGATACATGTCGATGTTATGCCTTGGAGTTGTTGCAAGTTGTGGTGGAGCTCACAAAGAGGAGTTCGCCTA
GAGACGAGAGTACAAATGTGCCAAAGCGGCGGCGAAATGGATCTGCAAAAATTAAAACCAATAGATGTTTGAGATTAAATTCCAGCAAAATGAAAACGAAAAAACACCAACTAAAATGTCAAGATGAAAAAAAATCGACCTAACAAAAAC
ACACAAAAGCTGCATAGAAAATGAAAGCAACTAAGAAAAAAACACTTGGCAAAACTGACGGAACACAAACTGTGGTGATCGCCCTTTTTT
```

```
Ana_lud1  ------acaattgtaagtttcattgctgttgcaacagttttgcAATTCACAGATGTATTTTCcgtaaaaattggtataaatagaacatccgtatgttgagcattca------
tRNAsec   ------tgttatataaacttttcgttcacgaccgcgaaatctgtAATTCATAGATGCATTTTCttcacattgtcaatttaaattgtgacgtctgacttaaattaatt------
U1        ---tttcattcatttgaatacctacgcatccttctgttattAATTATCAACCACTTTGTGagtgatccgacttaagtactctgctttgagcagaggaaagc---------
U1        ---tttcgttcattgttgattacctacgcatccttctgttagtAATTCCCAACCACTTTGTGagtcctccgacttaagtactctgctttgagtgtatgaaagc---------
U1        ---ttttcgttcaccagtttgacttcgaattttcgtgtttgtTATTCTCAGATGTTTTATGagagttatggcttaagaagttggttgtgagcgaaggaaagc---------
U1        ---tttcgttcatcattgaatacctacgaatccttctgttagtAATTCCCAACCACTTTGTGagtgatccgacttaagtactctgctttgagcagaggaaagc---------
U1        ---tttcgttcatcattgagtagatgctcatcttcgcttagtAATTCCCAACCACTTTGAGagtgattcgacttaagtactctgcgttgagcgtagaaaagc---------
U2        ---attttcgtttcactatggaacgtaatagccacttcatggcAATTCTCATCAGGTTTGTGacgttctgtgaacaaattgtttatttagacgtcgaaagtt---------
U2        ---atttcgtttcactatggaacgtaatagccacttcatggcAATTCTCATCAGGTTTGTGacgttctgtgaacaaattgatttatttagatgtcaaaagtt---------
U2        ----cggtataaatatttcgtacattaatttttgtgagcgtgtAATTCTCAAAAGGTTTATTagaaaatgtattgactagatagtttgttagttgtgtatggtt--------
U2        ----cggtataaatatttttgtacattaatttttgtgagcgtgtAATTCTCAAAAGGTTTATTagaaaatgtaatgactaggtagtttattagttgtgtatggtt--------
U2        ----aggtttaaatatttcgtacattaatttttgtgagcgtgtAATTCTCAAAAGGTTTATTagaaaatgtattgacaaggtagtttgttggttgtgtatggtt--------
U2        ----atcacataataaattgctgatttttacgctgctgttgaAATTCTCACAGGGCTTATAtgtttttttaatttaagtgctgtaccttgaacggtattcagtt-------
U2        ----cggtataaatatttcgtacattaatttttggcagcgtgtAATTCTCAAAAGGTTTATTagaaaatgtattgacaaggtagtttgttggttgtgtatggtt--------
U2        ----tatattatatattgatataaataatttttgtgagcgtgtAATTCTCAAAAGGTTTATTagaaaatgtattgacatggtagtttgttggttgtgtatggtt--------
U3        ----atttgctcactagcattagcatttctcaatctattctcACTTCTCAACCGTTTTATAagcagtttaacttaagaatttcatactgacgctgttaaagtt--------
U3        ----cgctggcattggcgtttctttgatgctcagtgtattcccACTTCTCAACCGTTCTATAagcagtttaacataagaacttcatactgatgatgttaaagtt--------
U4        ----tttatggttggtaggtcacgcacgctgcgttgctttgtAATTCTCATACAGTTCATAaaataataggagtgaagtagtttttgtatgagcgattacagtt--------
U4        ----tttcattgatgtactcttagcctttttgcactacactttACTTCTCAACCATTTCATAaattaataggatgaaatagttattggtgggaagtgattattt--------
U4atac    aaaccttttcatcgccacagtcaagtcaatgcctgccgcagcAATTCTCAACAGTTTTGTAgcggcgtaagtataagcgttgaattgctgccacaatcg-----------
U5        --ttgtagcctactttaaacaaattttcgttctgttgtttttgAATTCTCATCCACTTTATGacattcgttaattaataagttttatgttggttttgtaagt---------
U5        --gttcttcgcttatttcgtattacttgcctttgccgttatACTTCGCAACCGCTTTATGaaaatatttattctaataatgaaatgttgaggtgtttag----------
U5        --ttctcacttttgcttgctttactcatcagcctcgctttgcAATTCGCAACCACTTCATTTcctctataacataaagactacgtttttgctgtttgaaat---------
U5        --gtagtgtgagtactatttttcgtgttcattaaaaatttgtAGTTCGCAGATGGTTTATAaaatgttttaaagtagtagttgtgtattgggatatggaaa---------
U11       ----aaattcagatttatttatttaccattatgcctccgaagcAATTCTCATCCACTTTACAtatgccgagggtatttccgattcatagccattcgctcgtactc--------
U12       ----ttcgttcctgcaacacgcatgcactaacaacaaccatctGATTCTCAACATGTTTACAaacatcgctggttaagtaattcgttcactgctacactaattt--------
OrCD1     -----------ttgtttcctttaagtcacccgtgtgctttgtAATTCTCAAATAGTTTAATtttattctgtcataaatagtaaatttgtagttaaggcagtttgttcaaac
```

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.