

Glossina brevipalpis

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Hippoboscoidea > Glossinidae > Glossina > Austenina

Assembly: GCA_000671755.1_Glossina_brevipalpis_1.0.3_genomic

Glo_bre1 | KK351021.1:1134128-1134407 (-) | 280 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 5.2e-08
5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt

GGC GG TCT AT ATT CCT C GG TTA GGG TGG T GGC TGC AT CCC AGG T TCT AAT GAT CGA ATT G CAG CAAC AAAA TGT GT C TCC AAA T CAAC TT AGC CAAG T AAAA TT GG CAT TC ACC AA TAC ATA ATT TAAT CT CT CT AT GGT AG AG
CAC ACT TCT GAC AAAA GCG AA TATACA CACT CT AG CT GTT AT CTT TGT AA GAT AAAA TT TGC ATA ATAT GT ATA AG CAAA CAAAAA AAAAAA AAG AC CT GT TAAG GAT AAC TGT GAT CGC TTTTTT

```
Glo_bre1  -----aatacaaaatttcttcttcttttttaattaaTAATTCCTAGATATTTTTTAcctcdootttaaottttaaatacaacaattatttaataactaaaca
U6       ---agttgatcggttttcgtttgtttgctataaaatgaatTAATTCCTAGATCATTTTTTgtcaaaagtgtgttaaaatccttgagtacaattgaacatC-
U1      --aacatttgtacgttttctttaaatttatattttccacaATAATTCCTAGATTGATTTATAaaatttgaagtataagtaagtttgaaaacgataaaagc---
U1      --ttgttcatttcttctacaaatttactcttaccataAAAAATCTCAATTGGTTATAAatttttaactataagtaattttctccacaaatcgaagc---
U2      ---tgaacacatttcagtagacatttgcataaaatgctataaTAATTCCTCAATTGATTTATAattttataaatttaagttagacattgaaatcgaattgaagtt---
U2      ---ttgttccttaattctgttcattgttgttaagttaacttgTAATTCCTATTCGATTATAataaatttgattgaaatagattgattgattgttttaagtt---
U2      ---taccataaaataaattttacottttaaaaaatatacaaaTAATTCCTCAATGATTATAattccatgcataaaatatacatttaattccootatatt---
U2      ---ttttgtttacaatgagcaaaattgtattaaatatccttaTAATTCCTCAATGATTATAattttttacatcctaaatagattgttaaaagattttgattt---
U3      ---gattgtttttattttccacaacgcaatgctatacaataaaaGAATTCCTATTCGTTTTATAaaatagataataaagagattgtatttggcgtgataaaatt---
U3      ---atttaaatattttttatttttaaaatttttccatgaatTACTCTCGTTGGTTATAAaatadataataaagaaatttttttgaatgataaaatt---
U4      ---attatcaattgtgtcgtagatgaacttatgttaagtctataATTCCTATTCATTTATGtttaattttataaagacttgaatttttcaaggcaagtt---
U5      gattctcatttcacacttaatttgatataatcaacttttgccaTAATTCCTCATTTCAATTATAatttttttactagataaacactttgtttttggaacaaaa----
U5      tacttgcattttttgttttcaattcgttttaaaatttatctttaTAATTCCTCAATCGAATTATAaaatttttaataataaaaactttgttagcttatgttga----
U5      -agtgtattttttttttataaaattttatcttataTAATTCCTCATTCGGGTCATAaatttttotaadatatcatotatttttgaatttataaaaa----
U11     ---gtcaaatgaagttttctgtacgataagtaacacaaTAATTCCTATTCAGTTTATttacaattaagtagaagtataataatgttttttattataaaactta-
U12     ---ttgttttgcagacaccatcgattgttaagttaattgcacAAATTCCTATTCGAATTCATAaaaagttaaatacaaaattatatgatgagtggaagtaagaatc---
```

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.