Gene Cluster ID	Atp6v0b
Drosophila melanogaster gene	**VhaPPA1-1 (CG7007)**
FlyBase ID	FBgn0028662
Predicted function	ATPase, H+ transporting, lysosomal 21kDa, V0 subunit b

Atp6v0c CLEAR element conservation:

```
                 5'/5'UTR
        Mdom\  AGCAGCACTTGATCATGTGATTAAGGCTGAAA
        Ccap\  GAAATTGTTTCATCAGCTGATGCAAGGCGAAT
        Ccap\  GTTGTTTTTCTGTCATGTGATGAGTAAAGTTT
        Gmor\  TGCAACACTTCATCATGTGATTAAATGAAGAA
        Llon\  GACTTCACACCATCACGTGAAAATTCTTCGAT
        Ppap\  AGCTGACATCAATCACGTGAAAAGTGGCCGTC

        Agam\  TTCTTTGCTCGGTCATATGACGTCTTGATCTT
        Aara\  TTCTTTGCTCGGTCATATGACGTCTTGATCTT
        Aqan\  TTCTTTGCTCGGTCATATGACGTCTTGATCTT
        Achr\  TTCTTTTCTCGGTCATATGACGTCTTGATCTT
        Aepi\  CTCTTTTCTTGGTCATATGACGTCTTGATCTT
        Amin\  CTCTTTTCTCGGTCATATGACGTCTTGATCTT
        Afun\  CTCTTTTCTCGGTCATATGACGTCTTGATCTT
        Aste\  CTCTTTTCTCGGTCATATGACGTCCAGATCTT
        Adir\  TCTCTTTTTCGGTCATATGACATCGAGAGATC
        Anil\  TATCTTTTCTGGTCATATGACATCGGGAACAT
        Aalb\  CTTCTTTGCGGGTCATATGACATCGGGATCTT
        Adar\  CTTCTTTGCGGGTCATATGACATCGGGATCTT
        Aaeg\  TCTCTCTGTGGGTCATATGACATCAAAGGATC
        Cqui\  CAGTGAGGAGGGTCATATGATACACGGGGGAT

        Mdes\  TGCGCAATCTCGTCACATGATTTTCATATCAT

        Bmor\  GACATCTTGTGATCACAAGACCTCTCCGTTTT
        Msex\  GACATCTTGTGATCACAAGACCTCTCCGTTTT
        Hmel\  GACATCTTGTGATCACAAGACTTCTCCGTTTT
        Dple\  GACGTCTTGTGATCACAAGACTTCTCGGTTTT
        Pxyl\  GACATCTTGTGATCACAAGACTTCTTCGTCTA

        Tcas\  gcaaggttgtacTCACGTGAgtccaattatta
        Dpon\  ttttgacatttaTCATGTGAttattgtcatca

        Amel\  TAAGAGTAAACGTCACATGATAAAAGCGGGTG
        Aflo\  TAAGAGTAAACGTCACATGATAAAAGCGGGTG
        Bter\  GAATACTAAACGTCACATGATAAAAACGGGTG
        Bimp\  GAATACTAAACGTCACATGATAAAAACGGGTG
        Mrot\  GATTGCTAGACGTCACATGATAGAGACGGGTG
        Aech\  TACGAGCAGTCGTCACATGACAGCGACGGGTG
        Pbar\  CTCGAGCAGTCGTCACATGACAGCGACGGGTG
        Cflo\  AGCCAGCAGTCGTCACATGACGGCGACGGGTG
        Lhum\  CGCCATCAGTCGTCACATGATATCGACGGGTG
        Hsal\  AGACCTTGGTTGTCACATGATAACGACGGGTG
        Acep\  GTGACATGACAGTCATATGATTTTAGAAGAGG
        Sinv\  CCGAAGTGGTCGTCATATGACCACACATGACG
```

```
Ngir\    CAGAGATGGTCGTCACATGACAGCGACGGGTG
Nlon\    CAGAGATGGTCGTCACATGACAGCGACGGGTG
Nvit\    CAGAGATGGTCGTCACATGACAGCGACGGGTG

Lful\    caagtcttaaagTCACATGAttatttagagca
Phum\    ggttgctcgaagTCATATGActtctgcttaaa
Dpul\    gtgagaccaaaaTCACATGAcagatcccttcc
Isca\    gggtgtgacttgTCATGGGAcctcatctgtct
```

Atp6v0b gene structure comparisons:

(Click on orthologs for genomic, mRNA and protein sequence informations)

Key: UTR region, CDS region

Order	Species	Atp6v0b orthologs	5' exon	intron		exon3'			Extended CLEAR region	Position	bps from TSS
Diptera (Drosophilidae)	*Drosophila_melanogaster*	Dmel\VhaPPA1-1	124	59	19	639		502	agaaaatgtacgTCATGTGAttgtggattctt	5'UTR	47
Diptera (Muscidae)	*Musca_domestica*	Mdom\Atp6v0b				636			agcagcacttgaTCATGTGAttaaggctgaaa	5'UTR?	>-190
Diptera (Tephritidae)	*Ceratitis_capitata*	Ccap\Atp6v0b	26	92	22	639		159	gaaattgtttcaTCAGCTGAtgcaaggcgaat gttgtttttctgTCATGTGAtgagtaaagttt	5' 5'	-507 -25
Diptera (Glossinidae)	*Glossina_morsitans*	Gmor\ATP6V0b-1 TMP003354*			113	636	21+70+160		tgcaacacttcaTCATGTGAttaaatgaagaa	5'	-66
		Gmor\ATP6V0b-2 TMP003353				648			ND		
Diptera (Psychodidae)	*Lutzomyia_longipalpis*	Llon\Atp6v0b			191	630		175	gacttcacaccaTCACGTGAaaattcttcgat	5'	-8
	Phlebotomus_papatasi	Ppap\Atp6v0b				630			agctgacatcaaTCACGTGAaaagtggccgtc	5'	>-256
Diptera (Culicidae)	*Anopheles_gambiae*	Agam\Atp6v0b AGAP009334	77	83	12	627	151+75+47		ttctttgctcggTCATATGAcgtcttgatctt	5'	-1
	Anopheles_arabiensis	Aara\Atp6v0b				627			ttctttgctcggTCATATGAcgtcttgatctt	5'	>-173
	Anopheles_quadriannulatus	Aqan\Atp6v0b				627			ttctttgctcggTCATATGAcgtcttgatctt	5'	>-173
	Anopheles_christyi	Achr\Atp6v0b				627			ttctttctcggTCATATGAcgtcttgatctt	5'	>-163
	Anopheles_epiroticus	Aepi\Atp6v0b				627			ctctttctggTCATATGAcgtcttgatctt	5'	>-157
	Anopheles_minimus	Amin\Atp6v0b				627			ctctttctcggTCATATGAcgtcttgatctt	5'	>-148
	Anopheles_funestus	Afun\Atp6v0b				627			ctctttctcggTCATATGAcgtcttgatctt	5'	>-147
	Anopheles_stephensi	Aste\Atp6v0b			10	627			ctctttctcggTCATATGAcgtccagatctt	5'	>-152
	Anopheles_dirus A	Adir\Atp6v0b				627			tctcttttcggTCATATGAcatcgagagatc	5'	>-160
	Anopheles_nili	Anil\Atp6v0b				627			tatctttctggTCATATGAcatcgggaacat	5'	>-157
	Anopheles_albimanus	Aalb\Atp6v0b				627			cttctttgcgggTCATATGAcatcgggatctt	5'	>-121

Order	Species	Gene	Exon/intron structure (5'→3')	Splice site sequence	Region	Position
	Anopheles_darlingi	Adar\Atp6v0b	[blue] · 627 · [blue]	cttcttttgcgggTCATATGAcatcgggatctt	5'	>-119
	Aedes_aegypti	Aaeg\Atp6v0b AAEL012113	54 · 77 · 15 · 627 · 55+62+179	tctctctgtgtgggTCATATGAcatcaaaggatc	5'	-16
	Culex_pipiens_qui.	Cqui\Atp6v0b CPIJ004794	[blue] · 627 · 59+67+441	cagtgaggagggTCATATGAtacacgggggat	5'	>-155
Diptera (Cecidomyiidae)	*Mayetiola_destructor*	Mdes\Atp6v0b	[blue] · 624 · [blue]	tgcgcaatctcgTCACATGAttttcatatcat / attttgctgctgTCACATGAaataacatcaga	5' 5'	>-241 >-211
Lepidoptera	*Bombyx_mori*	Bmor\Atp6v0b	[blue] · 132 · 618 · [blue]	gacatcttgtgaTCACAAGAcctctccgtttt	5'UTR	12
	Manduca_sexta	Msex\Atp6v0b	[blue] · 618 · [blue]	gacatcttgtgaTCACAAGAcctctccgtttt	5'	>-110
	Danaus_plexippus	Dple\Atp6v0b	[blue] · 618 · [blue]	gacgtcttgtgaTCACAAGActtctcggtttt	5'	>-107
	Heliconius_melpomene	Hmel\Atp6v0b	[blue] · 618 · [blue]	gacatcttgtgaTCACAAGActtctccgtttt	5'	>-109
	Plutella_xylostella	Pxyl\Atp6v0b	[blue] · 93 · 618 · 31	gacatcttgtgaTCACAAGActtcttcgtcta	5'	>-14
Strepsiptera	*Mengenilla_moldrzyki*	Mmol\Atp6v0b	[blue] · 61 · 49 · 49 · 1722 · 84 · 50 · 148 · 52 · 243 · ND · [blue]	ND		
Coleoptera	*Tribolium_castaneum*	Tcas\Atp6v0b TC000524	138 · 54 · 11 · 630 · [blue]	gcaaggttgtacTCACGTGAgtccaattatta	5'UTR	26
	Dendroctonus_ponderosae	Dponl\Atp6v0b	[blue] · 91 · 61 · 85 · 49 · 79 · 84 · 671 · 148 · 204 · 246 · 139 · 33 · 50	ttttgacatttaTCATGTGAttattgtcatca / cgtgatcaacagTCATATGAttccatttattt	5'UTR intron1	-5 233
Hymenoptera	*Apis_mellifera*	Amel\Atp6vob GB17836	[blue] · 181 · 61 · 151 · 49 · 79 · 84 · 66 · 397 · 64 · 33 · 65	taagagtaaacgTCACATGAtaaaagcgggtg	5'UTR	7
	Apis_florea	Aflo\Atp6v0b	[blue] · 61 · 151 · 49 · 83 · 84 · 62 · 397 · 63 · 33 · [blue]	taagagtaaacgTCACATGAtaaaagcgggtg	5'UTR?	>-170
	Bombus_terrestris	Bter\Atp6v0b LOC100646695	[blue] · 61 · 200 · 49 · 109 · 84 · 81 · 394 · 64 · 33 · [blue]	gaatactaaacgTCACATGAtaaaaacgggtg	5'	>-173
	Bombus_impatiens	Bimp\Atp6v0b	[blue] · 61 · 201 · 49 · 117 · 84 · 97 · 394 · 64 · 33 · [blue]	gaatactaaacgTCACATGAtaaaaacgggtg	5'	>-173
	Megachile_rotundata	Mrot\Atp6v0b	[blue] · 61 · 167 · 49 · 94 · 84 · 75 · 397 · 82 · 33 · [blue]	gattgctagacgTCACATGAtagagacgggtg	5'	>-168
	Acromyrmex_echinatior	Aech\Atp6v0b	[blue] · 61 · 292 · 49 · 95 · 84 · 212 · 400 · 103 · 36 · [blue]	tacgagcagtcgTCACATGAcagcgacgggtg	5'	>-182
	Atta_cephalotes	Acep\Atp6v0b	[blue] · 61 · 246 · 49 · 95 · 84 · 220 · 400 · 100 · 36 · [blue]	gtgacatgacagTCATATGAttttagaagagg	5'	>-181
	Solenopsis_invicta	Sinv\Atp6v0b	[blue] · 132 · 73 · 192 · 49 · 89 · 84 · 65 · 400 · 151 · 36 · [blue]	ccgaagtggtcgTCATATGAccacacatgacg	5'	-47
	Pogonomyrmex_barbatus	Pbar\Atp6v0b	[blue] · 61 · 267 · 49 · 93 · 84 · 80 · 400 · 130 · 33 · [blue]	ctcgagcagtcgTCACATGAcagcgacgggtg	5'	>-152
	Camponotus_floridanus	Cflo\Atp6v0b	[blue] · 61 · 216 · 49 · 101 · 84 · 79 · 400 · 676 · 33 · [blue]	agccagcagtcgTCACATGAcggcgacgggtg	5'	>-159
	Linepithema_humile	Lhum\Atp6v0b	[blue] · 61 · 173 · 49 · 100 · 84 · 77 · 400 · 322 · 33 · [blue]	cgccatcagtcgTCACATGAtatcgacgggtg	5'	>-163
	Harpegnathos_saltator	Hsal\Atp6v0b	[blue] · 61 · 163 · 49 · 90 · 84 · 74 · 403 · 89 · 30 · [blue]	agaccttggttgTCACATGAtaacgacgggtg	5'	>-167
	Nasonia_vitripennis	Nvit\Atp6v0b NV12316	[blue] · 118 · 67 · 99 · 49 · 117 · 84 · 84 · 400 · 82 · 36 · 661	cagagatggtcgTCACATGAcagcgacgggtg	5'	-52
	Nasonia_giraulti	Ngir\Atp6v0b	[blue] · 67 · 99 · 49 · 115 · 84 · 84 · 400 · 82 · 36 · [blue]	cagagatggtcgTCACATGAcagcgacgggtg	5'	>-170
	Nasonia_longicornis	Nlon\Atp6v0b	[blue] · 67 · 99 · 49 · 115 · 84 · 84 · 400 · 82 · 36 · [blue]	cagagatggtcgTCACATGAcagcgacgggtg	5'	>-172

Taxon	Species	Gene	Exon/intron structure	Promoter sequence		
Hemiptera	*Acyrthosiphon_pisum*	Apis\Atp6v0b ACYPI006833	113 / 627 / 693	ND		
	Rhodnius_prolixus	Rpro\Atp6v0b	633	ND		
Phthiraptera	*Pediculus_humanus*	Phum\Atp6v0b	211 / 114 / 410	ggttgctcgaagTCATATGActtctgcttaaa	5'	>-78
Odonata	*Ladona_fulva*	Lful\Atp6v0b	61 / 995 / 49 / 87 / 84 / 1022 / 148 / 249 / 133? / 1182 / 116 / 101 / 30?	aataagctctcaTCAGCTGAaatgttctatga caagtcttaaagTCACATGAttatttagagca	5' 5'	>-394 >-72
Crustacea	*Daphnia_pulex*	Dpul\Atp6v0b	73 / 73 / 86 / 49 / 63 / 84 / 72 / 148(78+70) / 64 / 130 / 64 / 116 / 68 / 30 / 220	gtgagaccaaaaTCACATGAcagatcccttcc	5'	-33
Ixodida	*Ixodes_scapularis*	Isca\Atp6v0b ISCW018464*	70 / 67 / 134 / 49 / ND / 84 / 2804 / 203(78+70+55) / 113 / 191 (79+46+66) / 1876 / 39 / 302	gggtgtgacttgTCATGGGAcctcatctgtct	5'	26
	Homo_sapiens	ATP6V0B	111 / 67 / 692 / 49 / 241 / 84 / 128 / 78 / 210 / 70 / 113 / 52 / 201 / 191 (79+46+66) / 764 / 27 / 293	ggTCACGTGGtaccggcgcaTCACGTGGgc		
Cnidaria	*Nematostella_vectensis*	_v1g200737	87 / 79 / 268 / 49 / 110 / 84 / 881 / 78 / 7205 / 70 / 329 / 58 / 244 / 79 / 2104 / 46 / 169 / 66 / 73 / 30	taagcacaagtgTCACATGAgcaagggagaaa	5'UTR	1
Placozoa	*Trichoplax_adhaerens*	Tadh\Atp6v0b	70 / 229 / 49 / 879 / 84 / 412 / 78 / 112 / 70 / 87 / 52 / 109 / 79 / 111 / 46 / 74 / 66 / ND / ND	acgctgtcatcgTCACATGAttgtactctgct gaagcgtttctaTCATGTGActctcacatttt	5' 5'	>-759 >-404