

Assembly: GCA_035043205.1_ASM3504320v1_genomic

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.84

Dro_tric2 | JAWNNE010000072.1:792891-793169 (-) | 279 nt | lncRNA: noe consensus e-value: NA

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.99

	Dro_tric1	Dro_tric2
Dro_tric1	-	17
Dro_tric2		-

```

Dro_tric1  -----aaactttctccaadatttcattccatcgcacTGAATTCCCAAAATGCAATTGcgaacattgcaacataacccatcacatctcttctt
Dro_tric2  -----tggcctttcagcaatcacattttaccgaagcgtTATAATTCCCAACTGCTATTGcgaagatggtataataatgacattacagagttgtta
Arthropod_7SK -----tttcgtaaacatgatttagttctgctctctctTAAATTCCTCAAGTGCATTGctggagcagttctgtaataaagcagcactacagagttgtta
Arthropod_7SK -----tttcgtatgataatgataatgataatgataatTAAATTCCTCAACAGCTATTGcggagcagcgtgtataataagccgacgactgtaattgctgctt
RNa5_MRP    -----tttataagattatgataagtaattgtTAAATTCCTCAACAGCTATTGcggagcagcgtgtataataagccgacgactgtaattgctgctt
U6          -----tgacagaanaactgaattttccagcaaacattcgctTGAATTCCCAAGTGCCTTGTctgcgcgacacatttaataagcaattttcacagactttctt
U6          -----acaaacgcctctcttcataatttttttcccatctctTGAATTCCTCAACAGCTATTAAgctctctccacatttataacttaattctccactctt
U6          -----acagatgctgcctctctgcttttctccctgctctTGAATTCCTCAACAAATTATTGgctctgctcatttatatacttaattttttctacacattc
U6atac      -----tttgtgtatttggtacacattcaccatttttactTATAATTCCTCAACTCTTTTTGcagacattatgataataaagtacgaagccacaacagttt
U6atac      -----tttgtttttttctcattcaccatttttactTATAATTCCTCAACTCTTTTTGcagacattatgataataaagtacgaagccacaacagttt
U6atac      -----gttcaataatgagctgctgctgctgctgctTATAATTCCTCAACTGCTTTTTGcagacattatgataataaagtacgaagccacaacagttt
snorNAME18SA1806 -----gactcgaataacaaatttttttttttccacactctTATAATTCCTCAACTGCTTTTTGccacacgctgtataaataaggagatgaattgtatcaca
U1          -----ttgctctctatacaaatagtttctctctctccatctTACAATCTCAAAATGCTGTAGcagacacgataatgaattcccaattctgaacttaadcaaac
U1          -----tagcctgctgcaaaactgctctctctgctctctactTGAATTCCTCAATGGTGTGccgaagcaggatagattctccattccagacagcaaaagc
U1          -----agacatacttttgcagcattttacattatctacagatTGTGATTCCTCAAGTGGTGTGcagacgcggcactgagatccagctccggagcgaagaaagc
U1          -----tccctacttccacacacacacacacacacacacacTGTGATTCCTCAAGTGGTGTAAcacttttataatgatacactccccacccadcaaaac
U1          -----tccctacacccaagcgcctgctgttttaagattcacaTATAATTCCTCAACGCTTTTGAacacattacgactgaacccaggatgaactgacataac
U1          -----ccagctctgacagctgctgttttgcagcagctctTATAATTCCTCAACAGCTTTTGAacacattacgactgaacccaggatgaactgacataac
U2          -----ttgccaccctaaaagatttttataccacacacacacTGAATTCCTCAACTGCTTTTGAacattgacacacacacacacacacacacacacacac
U2          -----acacctacacatttttggtcattctctgctctctTACAATTCACAACTGGCTTTAAcctcttagctggtgagtttagcctttctgctctgaatt
U2          -----gtagccaatggtaaaaatatacacaaccccaactgtTATAATTCACAACTGGTGTAAcctcttagctggtgagtttagccttttctgctgaatt
U2          -----ttgccaccctaaaagatttttataacccacacacacTAGAATTGCGAACTGCTTTTAAcctcttagctggtgagtttagccttttctgctgaatt
U2          -----ttgccaccctaaaagatttttataacccacacacacTAGAATTGCGAACTGCTTTTAAcctcttagctggtgagtttagccttttctgctgaatt
U4          -----aaacacatgtttgtttcttccagcttagctgcgTAAATTCCTCAATGG6TCTTctgtgtgaggacagatgatactgtctgtggcattgtagaatt
U4          -----tacaadtaacgttaaatgttccattccattccacTAAATTCCTCAACTGGTGGcagcctggccatcgaactgctcaattcagctcttcttctt
U4          -----tatgcaacgttgagacgtgacacacacacacacacTGAATTCCTCAACTGGTGGcagcctggccatcgaactgctcaattcagctcttcttctt
U4          -----gcaacccctgtgtatacattaaaagaattcaacAAATTCCTCAATTAATTTAGGacagcgtacatgatactctggcgaattctgtatgaacgaagtac
U4atac      -----ggcaatadttttccatctatttccacacatttttccTAGAATTCAACAACGGTCTTgcaacacgtcctcatttccgcacattcccaacatct
U5          -----tgcatactttttccacttttttccgcagcaactctgcgcTATAATTCCTCAACG6TCAAGcagcagctgtgtgtacagtttgaattgtggatttag
U5          -----tgcatactttgggcctcttaattgattttttttcttTATAATTCACAATGTGTTAAgacgtgtgtgagttgactgagttgtgtgtgtattac
U5          -----tgcatacttaaacctctctaatgattttttttcttctTATAATTCGAAG6TGTAAgacgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgt
U5          -----tgcatactttaggcctcttaattgattttttttcttTATAATTCGCAATG66TATAgattgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgt
U5          -----taatttaatacgaatgagcaagaacgctctttctctTATAATTCGCAATG66TATAgattgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgt
U5          -----gcaacatttaggataagctctcaataatgataatTATAATTCGCAATG66TATAgattgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgt
U11         -----ccagatgattcaagcaaacgtttctctcttcccatAACAACTCAACACTG66TAAAGcagacgctgccaattgccaattttgtttgtctgcaatt
U11         -----ctctgctgtgaattttgattcctgtgcaacacactTGAATTCACAAGTGGTGTGcagcgcacacatgattgtggcgaattcaacatggccaatt
ORC01       -----cgctgctgttacaacacattcagacattgcgatcctTGAATTCACAACAGCTGTGAcacgtcacaatacaaattagcggaactcagtcagattg

```

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.