

Drosophila acutilabella

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Ephydroidea > Drosophilidae > Drosophila > Drosophila subgenus Drosophila > cardini group > cardini subgroup

Assembly: GCA_035046005.1_ASM3504600v1_genomic

Dro_acu1 | JAWNOK010000013.1:16652831-16653983 (+) | 1153 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 8e-185

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 5nt PSE: 0.94

GGGGCGGTCGTGATTGCGAGTAACGACGGTTGGACACATCCCGTTAACCCAAATCTGAATTTGTGTCGTTGGATGGCAGAGCAGTAATAGTTACGCAAAACAACTTTGGTCAAAACTCCTCTGAAGCAAAAAAGCTAAATCGAATAA
AACAAAAAGCGAAACGCTTAATCCAGAGAGCAATATATGTATATATATATATAGGGABTTATGTATATATATATATATGCATATATACAAAAACATATAAAAAACAAACAAAAAGTCAAAACAGAAATTCAGAAACGCAAAAGATAAA
ATACAAACGACAAAAACAAATCTATACAGACCAAGATATATCAATGCAAAACAAAAATCTTAAAGATATACATAAAAAAATACACCAAAAAACCAACAACTTAAATGTGACTTAGTAGGTAATGATCATCTCGTGTATCG
TGTGTTTATCAGGACAAAAATGACAAACAAAAAAGCAAAAAATCTACTCAGAAAAAGCATCAAAAAAATATTAAACCTTCAAAATGCAATTGGTGTTGTTCCCGTTTCGTATATCGTGGCGCCACATGTCGGTGTGCGAC
TCAAAGGGCGGTTTGGACTCTGCGCGGGGTTCTTCTTTGAATCTTCTGGACACCAATCAACGGAACCCACAACTGCTCCAGAAATCACAACAAACAAACAGCAACATTTGAGGTGCTGCAGACGATGTCACTGTCTGAGGTCTGACGT
AGCATTTCACTTAAGTTGTGGTGTACACTTGGATATCGTGGATTAGCTGATGAGACCCGGTACAGACGAAATATTAACAAAGATATGTGACCCAGCTCTGTTACAGGAACAGATTGCTGGCACGGCGCTCCACTAAAAATAACCA
TAGAGACGTTTAAAGCAAAATCTAAATGAAACAAAAAGTATAAACCAAAAGAAAAAATCAATTGTAATGAGAAAAACAAACGATTCAAAAAATAGCAATATGAGCAACATACTTAATAATGGCAAAAAAGCAAAAAATGCAACCAAAAAA
ATATAACTGCAAAATACGACACACACCTTCGAAAAAGCCTCAGTATAATACACATAAGCTGGGTGCTGCAAGAGGAATGCTTCGTGTATCGCCCCTTTTT

```
Dro_acu1      -----cgaanctccacdaotcacttttctttttdttTATAATCTCAAGTGTCTGTTcdaatfootcadcataaafacodtttdatttttooodafacattt-----
Arthropod_7SK  ---lgttggcacttgggtatttcatagtctgcgcgtTAAATTCCCAAGTGTCTGTTcggcaatgcgcagataaafacacgaacggttcagcataaatt-----
RNase_MRP      -----gtatagccatttttttttaccgctTATAATCCCAACTAATAATTCCgaattgcagtcaccataaatagcagccacaacgatatgccagccggttt-----
U6            -----attctcactacctdaaacacatccctctctTGAATTCCTCAAGTTGTAAATTcccactaotodcatataaataacaaatttccactcttaattttc-----
U6            -----cacagatcgcccttttatttttcacggacttaattTAAATTCCTCAAGTAACATTTggtagaatttctctttaaataccgaatttttagactactttc-----
U6            -----cagcactctcactgtgaagtcagtcgacttgcctTGAATTCCTCAAGTGTCTATTGccttgaattcagtttaatacaacatttttgagtacagatttc-----
U6            -----aaccaatadafodctttdaatttccaaattttctTATAATTCCTCAAGTTGTATTCTccctcacttctttaaatacccttaattttooatdaaacctc-----
U6atac        ---TcacccgcagatgattttgacagcccgctctTATAATTCCTCAAGTGGTGTGTTgcagtcgcttcataataaataagcccttagctacagaaatgggtt-----
tRNAsec       ---TgtgtcttgataagagatgttgtaattatgcgctTGAATTCCTCAAGTAGCTATTGcgaactgcgcattttaaataaacttattgacglatggagat-----
snoRNAME18SA1806 ---ttctccattccdaatatttttcaatdaatattctTATAATTCCTCAAGTGTATTCTcctaacaaccccaatataaataaccatcaotacaadaattactga-----
U1            ---ataccttttagcgtcaatttttttggacacatccctactAAGAATTCCCAAGTTGTTCTAGcacacagactatggaaaccccggttcttgagctaaaggagagc-----
U1            ---gtctatctgaagcgactaaaatttaaggattacattTGAATTCCTCAAGTTGTTCTAGcacatagactatggaaaccccggttcttgagctgaaggaaagc-----
U1            ---actctottttctotccaattttttctctctctctTGAATTCCTCAAGTTGTTATGcacatgttaaaaaotctctctctccagacttaaaaaadcc-----
U1            ---cctacttctctctctctctctctctctctctctTGAATTCCTCAAGTGGTGTGTTgcagtcgcttcataataaataagcccttagctacagaaatgggtt-----
U1            ---tagtctactttctgcactgttgcctgtatactgcctTGAATTCCTCAAGTAGCTTCTAGcacatacaacttggaaaccccatgtagctgaaggaaagc-----
U1            ---catactcacaododcttttacttttactottaotcatTAAATTCCTCAATCTGTTTAACTctttdtadctotaacccaatttotaacccdaotfcaac-----
U2            ---cttaaatagacaatgcatacagaacatttaattctTATAATTCCTCAAGTGGTTATAAacctcataatatagaataaacaacctttgacactattccagtt-----
U2            ---cttaaatagacaatgcacaacagacatttaattctTATAATTCCTCAAGTGGTTATAAacctcataatatagaataaacaacctttgacactattccagtt-----
U2            ---cgaataataaaaacttccaaatttcatgttaacatodctTATAATTCCTCAAGTGTCTAGcaatgttcaatgaaatctcataaatttccatccaaatgt-----
U2            ---caaaacgaatttcagtaagtttttagcttgcacaaaATCAATTCCTCAAGTGGTGTGTTgcagtaagtagtaaggcaacttttccgtttcttagt-----
U2            ---aaccttagtcagactatttttatacatatttgcctTGAATTCCTCAAGTGGTTATGtcatccacacaagagatgaagaaactttgacctacttacaatt-----
U2            ---cttaaatadacaatgcacaacacattacattctctTATAATTCCTCAAGTGGTTATAAacctcataatatagaataaacaacctttgacactattccagtt-----
U2            ---gctttttacactatataatttttttagccgacatgctTAGAATTCCTCAAGGTTCTGactccagacgaatggagtcagttgtgtaaccattttatggtt-----
U2            ---accaccccttaggtagatagaatgtgacatttttactTATAATTCCTCAAGTGGTTATACaccacataatatagaataaacaacctttgacactattccagtt-----
U3            ---cccctctctctctctctctctctctctctctTGAATTCCTCAAGTGTCTGTTGtttctctotadtaoagadagatctoototcttotaaaaaatt-----
U3            ---tacttttcgttgcctacatgttttttttgccttgcctTGAATTCCTCAAGTGGTGTGTTgcttcttagtagaagagatctcgtatgcctttaaagtt-----
U4            ---gttttaactgcttgaattttttacatgtagcagctTGAATTCCTCAAGTGGTGTGTTAGctagcctgcctagagatcctgttatttttcaattgtgaagtt-----
U4            ---ctaaaaatattttacatttttttacaagaatttctTATAATTCCTCAAGTGGTGTGTTAGccttaacaaatdaaatododctcdaatttccagttcaatt-----
U4            ---acattctacagctgcacaaaataattttctgcctcacAAATTCCTCAAGCCGTTTAAgtcaggcagcgtataaatttttgcattttctttgacccaattcac-----
U4atac        catagagataggcacaactgtctttttttcacattttacgtTACAATTCCTCAAGTGGTGTGTTAGcttgaactgattaaaggtgtgtcttcaacctacagtcg-----
U5            ---tctatacttttacaatcaccacactcttctactgaacotTATAATTCCTCAAGTGTGTTAGcctatctatgaattdaaacttctcatttataatataaaa-----
U5            ---tgcaacacacatagaagcctatttttagcagcgtcgtTGAATTCCTCAAGCAGTTCTGcagcagcagcgtataaattctgttgaagttgtttaaag-----
U5            ---gacctatttagacgatalttccacttcaattgtttccTGAATTCCTCAAGTGTGTTAGcaggaattccaggaatccatttccgtttcagatagttct-----
U5            ---ggttgacacttctcaggcgttcttctacttaacctTGTGAATTCCTCAAGTAGTTTATagatttccaggttaacctctgtgtctttaaagttgttctg-----
U5            ---gcctacttttadodcctctccctacttcaattctctcattTGAATTCCTCAAGCAGTTCTGcgttatttccaotaaactccatttctcttcttotaattt-----
U5            ---gctactttttggcgtatttctcacttcaattgttttctTGAATTCCTCAAGCAGTTCTGcgttatttccaotaaactccatttctcttcttotaattt-----
U7            ---ctgacgcaattttttgcacatttgcctTGAATTCCTCAAGCAGTTTATGcagcagcgaatgaacctctcctcggcagttttttaacttaatttg-----
U11           ---agcacttcaatgaagttttttccatttaccactTGAATTCCTCAAGTGGTGTGTTAGcactdaacacacgaactctcctcacttcttaagacttttt-----
U12           ---ctgcgtttgtttgagaattttttagctttctctaccTGAATTCCTCAAGCAGTTTATGcagcagcgaactctcctcgttttggctgcgttgaacttct-----
OrCD1        ---tcgcactgtttgttactgctatgctgttgaagccccAATAATTCCTCAAGCAGTTCTAGcgtgtttaaagtagccaagacgtataaatgccgcaaacatcg-----
```

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.