

Drosophila pruinosa

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Ephydroidea > Drosophilidae > Drosophila > Drosophila subgenus Drosophila

Assembly: GCA_018150935.1_ASM1815093v1_genomic

Dro_pru1 | JAECWR010000199.1:7709054-7710079 (+) | 1026 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 3e-185

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.92

GGGGGCGGTCGTGCAATTCGACGCAACGACGGTGGACACATCCCCTTACCCAAATCGAAATTTGTGTCGGTTGGATGGCAGAGCAGAAATTACACAAAACCTTGGGCCAAACTCTGAAGCAAAAAGCAGAAACAAAAGCAAAAGCAAAAGCAAAAGCGCAAAATGCAAAATGCAAGAAATATAGACACAAGACAAAACATAAACATATACATATAAATAACAAACAAAAAAATGCAACAAAAGCTAAACAAAGATTACGAAACGCAAAAGATAAAATGACAAATGACGA
AAATGAAAAAATCTATCAGACCAAAAAATATACAAATGCAACAAAAAACATATAAACACATAAAAATACACAAAAAACGACTAATTTAAATGTACATTAGTAGGTAAATGATCATCATCTGTATATCAGGACAAAGCAAAAACTCTGAA
AAAAAATCTCCAAAAAATATTAAGAACTTCAAAATGCAATTTGGTGTGTGTGTCGGCTTGTGAAATCTGTGGCAGCAGCAATGTGTCGGCCCAAGGGCCGCTGGGAAGAGAGCTGGGGCTCTTTGGGCTCTCTGTGGCAACGGA
CCACCAACCAACCAATCAACCAACCAACATACAGACACACAAACATCAATTCAGTTGCAATTTGCAATTTGCAACAAACCAACCAATAGGATGATGGATGGAGGGGATGTGTACCATATGTCCAGCCCGCTTCAGGGACTCAG
TCAGCTGGTACGGCAGCTCCACTAAACAAACCCATAGACAGCTTTATGGCAATTTCAATTAACAAAGATATAACCAAAAATCAAAATTTAAACGAGAAAAACAAACAAATTCAAATGAAAAAATGAGCAATATGACCAACATCTTAAT
AATGGCAAAAAGCAAAAATGAAAAATGCAAAATACBACACACACCTTCGAAAAACCTTCAGTATAATACACATATAATGCTGGGTGCTGCTAAGGAAATGCCCTGGCTGTATCGCCCTTTTTTT

```
Dro_pru1      -----gaaagctgaacgattcagctgcacttggccgtttTGAATTCCTCAAGTTCGAGTTCggcgaagtgcgataaaatccggataccgccaggacacatt-----
Arthropod_7SK -----gtcgggttcacccgtttcactttcccttccctTATAATCCCAAAGTGGTAGTTCcaactttccctataaaatccaccatccaaccccccatt-----
RNase_MRP    -----cactactcagctgccaaactgttgcctTATAATTCCTCAAGTGTGTATTCggcccatgcccacatataaatctgctactgataatttggcaggccgttt-----
U6           -----acgacagaggccgcctaagcttaaatagtctactTATGATTCCTCAAGTTCCTCAATCTgttagactctcttttatatacacaatttaagcgttaactt-----
U6           -----taatacgcctatctacgttttttaataatgcaatGTAAATTCCTCAAGTGTGTCTcttggcctttttatttatatacacaatttaataaacctacattc-----
U6           -----cctaccctggacatttgcacacatttgcactctctTGAATTCCTCAAGTGTGTAATTTgcccagatgcgaatataaaatagcccgctactttatagttttc-----
U6atac       -----actgggggtcaaatattttcattattgtgcccTGAATTCCTCAAGTGTGTATTCaccacggatgatatttaaaagacgaccgtgctatcccaattgggt-----
tRNAsec      -----aatggttttcaataaagttttttaaaatcggaatTATAATTCCTCAAGTACTTATTTagcaattctgtttttataaataagttacattccaacaagtc-----
snoRNAme18SA1806 -----aatatttatctcatttttttctatcttccctTATAATTCCTCAAGTGTGTATTCcaaacatctccctataaaatatttcttacttgaacttttga-----
U1           -----tcccctatcttaaggctctcttttttctacgtcacgaattTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U1           -----gcactgtgtagcaatgatttttgaacatttggcgaatGTAAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U1           -----tttgtattatgtttcaatttttccatttccctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U1           -----tttgtgtgttttcaaaaatttctacttttgcctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U1           -----accgcctactttttaggggtgtctccagttgatgtctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U2           -----tcccatatcccaaaaaatttttccactcttaaatAGTAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U2           -----ccaatatgtacatcagttattttaacaagtgttgcTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U2           -----gtaggcctttgacattatgaccgagttattttaaacattttctTATAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U2           -----taccatattccaataaatttttcttccccaatAGTAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U2           -----ttatcacacacttttataattttcgtaaaatgtttTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U3           -----agacgtacataaccctgatttactttttatgtttTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U3           -----aatctcttccctctcttttttttcccttttccctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U3           -----aatctgctgtcgtcttttttttcccttttccctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U4           -----ctgaaaagtatgctacattgtgcatatgttgcctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U4           -----caacacaacatttcccaattttacatccctccctTACAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U4           -----ttgggctcttgcacactcttcaaaagtcttccacaATAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U4atac       -----ttagatcgccgagtttgagtttttgcacatttttccctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U5           -----tttccctactttcccaattttttaaactctatattTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U5           -----tagcctagtttaggttgcaactcttacccttacccttgcctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U5           -----tagcctaattttaggttgcaactcttacccttacccttgcctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U5           -----taacctaattttaggttgcaactcttacccttacccttgcctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U5           -----ccatcattttgcatcatttatattgcacatttcccttgcctTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U5           -----aaagcctacttttagggcttaataacagctctgctttTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U7           -----tctctccctcttttttccacattttccactTGAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U11          -----tctcagatttgacaatttttcaagaatttgcctTATAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
U12          -----gtgaagcagttgagaaattttttagcgtctgctaccctAAAAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
OrCD1       -----agtctgtttttaactcacaacttagagtgctgcccATAATTCCTCAAGTGGTTCAGcaccacagatattggagaccccccctgtgtgacagaggaaagc-----
```

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.