

Zygothrica quintamaculata

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Ephydroidea > Drosophilidae > Zygothrica

Assembly: GCA_037044455.1_ASM3704445v1_genomic

Zyg_qui1 | JBAMBS010001096.1:3345-3892 (-) | 548 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 1.2e+00

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 4nt Trailing-T: 5nt PSE: 0.99

666CGGTGAGCGTCTCACAGCTGAAAGGGTGGACACATCCCCAACATAATGTGGTGACAGATGGAAAAATGACAAAAATGTTATGTATATATAAAAAAGATGCTTTATTCATATTTATATGGTAAAGAAATGTAACAAATCAGAAATACACGCTAACTAAGAAATTTGCAAAAATGGTCGGAAAAACGAAAAACAAAAAGAAAAATGTGGATTCAAAAATGGTTAAAAATCAACCGACAAACGCAACAAAAATATCGTTAAGAAATAAAAATGATGAAGAGATAAGATAAGGTATAAAAATAGCAGGAGGGATTGTATCACCGCAACTGAAAGCTTCCTTTGCAATTTTATATCTTCAAAAATATGATGATACCGAGAGAAAACTCTAAAAATCAACAAATGAACAAAGCTTTAAACCAAGCTAAACCAATGTGTAAAAATTGACAAATTGATTCGCAAAAAAACCCCAAAAAACAACATTAGCTGTGTGAGACGGTGGCCGGGAGAACTCTCCTAACCTCCCGGGTTGATCGCCCCTTTT

Zyg_qui1	-----aatgccactcagcctacttacttttcgaacacaaTATAATCCCAACCTGATATTTAGccactgggtttccttatatactgcaaaactagcatcaaacctc-----
Arthropod_7SK	-----caaccccgaatattcacatcacattcttgaacattTATAATTCCAACACGATATTTCTcacttaagtaafatataataaagcaatagttacacatttctt-----
RNase_MRP	-----gtgtttgtgtgtatataattgttttgcTGAATTCCTCAACCTTATTTTCtttagaggaacatataaagtagcgggtgttgattacaaattacgcccgat
U6	-----aacacagattgdcgctcgcgttaaagttaatactattGTAATTCCTCAACCTTCTATTCTcttgccgtgacattatataagctgaattttgtctaacactc-----
U6	-----ccccaaatccatattctcttcaaaatattctTATAATTCCTCAACCTTATTTTccagactccaatatataacatcttaccgcataaaactc-----
U6	-----tactttaagggttgcaagcgtttatttgcgtgtTATAATTCCTCAACCTTATTTTactagactgcaataaaataaggtttttaagtcagaagacctc-----
U6atac	-----acagtttgtacacgctcgttttcgaagcaactcTATAATTCCTCAACCTGCTTTTTCgttagcgtgttcataataaacactgcaataagcctgaacatttt-----
tRNAsec	-----gaataaaatgaatttgcataaaattttctTATAATTCCTCAACCTGCTTTTTCccatgttgaataataataaaacattcacaacatcagaacacg-----
snoRNAme18SA1806	-----tcatacgatctcttttttgatataaaatagttTATAATTCCTCAACCTGCTTTTctcctaaagtgaataataaaacagccagtcgacaaattgcctg-----
U1	-----ttgctgtacaaaaaattttgtctatacaagctTGAATTCCTCAAAAGGTTTTAAcagagcttgtagatatgagttgtttgagagcagagaaaagc-----
U1	-----atgtgataattttgtgttactgttttttccctttTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcggtatatagaattgctaactatgagctgagaaaagc-----
U1	-----atataaaaaatttccatactttacaactcacatcctctGTAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcattaaatgaataactaacttttgcctgaataaaac-----
U1	-----gtaaaaattattattgcatacttttagtgatcttctctTATAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcggtatatagaattgctaactgtgagctgagaaaagc-----
U1	-----gcaaaattcacattgattgaggtttacataagaattgctGTAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcggtatatagaattgctaactgtgagctgagaaaagc-----
U2	-----accgatccgctctctotataaatcatctatacgaattGTAATTCCTCAACCTGTTTAAgctttccacatagcgaataaatttttccaattataaatt-----
U2	-----taggtagttgaattcaccataaagtgacctttaccTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcggttagagtaacatttaataatgtttgaaaaagtt-----
U2	-----tattggaatgaagttttacaacactacaattcaccttTGAATTCCTCAACCTGTTTAAcgaatggctcaggtggttaggttattttgagtaaaaagtt-----
U2	-----ctttccctctccctctccctctccctctccctctGTAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcctccacataaataatttttatotttaataaatt-----
U2	-----tagtagttgagctcaccataaagtaacctttaccTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcattttggttagagtaacatgtaacaaattgtttgagaagtt-----
U2	-----gaactgaatcttttcaagggatttgaccttgacctTATAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcctctgtagaagtagaatttatgttagtgagtt-----
U2	-----tttgcctttccctctccctctccctctccctctTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcctccacataaataatttttatotttaataaatt-----
U2	-----ttgtctttgctctgctgtgtgctgttgcctttaccTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcggttagagtaacatgtaataatgttttagagaagtt-----
U2	-----taggtagctgagttcaccataaagtgacctttaccTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcggttagagtaacatgtaataatgttttagagaagtt-----
U3	-----acccttgccttgccttgccttgccttgccttgcctTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcggttagagtaacatgtaataatgttttagagaagtt-----
U3	-----acccttgccttgccttgccttgccttgccttgcctTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcggttagagtaacatgtaataatgttttagagaagtt-----
U3	-----cagaagacttctaccataaagtagctttaaatttttatgattgctTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcggttagagtaacatgtaataatgttttagagaagtt-----
U4	-----atccctttatccctctcaaaactatccactctataTATAATTCCTCAACCTGTTTAAgcaattgccttatatactactactcttttcaaattttaatt-----
U4	-----tgaaaaagattgagtaattttctatagctgtatgctTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcggttagagtaacatgtaataatgttttagagaagtt-----
U4	-----facctgtgtgcgtgtaaaaaactatgttctctcacattTATAATTCCTCAACCTGTTTAAgcaattgccttatatactactactcttttccagatgttaagtt-----
U4	-----tttaatttttaatttttaaaactttttctctacAGTAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcacattttaaataacctctataaaataaacttgcctcacacac-----
U4atac	-----cgcttagcaatatgcacatttttttttttttttttttTCTAATTCCTCAACCTGTTTAAgcaataaaactgcacattacatttttgcctacgttctt-----
U5	-----cgtgacttatgcacacttaatatagctgctgcaacaaTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcgcaagtagtagtatacttttggtttgaaag-----
U5	-----accctgcatttttttacacataccttgaacataccctTATAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcgcaagtagtagtatacttttggtttgaaag-----
U5	-----accctgcatttttttacacataccttgaacataccctTATAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcgcaagtagtagtatacttttggtttgaaag-----
U5	-----catatttgctcttaaaaggtgtggttgccagccctaccctTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcgcaagtagtagtatacttttggtttgaaag-----
U5	-----acccttattttctttatadacatacttttaccctactcctTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcgcaagtagtagtatacttttggtttgaaag-----
U5	-----tgagggatgtcacactattgttgccttgccttgcctTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcgcaagtagtagtatacttttggtttgaaag-----
U7	-----aaaccctgcacacttttcgtgcttgccttgcctTGAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcgcaagtagtagtatacttttggtttgaaag-----
U11	-----agatatctcctcttccaaacaaatcaaaatataTATAATTCCTCAACCTGTTTAAgcaattgccttatatactactactcttttcaaattttaatt-----
OrCD1	-----gcctatttcgtatatttaacagtgacctgttagcatAGTAATTCCTCAACCTGTTATAGcatttcgcaagtagtagtatacttttggtttgaaag-----

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.