

**Taxonomic lineage:** Brachycera > Muscomorpha > Ephydroidea > Drosophilidae > Drosophila > Sophophora > melanogaster group > takahashii subgroup

**Assembly:** GCA\_037075205.1\_ASM3707520v1\_genomic

**Dro\_prost1 | JBAMCJ010007287.1:464348-465448 (-) | 1101 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 3e-195**

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.85

[illegible]

**Dro\_prost2 | JBAMCJ010000012.1:192455-192970 (-) | 516 nt | IncRNA: noe consensus e-value: 6.7e-04**

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 4nt PSE: 1.00

[illegible]

**Dro prost3 | JBAMCJ010001283.1:372693-372939 (-) | 247 nt | IncRNA: noe consensus e-value: 7.6e-05**

5' motif: GCGGT 3' motif: ACCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 4nt PSE: 0.90

GGCGGTGAGGCGCCTCACAGCTATCAAGGGTTGGTCACTTTCCCGACTAATTGTTGGACCAATTAACTTCAAAATTAAGCAAAATACAAAAAACCCTTACTTCAACCCCTCGTGGGT  
ACATATTGAAATCAAGTATCTTAAAGTGGATTAAATTAAGCTGTGAGGTGCGCTGGTCGGGGAGGATTCITCCCTCCITCCAGTTGACCGCTATTTT

**Dro prost4 | JBAMCJ010001283.1:378329-378554 (-) | 226 nt | IncRNA: noe consensus e-value: 9.2e-06**

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 4nt PSE: 0.90

GGCGGTCTGAGCCCTCACAGTTATCAAGGGTTGGCCACTTTCCC6ACTAATTGTGGCACCAGATAGATTGTAAATAAATCTCTAAGGATTATAATTGTAAATTTAAAGATCAATCAACTGAAGTGAAAAATTACTAACTTTCAAAAATCGA  
ATAACTAACTGTGAGGTGCCTCTGGACGGGAGGACGGTGGTGGAGCTTGTGGCCCCATTCCAAGTATTCGCTATTITTT

	Dro_prost1	Dro_prost2	Dro_prost3	Dro_prost4
Dro_prost1	-	33	16	12
Dro_prost2		-	36	34
Dro_prost3			-	60
Dro_prost4				-

Pairwise sequence identity matrix (%) showing similarity between lncRNA sequences.

Dro\_prost1 -----aaagctctcagttgcagatcccccagctcttgccgtTATAAATCCCAAGTGGAAATCGccgcgcagctcacttaaatgccgcatcgaagagacctctcc-----  
Dro\_prost2 -----tcgtatctatatttttctccggctcgggctctTATATAATCCCAAGTGGCAATTCgcttggttgactataaataagcccttcagcagcagacgtctcc-----  
Dro\_prost3 -----atgcattcattatcccccattccctctctctTATAAATCCCAAGTGGCAATTCgcttggttgactataaataagcccttcagcagcagacgtctcc-----  
Dro\_prost4 -----gcactttgcctgaacacacccgccttgctgtccTATAATCCCAAGTGGCAATTCgcaagtggtgctataaataagccttttctctataggacttcc-----  
Arthropod\_75K -----tcggttctctggctgctgctatgactgctctTGTAAATCCCAAGCGCTATTCCgaaagtgcggtgctataaatacgcacaacattgccagctactcc-----  
RNaase\_MRP -----tattctctccacatccacatccctccctTATAATCCCAACTCGTTTTCCcdaacdcacacatataaataaaccctctacgcagcattatggccgttt-----  
U6 -----caccgctagagctgcgtccnagctgcgtctgattttTATAATCCCAACTGTTTTTCTtttaattgtctgataataaggtttttttgcgtattacatc-----  
U6 -----ctcaccatttaattctcttaactctcactctttTATAAATCCCAAGTGGTTCGcgaacatctctatataatacaccattttcaaacataactc-----  
U6 -----nnatcttgaatctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGcgaacatctctatataatacaccattttcaaacataactc-----  
U6 -----ccccctcttaagctctctctacatctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGcgaacatctctatataatacaccattttcaaacataactc-----  
U6 -----gaaattattctatctctctccacccctccctTAAATTCCCAAGTGGTTCGcgaacatctctatataatacaccattttcaaacataactc-----  
U6atac -----tctctcattctctcaaacacacacacacacacTATAAATCCCAAGTGGTTCGcgaacatctctatataatacaccattttcaaacataactc-----  
tRNAsec -----tcaattatggcctctctattataactactTACAATCCCAAGTGGTTCGcgaacatctctatataatacaccattttcaaacataactc-----  
snoRNAme18SA1806 -----tcaattatggcctctctattataactactTACAATCCCAAGTGGTTCGcgaacatctctatataatacaccattttcaaacataactc-----  
U1 -----caatdaagctcaatttttctctctcaccacactcactTATAAATCCCAACTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U1 -----ccacacacacacacacacacacacacacacTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U1 -----ctactacactcactctcttttctttttttttttttTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U1 -----ctgataaagggtaaggttaatttaacccataactcactTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U1 -----ccacatgcataaagggtaaggttaatttaacccataactTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U1 -----atacttaagggtaaggttaatttaacccataactTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U1 -----catacttttaatttaaggtttttctctcacaacccctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U1 -----acttttgaaggttaaggttaatttaacccataactTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U1 -----acttttgaaggttaaggttaatttaacccataactTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U2 -----actataaaggttaaggttaatttaacccataactTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U2 -----aacacacacacacacacacacacacacacacTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U2 -----ttctdaacacacacacacacacacacacacacTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U2 -----atgcacatgaatttttttctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U2 -----tcaatctctctctctctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U2 -----atgcacatgaacacacacacacacacacacacTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U2 -----aacacacacacacacacacacacacacacacTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U2 -----aacacacacacacacacacacacacacacacTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U2 -----atgtttttaaatttttctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U3 -----acacattctctctctctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U3 -----acacattctctctctctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U3 -----acacattctctctctctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U4 -----aacatttccctctctctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U4 -----atgtttttaaatttttctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U4atac -----tatanatcactcaactctctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U5 -----gaaadacattctcaacaaatctcccccactctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U5 -----tccaccccccttttaacccaactcacaacacacccTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U5 -----ccacatctctctctctctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U5 -----atatacttttaaggttaaggttaatttaacccataactTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U5 -----cctctggttttgcacatccctcactcacaacacccctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U5 -----catttttttttgcacatccctcactcacaacacccTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U5 -----aaacacacacccctcttaattttctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U5 -----acaaaacataacacacacacacacacacacacTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U5 -----tctctctctctctctctctctctctctctctctTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
U11 -----cctcacaataacacacacacacacacacacacTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
ORC1 -----ttccctctcacaacactctataaacccgctctgtctTGAATTCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----  
ORC1 -----gtctcactcaacacacacacacacacacacacacTATAAATCCCAAGTGGTTCGAcgattctcactcaaggaacacctaattctaccacatttaagc-----

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.