Stegana nigrithorax

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

Assembly: GCA_037044495.1_ASM3704449v1_genomic

Ste_nig1 | JBAMBQ010004831.1:115438-116008 (+) | 571 nt | lncRNA:noe consensus e-value: 8.9e-08

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 5nt PSE: 0.96

```
GGCGGTCTGATGTCTCTGTCAGACGGTTGGCCACATCCCTCTCTAAATTGTGGCAACAAGACGGCTTTCCCCTCTTGAGGGGGTAGGCCACGCAAAAGCCACTCCAGCTCTTAAGTTGAGAGGGTGCAACAAACAACTCGAGGCCTTCTT
GAGGGTTCTTGGTTAAAACCGGAAAGTTTACTTCAATTTGGGGTACTTCCAATTTCCGCGCACAATTTGTGTTGCAGCAAAAACAAAACAAATACAAGAAAAGAATTAAAGAGAAAAAAAACTCAAAGAAAAAAATGAATTCAAAATGAA
AAAAACACAAACAAAAGAGAACAAAAGCAAACAAAAAATAATTTCAAATCAAAGGAAAGTCAGTCGATCGTTCTGCGATTTAGAAATAAGATAAGTATGTTAAGCTATAAAAATTAAGCAAAAAAAAAAACAACTCTAATGTTAAAAGAA
AAACGCTACTTGTGCTCTCTCTGTGTAAAACCGGTCGGCAACGACGAGAGAGAGAGAACAAGTGTGCGAACCAATATCCAAACACTGTGAAGAGACAACTGCACCAAGTGATCGCCTTTTT
```

```
Ste_nig1            -----ttgctttgagctttttttgcttgctgtattttattTATAATTCGCAAATGCCTTTTCagttacacatagtataaatacaaaaatgcttagccatacaatt----------
Arthropod_7SK       -----agtccgatgaccaattaatatttattcaaaattatTATAATTCACAAGTGCGTATTTaatataatgtaaatataaatacaaattcccaataaatatatttt----------
RNase_MRP           ----------------cttttggatttttctttaaatttTATAATTCTCAAGTATGTTTTCaacttgcgcgcatttaaataccgtagtagcaaaatggaattgagcgtttatatt
U6                  ----tctaagggtttgtttgccgttgaccatgatctttgtTATAATTCGCAATCGCTTTTTCatgtatataacttataaatacaaaattgaatcgatagaattt----------
U6                  ----tctaaggtttctttactattgaccacgatctttatTATAATTCGCAATTGATTTTTCatgtatataacttataaatacaaaattgaatcgatagaattt----------
U6atac              -----ttgatggctttgttttgttgtgaatggttagttttTATAATTCACAAATGTGTTTTCgattcttggtggtatatataatcacggcaggtaacgccaatgc----------
snoRNAMe18SA1806    -------tgcttagtgcttatttgtgttcgtataaatctTATAATTCACAAGTGATTTTTCggtttgtcgaggttatatagacaaactttaaattatttgtgctg---------
U1                  ---caagcacaattgtaacaacccgaaatgacagcgtgtttTATAATTTTCAATCAGTTTTATcagtttctgcatgaagacgtagactctggcgaagcaaagc----------
U1                  ---tatgagtaagccaaagcgagttttcgtttaagtgtttTATAATTCTCAATCAGTTTTATcagtttctgcatgaaggcgtagactctgagcggagcaaagc----------
U1                  ---tcataccaaaatttgttagatttttgtgtttttgctTATAATTCTCAATTGGTTCATGgtagtcgtggaatataagctgcagtcgaagcggctgaaagc----------
U1                  ---aaaaaaaaaatattgaaaaattaaattttcgtttctTATAATTCTCAATTGGTTCATGgtagccgtgatgtatataagctgcagttgaagcggataaaatc----------
U1                  ---aagaatcaatttaagaaaacattagttctgcgtaagtTATAATTCTCAATTGGTTCATGgttcgcagtaatgtatataactgcaattgaagcagctgaaagc----------
U2                  --tttgtgagtcatttcacaagtttcaacttggtacctTATAATTCACAAATGGTTTACAtcgcgctaaggccaaattagtggccaaatccactaacgtt----------
U2                  --cttgggtgttttgcgtgtaatttcaaatttggttcctTATAATTCCCAAATGGTTTATAtgtcgctacggacaagttaagaccaaattttccaaaagtt----------
U2                  ----gaatactttacattagatttcagaaacccaagcttTATAATTCACAATTGATTCATAtataaaataactaaagacattcaaaaataggggtttccagtt----------
U2                  ----taaactcaatttcccatttttgttctcaattcaatTATAATTCACAATCGGTTTATGtttaaggtttggcaagaagcggttgcatttcttcatttagtt----------
U2                  ---tgtacgtatttttagtttgctttgactgtttgctgctTATAATTCTCAATTGGTTTATGtgcagatttgttgatatactgtggaattggcgtgtctagtt----------
U3                  ----ttatttgcgtgtgcatcatttttttgttcgttacgtTATAATTCACAAACGGTTAATGcatgtgtttcatcttgagcaacatgtttgtgcatgaaaattt----------
U3                  ----ccattcaattgtgatcacatgtgttgtcgatcagctTATAATTCACAAACGGTTTATGggtgcgcagcatgttgggccacatgttagtggttgaaaattt----------
U3                  ----tactttttgatttcgtttcgtttttacttgtgcgatTATACTTCGCAAATGGTTTATGtgtgttgcacctgaagtactttgcgttttgccgttatagttt----------
U4                  ----agccctaaaattgtttttgggtttgttttgctttgctTATAATTCGCAATTGGTTCATGctttttgtgactagttagctgatttgtttgttggtgaggtt----------
U4                  ----agtgcataccattttggtaggttaatgcacgcaagtTATAATTCTCAAACGGTTAATGcgtgcggtgactaaagtaaccagaatattttggtgtttagtt----------
U4                  -----cagcccttaaagaacatttgataagtttctgttaaTATAATTCGCAAACAGTTGATGctgcagcgcaaacttatagcttatccttttctcattgcagtac----------
U4                  -----ttgaccagcagcatgcagaagtttgttaaattgatTAAAATTCGCAAACGGTTGTTGattcaaaacatttatgtcgcgcagcttaaggtgaagtcggtac----------
U4atac              gatgatctgcaatatatggtatggaaatatacaatttactTATAATTCGCAAATGGTTCATTatgttccgcatagaagagtcatcgactgacagtactcg----------
U5                  -aatttgaaaaaaatactaattggatgtgtattgttgctTATAATTCTCAAACGGTTGAAAtgaagcgcaatatgtagtgctatgatttgtggggttgag----------
U5                  ---tggatttttttttattgtttctttctgctttgctTATAATTCTCAAACGGTTATAAtgtagtgcaacatgtggtggtatgaatgacggtgtaaaag----------
U5                  ---tgctttgtatacgaagccaatcaccacacacatgcacAAACATTCTCAAATAGTTATAAtgtagcgcaccatgtgatgttatgatatgagttgtagaaag----------
U5                  ---cgcgtgtactttttaaatgactaaaattataaatatTATAATTCTCAAACGGTTATAAtgtagtgcaacatgtggtggtatgatatgacgggtataaag----------
U5                  ---actgcctttctagttcttaatgcctttgtgtctgctTATAATTCTCAATTGGTTATAAtgtagcgcactatttgatattatgatattagtgtttgaaag----------
U11                 ----cggaagtatttgcaatttcacacttgtgcgcTATAATTCGCAATCGCTTTAATgcttggccaagtataagtttattttattgcgaggcctcgtaccc----------
U12                 ---aaaaaaaaaaccatcgcaactcatagccactttctTATAATTCGCAATCAGTTTATGcaagtcccaggttatataatatgtcaatgacggcaaattt----------
OrCD1               ----gacgttggcagcgctgctgtagccactttgcgcactTATAATTCTCAACTGCTTTATGcatgcgatcgataacacgcgcgctgccttcccgtgtcttg----------
```

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.