

Drosophila pallidifrons

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

Assembly: GCA_023558445.1_ASM2355844v1_genomic

Dro_pal1 | CM042349.1:39628937-39630095 (-) | 1159 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 1e-164

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 7nt PSE: 0.89

GGGGGGCGGTGCAATTCGACGCAACGACGGTGGACACATCCCGTCTACCCAAATCTGAAATTTGTGTCGGTGGATGGCAGTGTGCAAGAAATTCACAAACCAACCAACCAACCACTTTGGGCAAACTCTGAAGCAATGCGTATG
CAAAATTAATGCAGAAATATAGAAATTCGACAAAGAGCAAAACCACTATATATACATAACACAAACAAATTAACAAACCAACCAATGAAAAAGCAAAAAATGCAACCAACCAACCAAGTCTAAAAACAAATTCACGAAACGBCAAATGATA
AACAAAGACACAAAAACAAATGACGAGAGCAACGCAAAATCTCTGCTCTCTACATATACACCAAAATATATCAATGCAACAAAAAACATATAAAGACATGAGAAAAACACAAAAACBACTAAATTTAAATGCGATTTGATAGG
TAATGATCATCATGTTGTAATATCAGACAGAAAGCAAAACCTCTGAACTCAAAAAAATCTCCCAAAAAAATATTAAAAAATTCAAAAATGCAATTTGGTGTGTGTCGGTTCGTGAAATGCGTACGCGCATTTCTGGCATCAAA
TCGTAAAGGGGGCGCCCCCCCCCAAGGGCGGGTGGGAAGAGAGAGAGCGGAGAGAGAGCTCGGGCCGGGCTCTTTGGGCTCTCTCTTGGCAACGCAACCGACCGACCAATGAATGCAAGCGGGGGCAAGGAAGCAATGAATGGAT
TTGGATGTTTACAACCCACACCAACCAACACATATAATATGCAATGTCCAGCTCGCTTTCTGGGGGACACTCTCTCGGCTTTGGGCTGGTGGGGCGCTCCACAAAAAACCCATAGAGACGTTTAATGGCAATTTCTAAATGAAC
AAACAAAAATATAAACCAAGAGCAAAAGCAAAACAAATGATACAAAAATGTAACGAGAAAAAAAGCAATTCAAAAACCAACAGCAAAAAATGAGCAATATGAGCAACATACTTAATGAATGGCAAAAGCAAAATGAAAA
AGAAAAACAATGCAAAATACGACACACACCTCTGAAAAAGACCTCAGTATAATACACATTAATGCTGGGTGCTGCTAAGGAATGCCCTGGCTGTATCGCCCTTTTTTT

```
Dro_pal1      -----ccaaactcgaatctttccctccctccctcttTATAATCTCAAGTTCGAATTCcccaatccadaatatafatccgaaacatttcccttagatt-----
Arthropod_7SK -----aacgaacaccccgcttcttcttcttcttcttTATAATCCCAAGTTCGAATTCggcacatggcagctataaataggccaaagccttagtttccagggcgttt-----
RNase_MRP     -----tacgttttttttccactatgcttcttcttTATAATCCCAACTACTTATTCggcacatggcagctataaataggccaaagccttagtttccagggcgttt-----
U6            -----actccaaadtcctctcgaatttttttccctTATAATCCCAACTGCTAATTCacacattccacaatatataatcccaaaatttccactaacctt-----
U6            -----tagatggccttatccaggaaatattctgttttTGTAAATCCCAAGTCTTATTTTgggggaagatgatttatatagggccttctgtgactacattc-----
U6            -----gggcctacctgaggtttccagacatacacgcctTGTAAATCCCAAGTGTGATTTggccatgaattgaattataataggcactccaatttgcataactc-----
U6            -----atagatcccttaatttcaaatttccaaacattTGTAAATCCCAACTGCTAATTCacacattccactttataaatagccacttttcttactacattc-----
U6            -----atagatggccttaatttcaaatttccaaacattTGTAAATCCCAACTGCTAATTCagacattccactttataaatagccacttttcttactacattc-----
U6atac        -----tgttgaatgatagaagatttttccatttttTGTAAATCCCAAGTGTGTTTTTgccaacgctacgtataaatgaggttgacggctggcgaatcgttt-----
tRNAsec       -----ttttcaaatattttttctttatgaadaattTGTAAATCCCAAAATGCTTATTAaccaaatatcccttttaaatatttatttaccgaatttaaat-----
snoRNA18SA1806 -----atttagctggagtcaccaaatgagataccatgcctTATAATCCCAACTGTGTTATTCcgctgtgtgtgtgttttaaatagcgtccgctaacattatgcg-----
U1            -----tgcatcaccttaacatcaaattttagttttcaacgctTAAATTCCAAAATGGTTCAGctaccaacaatggaaacccagctgtaagcagagaaaaagc-----
U1            -----gtagccctactttctadoodtttttatccttccatTAAATTCCAAAATGCTTATTCAGctaccaacaatggaaacccagctgtaagcagagaaaaagc-----
U1            -----ttttgtttgttttcaacttttcttcttcttTGTAAATCCCAAAATGGTTCAGcgagcttgggtgagtagcttgaatccagagcagagaaaaagc-----
U1            -----ttctcttccatatttcccaattttcacattattgcctTATAATCCCAACGCTTCTGctctctccctttcccttcccttcccaaaaadadadad-----
U1            -----atagatcaccttagggcgttttatattgtaaaagataTATAATTCCAACAGTTCAGacgctgtttactgaagcccatagattgaagcaccacaaaaagc-----
U2            -----agttagccctgcacttttttttttagacaacatttttTAAATTCACAAGTGTGTTATAacactcattttatggagtgtttgtattgacgattgttaagtt-----
U2            -----aaaaatdttaccatcacatttttgaatctccctatAGAAATTCCAACTGGTTCAGcacacttataatdattgattgaatdttaccacatttaaat-----
U2            -----agccacttcttttttttttagtcaaaattttctTAAATTCACAAGTGTGTTATAacactcattttatggagtgtttgtattgacgattgttaagtt-----
U2            -----cttttgcacactatgatttttcataccgactTATAATTCCAAAATGGTTCGGTtgacatcgggttaattttatggctttgaatttcaatt-----
U2            -----tcccatgaattcaadtaadttadatttatttattTACAATTCACAATGGTTCGgcacccaacacccacccaacccaacatttttcttaccatt-----
U2            -----ggtaggctcagagatatttttatacttgtgtcctTCTAATTCACAAGTGTGTTTGGcttacgacgacgagttattgtattgtccattatgaagtt-----
U3            -----cgaaaactcaccctcgttaggctgtgtgtgttaattTAAATTCGAAGTGGTATTGctctcagtcacgagtggtgatatagaccacattgaagtt-----
U3            -----gtatantdactcaacaccccttttcccttccctTABAATTCCAAAACAGTTCAGctccatcttctatggaatcatttgaatgaatgaacacaaaaatt-----
U3            -----atgcgaataatttctgtttatcattgttctgtTABAATTCCAAAACAGTTCAGctccatcttctatggaatcatttgaatgaatgaacacaaaaatt-----
U3            -----cgaacaaatttttaaatagtttttgcattgattttTAAATTCCAAAATGGTTCAGctccatcttctatggaatcatttgaatgaatgaacacaaaaatt-----
U4            -----tgaacttcttctttaaacttccaadcttctccacAAATTCGAATTTGTTAAAGctcattcagaatcatttgaatgttttgaatttgaacaaatcac-----
U4            -----gctgaaattatgcaacattttttcatcatttagctTGTAAATTCCAAAATGGTTCAGctccatcttctatggaatcatttgaatgttttgaacaaatcac-----
U4            -----cgttttaacatcgaagaatttttacctttatataagctTGAATTCGAAGTGGTTCAGcttgaatgacatgacgattgctgtttggcattggaaggtt-----
U4atac        -----gcttttttccatcttcttttttttccaaactttccactTGAATTCGAAAATGCTTTCAGcacttgcgaattgaatgttcccttcccttccacacatct-----
U5            -----aatggcctccgaagatgattgatttgaattatccccAGAAATTCACAATCAGTTATGccctgacgtagggtgctctccctagcgggttaaggtgtga-----
U5            -----caatgaagaagcagttattttttgcccctcatatgctTGTAAATTCGAACAGCTTCAGtagtgcaatgaatgacatttgccttgaatgcatgggaaa-----
U5            -----tttaggggttaactgagatgcacttttataatctgtctTATAATTCACAATCTGTTAAAGgtgacattaatgagatccttaagtctcatccggattct-----
U5            -----accacgdaactttodatttataattccacccaacccctTAGAATTCACAATCAGTTATGatocatttgaatgaatctctcccttaacattcttga-----
U5            -----ttggcgtatttattggcgttaattcaataaacatttgagTATAATTCCAAAACAGTTTGGcactcactcaggaacattgcccagagaggatttttct-----
U5            -----aaactttggaacttggaccgttagtatgcatgcaaacctTATAATTCACAATCAGTTATGatcattcttaggtagagctcttcccttaacattgtga-----
U5            -----gcccacattgaagccttttctcagaagaatttctataATATCTCAAGCACTTCATTcaadattgaatttacccttattgctccctcctttaa-----
U5            -----tagtctacttaaggaacgaattcatgaattccgtggaTATAATTCCAAAATGCTTCAGcttctcactgacaccccttgccttgaattgtttaa-----
U7            -----ttacgctcgttttttcccatttttgctgtTGAATTCCAAAACGCTTTAAGctccagtaaaagagactcgcctctgtcctcggacttctttatttga-----
U11           -----ttcatttccacaatatttccaaatttttccctAACAAATTCGAAGTGGTTCAGctcaccacacacacacacacacatttccctcacccttt-----
U12           -----gtgaagctgttgagaatttttaacgcttaccctAGCAATTCCAAAACGCTTCGGtgacgacgcaacacgctgcatttggccaccgactgcaattc-----
OrCD1         -----gctgcttctgtgttattattaaaacttttgcgtctTAGCAATTCACAAGTGGTTCAGcgcatccaatagcagtgagctgaagtttccaggtccgtttg-----
```

Upstream promoter alignment showing conserved regions. Sequences include Pol III promoters (noeCR34335, Arthropod_7SK, 7SL, RNase_MRP, RNaseP_nuc, U6, U6atac, tRNAsec, snoRNA18SA1806) and Pol II promoters (U1, U2, U3, U4, U4atac, U5, U7, U8, U11, U12, OrCD1). Conserved positions are highlighted in the alignment.