

Drosophila seclusa

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Ephydroidea > Drosophilidae > Drosophila > modified tarsi group > bristle tarsi subgroup

Assembly: GCA_035043575.1_ASM3504357v1_genomic

Dro_secl1 | JAWNMX010000782.1:4031572-4032586 (+) | 1015 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 2e-155

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.84

GGGGCGGTCTGTATTCGGCAGTAAAAAGCGGTGGACACATCCCGTTCCTACTACCAGCAAACTCAGAAATTGTGTCCACTTTGGGTTACAACTCAGCAAAATTACGATTGAAAAAACAATATCAATTTCGTATTCTCTGAAAGC
AAAACTCCAAGGCAAAATCAAGCAAGAAATATGCAAAAATATAAACACAACTATATAAAAAACGAATACAACAAAGTCTAAAAAGAAATACGAAATCGCAAAAGATAAATATCAGACCAAAAAATATATCCAATGCAAAACAAAAAAT
AAAAAACAAAAATAAAAACACTAAAAAATAATGCAACTTAAATGTGAACCTAGGTTATAAATCATGTGTATTATCAGGACACAAAAAATCTCTGAAAAATCTAAAAAATAATAAAACTACAAAACTGCATTGGTGTG
TGTGTCCGTCTGTGAATTCGTGACACBCCAAGTCAAGCCAACTAATCGGGTTGTCTGACTACTAATAGAAAGGGGTTCCCAATCTTGGGGACBGGTTAAACCTCCTTCGACACAGGCTCCAGGAAGCAAACTACTAGAAAGAAAG
CAAAACAAACAAATCTGCTGCTCTCACABAGAGBAGBAGATACCTTAATGTGGTGTGTGCTGCTATTTGGGCTCAGTCACTGTCCCTCTCTCTGACCACTTCTACACAGTTACBATTGGAGTCAACTGGTCAAGTTGACCC
CCACABCCCTTCGAAAAAGGCTGGCTCGGGCGCTCCACAAAACTAACCATABAGACGTTTAAAGCAAAATCTAAATGAACAAAGTTTAAACCAACAAACCAAAACCAAAAGATATTCABACAAAGTGCACCAACTTACTAATAA
TGGCAAAAAAGAAAACTGCAAAATGACACACAAACCTTCGAAAAATGACCTCAGTAAAAATACAACACATATTGCTGGGTGCTGCTGGAATGTCTAGTTGTATCGCCCTTTTTT

```
Dro_secl1      -----aaagctgtttctgaaggaattgcactttccatgcattGGAAATCCCAAAATGCAATTGcgcaagttgcaacataaataagccataacatactctgttggtt-----
Arthropod_7SK -----ttttgtaactotaaactatotttattccatttAAAAATCCCAAGTGGTTATTCCcacaatottctataaataagcacaacactocacaaattgttt-----
RNase_MRP      -----gggtgtgcttaggttatagtaattgctTAAAAATCCCAACACGTTATTGggcgggcagcgcgtataaataagtgccagcgcactcgaattgttatgctgctt-----
U6             -----gatgtcgtcttctgttttttttttttcgtttgttGTAATCTCAACAATTTATTggccgctgcacatttatatacttaatttttttgactacttc-----
U6             -----acaaacotcctttcttattatttttccattgctTATAATCTCAACAAGTTATTAGccttctccacattttatatacttaattttcttacttacttt-----
U6             -----cgacagaactgaatttaccagcaaccattcgcTGTAAATCCCAAGTCTGTTTCgttcgcatcaccatttaaatagcaaattttagacgtatattctt-----
U6atac         -----agttgggttttggcacttcatttttttactTATAATTCCTCAAGTCTTTTTCCcttgacattaaagttataaagatgactaacccacacaaatttt-----
tRNAsec        -----tctgtatgccttttgggtttttattgatacgcTGTAAATCCCAAGTCTTTTTcaggcattttgctttataaattgcttattatgaaaatttcgtt-----
snoRNAME18SA1806 -----aacttcctotaatcaactcttctattttcaacaactcctTATAATTCCCAACCGGTTATTTCccaccaactttotataaataaadaatdaacotttacaca-----
U1             -----tttctgtctataaaaaacttttggatagcttgcacattATAATCTCAAAATGGTCTAGcacagctggataggagtgccatttctcgatttgagcaaaagc-----
U1             -----tagctgctctgtaaatagttgcttggcttggcttaacTGTAAATCTCAAAATGGTCTAGcaagacaggtagtagtgccactccagagcagcagaaagc-----
U1             -----agcatacttttccacacattttccattactacadaoctTGTAAATCCCAAGTGGTCTGAcacaccccccatttatacccaatccccaacccagaaagac-----
U1             -----tgccatacttcaagcgtacttgtatagatttttgcTGTGATTCCCAAGTGGTCTAAGcagttggcgaatggtaacccaatcccgagcgagaaagc-----
U1             -----tgccacactcaaggcgtgctggttgatttcaactTATAATTCCCAACGGTCTAGcacttaattgcactgtaacccataggatgagctgacttaagc-----
U2             -----ttcccacccctaaatgaattttacacacacacacTGTAAATTCGCAACTGATTTTAGcttccattatadaatacagaatttaaaacttttttgaatt-----
U2             -----ttgccacccctaaagtagttttacacacgcatcgcTGTAAATTCGCAACTGGTTTAGcttgcattatagactagagttaaaaactgttttgagtt-----
U2             -----acactgcaaattttggatagtaacttggcgtctTATAATTCGCAACTGGTCTAAGctttagctggttgatggttagagatttgcctgttaagtt-----
U2             -----gtadcaacgctaaaaatatgtacaaaccccaactTGTGTAATTCGCAACTGGTCTAAGctttagctggttgatggttagagatttgcctgttaagtt-----
U2             -----cacggttctgactgcgcattgtgtacagcgtgcgcattTGTAAATTCGCAACTGGTCTGAcacagctgcctgataataatgtatgaataacatgtgtcaagtt-----
U2             -----ttgccacccctaaagtaattttatcacgcatcgcTGTAAATTCGCAACTGGTCTTAGctgttgcatataagactagagtttagactgtttgagtt-----
U3             -----aaccactottttttttttttttccatttadctcccaATAATCTCAATGGTCTTGCatotaaocaaatadactototttcttccctttotaaatt-----
U3             -----aaccactatgtatgttttccactttagctgcacATAATTCGCAACTGGTCTTGCatotaaocaaatadactototttcttccctttotaaatt-----
U4             -----tatgcaacatttaaatatgttaggcacatgcgcattTGTAAATTCGCAACTGATTTTAGcatttgggtgtgataccgtggttttccgttttgagtt-----
U4             -----acanaadtaaacgttttaattacacacatcctcaactTGTAAATTCGCAACTGGTCTGAcacaccccccattatcccaattcaaccttttttttt-----
U4             -----tctatttggagttatcatataaaacaaattcaacATAATCTCAATATGTTTAGcagcagctccatgtatattcttggcgaatttctatgagcaaaagtaac-----
U4atac         -----ggcagtagtttcttgcagatatttgcgaactttttgcctTGTAAATTCGCAACTGGTCTTGCaaacggctgccttagttgccacatttccagcaatcg-----
U5             -----actccaaatttttttcttttttccacacaaactcctTATAATCTCAAAACGGTTCAGcacaacactccttaatacattcctaaatttcttctttag-----
U5             -----ctgttgcataccttagggctccttaagtttttttcttccTATAATTCGCAATGGGTTAAGtatgtttttgtgtagcttaggtgtttgtgttcat-----
U5             -----gcataacctagggaatggctccttagtaattttcttactTATAATTCGCAATGGTTTAAGtatgtttttgtgtatagcttaggtgtttgtgttcat-----
U5             -----gcataacctaaadattccttatttaactttttctactTATAATTCGCAATGGGTTAAGtatgtttttgtgtatagcttaggtgtttgtgttcat-----
U7             -----tttggcgtttttgtagcatttttgcgttgcTGTAAATTCGCAACTGGTTCAGcgaatttcaattgtagttagacttgttggacaggataaagtattga-----
U11            -----ccagagtatcaagcaaacatttgccttcttcccataATAATTCGCAACTGGTTCAGcagacgcctgaccaatgcgcaattgtattgtgttgcacatt-----
U12            -----attctctotaaatttttatttctatdcaacaacccctTGTAAATTCGCAAGTGGTTCATGcaccacacacatttccatcttcccaattcaacatttttttt-----
OrCD1          -----gcggtgctgttaacacattttaacacattgctatgccaTGTAAATTCGCAAGCAAGTCTGAcacttcaaatacaaattacgcccagctcttgcattgtttg-----
```

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.