

# Drosophila conformis

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

**Assembly:** GCA\_035041375.1\_ASM3504137v1\_genomic

**Dro\_con1 | JAWNLE010000859.1:1094199-1095164 (+) | 966 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 1e-154**

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

GGGGCGGTCGTGATTCGGCAGTAAAGACGGTGGACACATCCCGTTCCTACTCCACGCAAACTCAGAAATGTGTCCACTTTGGGTTACAAACGACGAAATTCGATTTGAAAAATAAAACAATATCACCTTCGTCTCTCTGAAAGC  
AAAACTCCAAAGCAAATCAAGCAAGAAATATGCAAAATATAAACACAACTATATAAAAAAGAAATACAACAAAGCTTAAACAAAGAAATACGAAATCGCAAAAGATAAATATCAGACCAAAAAATATATCCAATGCAACAAAAAACT  
AAAAAACAAAAATAAAAACATAAAAAAATGCAACTTAAATGTGAACCTAGGTTATAAAATCATCGTGTGTATTATTATCAGGACGCAAAAAAATCTCTGAAAAAATCTAAAAAAACATTAACAACTACAAAACTGCAATTGGTGTGTG  
TGTCCCGTTCTGTAATCTGTACGCBCCAAGCTCAGCCCAATCTAATCBBGTTGGCTTGACTACTAATAGAAAGGGGGTTCCCAATCTTGGGACGGCTTAAACCTCTCTCAGACAAAAGGCTCCAGGAACAACTACTAGAAAGGAACG  
AACACAAACAACTCTGCTCTCAGCABGAGBAGBAGCAACCTCTCTCTGCACTTTTACACAGTTGTGTATTTGGAGCAACTGGTCAAGTTGACCCCAAGCTTGGGAAAAAGCTTGGCTGGGCGCTCCACAAAACTAAC  
CATAGAGACCTTTAAGGCAAAATCTAAATGAACAAAAGTATAAACCAAAACAAACGAAAAACCAAGATATTCAGGAAAAGTCAACCAACATTAATACTGGCAAAAAGGAAAAATGCAAAATACBACACAAACCTTCGAAAAATG  
ACCTCAGTAAATACAAACATATTTGCTGGGTCTGCTGGAAATGTCTAGTTGTATCGCCCTTTTTT

```
Dro_con1      -----aaagctgttctcgaaggattgcacttccatcgcatTGGAAATCCCAAAATGCAAAATCggcaagttgcaacataaataagccatagcatactctgttggtt-----
Arthropod_7SK  -----tttcgtacaadaotctatdtottttccattccotTAAAAATCCCAAGTGCCTATTCCcgaatctctatataaataacgaacacdcctgcctgtgtgtt-----
Arthropod_7SK  accccatttctgaactgtagctctatgttgttgcatgtcatTAAAAATCCCAAGTGCCTATACggcgatgtgtcgtataaataagcagcaatctctgcga-----
RNase_MRP      -----gggtgttgccttaggttatagtaattgctTAAAAATCCCAACACGTTAATTCggcgagcagcgcgtataaataagcggcgagcagctcgaattgttatgctgctt
U6             -----aaagatgtcctttctgttttctgtcgtgtgtgtTGAATTCGAACATTTTATTgtgctgctgctacatttatatacttaatttttggactacattc-----
U6             -----tgacataaactgaattttccagcaaccactcgtTGAATTCCAAGTCGTTGTGTcgtcgcatcaccatttaataagcaaatgtgcagacgtattttctt-----
U6             -----tgttggcgtgtgggacttgatctatttttactctTATAATTCCAAGTCTTTTTCTcgtgacattaaggatataaacgatgactaagcccgcaaaatgttt-----
U6atac         -----gtaaaaatotttttttattottttdaaaataacdcTAGAATTCCAAGTCTTTTTCTatcattttotcttataaatactcttattotdaaadctcgtt-----
tRNAsec       -----agcttctgtaatacaatctctattttgaacaacgtctTATAATTCCAAGTGCCTATTgtcctccaacgttgtataaatacagagatgaacgtcacgca-----
snoNAME18SA1806  -----ttgcttgcataaaaaacttttgatgtcttgccatTACAATTCGAATGCTTTAGcagctggatagagatgccagttctcgagctgagcaagg-----
U1             -----ancatacttttgcacatatttacattattacaaactTGTGAATTCCAAAATGGTTCTGACaccgcoccatatctccaccccccgaacccgaaaaaac-----
U1             -----tagcctgctctgtaatagtttgtccttgcgttctactTGTGAATTCCAAAATCGGTTCTAGcaagccaggtagtagtgcattccagagcagcggaagac-----
U1             -----tgccacttttcaagcgtactgttaggtactttctactTGTGAATTCCAAGTGGTTATAAagtttggcaatggttagtccattcgccgcccagaaaaagc-----
U1             -----atotadaatttttcaataccadaotaaadatttcaacTACAATTCCAACCGGTTCTAGcaccacaatcacctotaacccaadoodaactdaactfaaac-----
U2             -----acactgtacaattttgtggcattgtactttgcctctTATAAATCACAACGCTTTTAAcgttagctgggtgtaggtttttcgttgcaggtt-----
U2             -----ttgccacccttaaaataattgtacacacgcattgctTAGAATTCGAACGCTTTTAGctgttgcctcatagattactagtttaaaccttgtttcagtt-----
U2             -----gtatccaaaataaaaaataatacaaccccactctotTGAATTCACAACGCTTTTAAcctttaacttaacttaacttaacttaacttttctcttcaactt-----
U2             -----ttgccacccttaaaataattgtacacacgcattgctTAGAATTCGAACGCTTTTAGctgttgcctcatagattactagtttaaaccttgtttcagtt-----
U2             -----cagcgttcgactacgcatgtgacgcaactcgtgcattTGAATTCGAACCGGTTTAAcaagctcgtctatataaaggataaaaaccttgttcaagtt-----
U2             -----tttcccacccttaaaataatttacacacdcactcctTAGAATTCGAACGCTTTTAGctotocattatadactactadaattaaaccttotttcaactt-----
U3             -----accactgtttgttttttttttttccagtttagctgcgcataAATTCGAACGCTTTTAAcgttagctgggtgtaggtttttcgttgcaggtt-----
U4             -----tatgcacacttaaaaaatttgatgccattgcagctTGAATTCGAACGCTTTTAAcgttagctgggtgtaggtttttcgttgcaggtt-----
U4             -----cacaadtaaaccttttaatttaactccttaattcacaTAGAATTCGAACGCTTTTAAcgttagctgggtgtaggtttttcgttgcaggtt-----
U4             -----gcaaccctatgtttatatacattaaaaagaattcacaATAATTCGAATGCTTTAGGcaagctacatgtatatacagtgcaagttctcagtgagcaagttac-----
U4atac        -----ggcagtagtttcttgacactatttgaacgctttttgcgtTAGAATTCACAACGGTCTTGAacagcctgctttagttgccgactgtgccagcaatcg-----
U5            -----candaaatttttttctcttcttccacacaaactcactTATAATTCGAACGCTTCAAGcaacacactccttaotaccctctdaaatttcttcttctatad-----
U5            -----tgcatactttagggctcccttaagattttttttccactATAAATTCGAATGCTTTAAcgttagctgggtgtaggtttttcgttgcaggtt-----
U5            -----tgcatacttaagggatgactcccttaaatattttttccactATAAATTCGAATGCTTTAAcgttagctgggtgtaggtttttcgttgcaggtt-----
U11           -----tccadctattcaacaaacttttcttcttcccaatTATAAATTCACAACGCTTTTAAcgcacacncttaaccaatcccaatttttttcttctcctcattt-----
U12           -----gtcgtgtgttaattttgtaattgctatgcaacaacccctTGGAAATTCGAAGTGGTTCTAGcagcgcacacacacacatgtggcgtcacaagtggggaattt-----
OrCD1         -----gcgggtgctgttaacaactttcaacacatgttatgccTATAAATTCACAACGCTTCTGAcactctcaaatacaaattacgcagagctcatgcatgtgttg-----
```

Upstream promoter alignment showing conserved regions. Sequences include Pol III promoters (noeCR34335, Arthropod\_7SK, 7SL, RNase\_MRP, RNaseP\_nuc, U6, U6atac, tRNAsec, snoNAME18SA1806) and Pol II promoters (U1, U2, U3, U4, U4atac, U5, U7, U8, U11, U12, OrCD1). Conserved positions are highlighted in the alignment.