

Assembly: GCA_035042205.1_ASM3504220v1_genomic

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 4nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.88

[illegible]

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 4nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.98

GGGCGGTGAGCATCTGGCAACATAAAGGTTGATCACATCCCCGACCGACAGGTTGTTATACCTGAGATATGTCAAATTGTGATTGTGATTGAACAAAAAAGAAAAAAAAAATCCGACAAAAATGTTGTGGCTTTGTTTATAAGCCTTTAAACAGCATTAAACAATTAACATGATGGAACCAACAAAAAACTATAAACTGCTTAAGATGCTCTTCGAGGAGGGAATAGGGTACGGGAGTTGCTAAACTGCTTCCCTATTCCCTCGTCTGGGGTTGATCGCCTTTTTT

	Dro_inf1	Dro_inf2
Dro_inf1	-	21
Dro_inf2		-

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

```

Dro_inf1      -----GtGcaaggtttctcaaaatattcattccacccTGGAAATCCCAAAATGCAATTCacacaaatocacacataaagatcgtatgaacatccctttc
Dro_inf2      -----gtgtgtttcagttatttatttttttcaaaacagTAAATATCCCAACGTGTGTGtgcctttttgtacacattatgaatccgctctt
Arthropod_75K -----tttcagttattgtatgattatgttattgcgtccgcTAAATATCCCAAGTGGTAATTCacacagctgtacgtataaataagcagcacgcgtcgtcttactc
RNaase_MRP    -----aaactcctcttaadtttataataattctTAAAAATCCCAACACGTTATTCacacacccctccataaaaataccacacaaacacatttaatttgcgtgtt
U6            -----ttggaaaaacaaaccccttcagcaaacattcgtTGTAAATCCCAAGCGCTGATTCccacacatccacaaaataaaacaaattttggcagctaaactc
U6            -----acagagatctctctgattttttctgcgttcTGTATCCCAACAGCTGATTCacacagcacacattatagacaaattttggcagctaaactc
U6            -----aaagaaagctctctcagcattttctcagcagTGTATCCCAACAGCTGATTCacacagcacacattatagacaaattttggcagctaaactc
UGat4ac      -----attcttgatttttactcttactcttgccttaccctTATAATCCCAAGTCGTTATTCcctcagatccacataaaaatgatttaagatctaacgcttt
tRNAsec       -----ataatgcttttttaattgtataagaagaaTGAAGATCCCAAGTCITTTTccagagctgtcgtataaaaatgatttttaattgggtaccgtt
snorNAME18SA1806 -----adccctcaaaacacccctctatttttccaaaatccctTATAATCCCAACAGGTTATTCccacacacatttataaaaataaaacaaacantcaacatc
U1            -----ctttagagacatctcaatgaactcctgtttctgtcTGTAAATCCCAACCGGTATGcagccacaggttagacatttcgtttgcagctcagaagac
U1            -----tagacTgcacataaatagtctctgtttgtttctacTGTATCCCAACCGGTATGcagccacaggttagacatttcgtttgcagctcagaagac
U1            -----ttccctcaataaaagctcagacacatcagcagTGTATCCCAACCGGTATGcagccacaggttagacatttcgtttgcagctcagaagac
U1            -----tagcctgcctctgataagttgtcctgtgtttgtcttactTCAATCCCAATCGGTATGcagccacaggttagatttcgtttgcagcagcataaac
U1            -----tgcataactcttttggcgcataatcactctacgaactTGTAAATCCCAAGCGGTATACacttgcgcctcaggttagacacagctgcgcagctcagaagac
U1            -----ttgcataactctcaaaacacccaacaaacattctcTGTAAATCCCAAGTGGTTCACaaatoodaacatootaacattccccaacatoodaaaacac
U2            -----agtaaatgttcagtcagtttaactctgcagacatcctTATAATCCCAAGTTCACacttagacaaaatataagattcattgaatttaatttgaatt
U2            -----caaatgttcagtcagtttaactctgcagacatcctTGTATCCCAAGTGGTTCACacttagacaaaatataagattcattgaatttaatttgaatt
U2            -----accctcaaacacccctcagtcactctctctcttcttctTATAATCCCAACGGTTCACacttagacaaaatataagattcattgaatttaatttgaatt
U2            -----atggttaaaaacatcacatactgtgttgacaagctgtTGTAAATCCCAACGTGGTTCGactctctcgtcgttagtttgttagtttttgaggttttagt
U2            -----cagcttttcccttgccgatcagtcacaaactgtcatTGTAAATCCCAACATAGTTATGctcgttttggaataaggggcaaaaacatcgtcgaatt
U2            -----caaatctgcatacctaataatttttgcctgcatactTACAAATCCCAACGTGGTTAGatctgcctctatagaatataacataaattcttcttaatt
U2            -----caaatatgcacaggttaattttttgtcctcagctcagcTACAAATCCCAACGGTTATGctcgttcagatagaattagaattagaatttttgaatt
U3            -----aacacattttgcagtagcctcctcctcctcctcctcctTGTATCCCAACCGGTATGcagccacaggttagacatttcgtttgcagctcagaagac
U3            -----aacacattttgtcttttttttttttttaccatactcccaATAATCCCAATGGGTCGTTATGctccttaagaatataaagaacattcttgcctcttaadaatt
U4            -----cagaagcaaacctttaagtttgtctctagttcgtcagTGAATATCCCAATGGTGGTTCgtcgttcgattgattgcttaattgactgtattcatt
U4            -----tgcacaaatttttaagcatttttgaccacagcattctTGAATATCCCAACGATTTGACacattcaactcctgtagatctcttactattcgtttgaatt
U4            -----cccttcccctcdaaataatdaaaacattccaaATAATCCCAATGGTTGAGcaaacattcattatttttccaaattctccantaadaagatc
U4atac        -----ggcaatgattctcagtcacatttttagagcttttgcgcTACAAATCCCAACCGGTATGcagccacaggtctcttagacacccaagattgcagcagctc
U5            -----tgcacagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctc
U5            -----ctctcttaacgggtttctcatcacaactccaaactctTACAAATCCCAACCGATTCATcattttccccaataacccctctctttccaaatttaatt
U5            -----ttgcctcattttagggtgcagttattagctcattatctTATAATCCCAACGAGTTAAGcagccttttgacttagagctgtattcggagtcagat
U5            -----ttgcatactcaaaaggtctcctctccttaacattttctTATAATCCCAATCAGTGAAGatggtattgggttagctcaggttgttgttgttaatt
U5            -----ttgcatactcaaaaggtctcctccttaacattttctTATAATCCCAATCAGTGAAGatggtattgggttagctcaggttgttgttgttaatt
U11          -----cagagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctcagctc
U12          -----nctcttaaaatttttaacctctccacaactccctTGGAAATCCCAAGTGGTTCGactcctcaaacataacatctccaaatccaccccccnaattt
ORC01        -----gtgtgtgttttaaacaccttttcaacattctatgctTATAATCCCAAGCAGTTCGACactctcaaacataacattgcgcaaaactttgtctcatt

```

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.