

Assembly: GCA_037043295.1_ASM3704329v1_genomic

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 5nt PSE: 1.00

[illegible]

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 5nt PSE: 0.95

GGGCG6TCTCG6TATCTCTCA5GAACGGTGGCCACAT1CCCCAACACBATTGAAATCTG6GCGAAACAAAAAGTAACAAAAATACAAAAATATAAAAACATAACAAAAATCAAAACAAAAAACAAAAACAAAAATCTATATAA
AGAAATTAACCAACAAAAAATCTCCCATCAAAAAAGATACACATCATCAAAAAACATGGTTCCTGCTGTATATAGTTTAAAAACAAAAAAAAGATATTGAATTTAGAGTGTAAAGAGAGAAAGAAAGGTTTATACACATTGAA
AGTTGTGTTTGTG6GAAATTATCTAAGAGAAAAAGAACAAAAACCTTAAACACATCGCAGAGATATGTTCCCTGCGCCCTTTT

	Ami_min1	Ami_min2
Ami_min1	-	28
Ami_min2		-

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

Am1_min1 ----- ggaatcatttcgaagaagaatgttttcatttcatttTAAATTCCAAAATGCTATTTCgatttgaacgatataaataaaacatcatagcattttgttc
Am1_min2 ----- ttgttcgaatcgaatgaatgtttgttcatttcatttTAAATTCCAAAATGCTTCgagacaacgcacacattataacacttcatttcatttgaattt
A19rhropd_7SK ----- tgcattcgcgaatcttccttccttccttTAAATTCCAAAATGCTTCgagacaacgcacacattataacacttcatttcatttgaattt
RNa5c_MRP ----- tTcaacaatttttcatttcatttTAAATTCCAAAATGCTTCgatttgaacgatataaataaaacatcatagcattttgttc
U6 ----- agatagcaacaatttttcatttcatttcacaagaatgttcTATAATTCCAAAATGCTTCgagatttcctgaacaataaaggacattttcgtctggacattt
U6 ----- aataatocacaatttttcatttcatttcacaagaatgttcTATAATTCCAAAATGCTTCaggaacttcctgaacaataaaggacattttcgtctggacattt
U6 ----- aataatagcaacaatttttcatttcatttcacaagaatgttcTATAATTCCAAAATGCTTCaggaacttcctgaacaataaaggacattttcgtctggacattt
U6 ----- aataatataaaggacacaacaatttttcatttcatttcggTAAATTCCAAAATGCTTCcttcagttgaattatataatagacttcctaacttgccttcacatt
UGatac ----- aacccgaatagatagatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataatataat
UGatasec ----- actaagaatggcagatcttcatttcatttcacaagaatgttcTATAATTCCAAAATGCTTCgaggaacttcctgaacaataaaggatgcttttcacattttatct
snrNAME18S1806 ----- ttttgaatttttttcgttagttgttatcaacctTATAATTCCAAAATGCTTCcttcaggttagtaaaaaaggaagaagaagttttacttatcttcctctgt
----- caacttcatttttcatttcacaagaatgttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgcctaatgaacatttcctaatatttcctaatgcctgc
U1 ----- ttaacgaataagtggtgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- taacgaataagtggtgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- taacgaataagtggtgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- ttccttccttcgaatgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- ttccttccttcgaatgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- gcaaacccatttttcatttcatttcataaaatgtgcctTATAATTCCAAAATGCTTCgcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- taacgaataagtggtgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- gatttccttcgtgacttttttcgttcacatcacatttttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- gctttttatgcataaaatgttccttcatttcgttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- aatatcccatatttcatttcataaatatttcataaaatgcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- taacgaataagtggtgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U1 ----- taacgaataagtggtgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U2 ----- ttccttcataaaatttcatttttcatttttaatttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U2 ----- atacaatacaatttccttagagatttttccttcatttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U2 ----- tgaccacagatttttcgttgattgttatatttttcacTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U3 ----- taacgaataagtggtgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U3 ----- taacgaataagtggtgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U3 ----- taacgaataagtggtgcataatttttcgttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U4 ----- gcaacataattttttacttttccttcatttcctTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U4 ----- agtttcatttttaagcttttaaggaatttcgaagctTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U4datac ----- gctggtgacacaaatttttcgttcacaacaatttttcgttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U5 ----- attaaacaaatttccttttccttttccttcatttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U5 ----- ggggttttcgttcgttcgttcgttcgttcgttcgttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U11 ----- atttttccttcataaaatttttccttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
U12 ----- caaaagaataacataaaatttttccttttaagcttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc
ORC01 ----- cctgttaatttttttcgttttttcgttttcgttttcgttttcTATAATTCCAAAATGCTTCcaaaaatgccttcgaatgaattgcataagacagatagaatgc

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.