

Drosophila limbata

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Ephydroidea > Drosophilidae > Drosophila > Drosophila subgenus Drosophila > quinaria group

Assembly: GCA_963924055.1_idDroLimb2.1_genomic

Dro_lim1 | OZ001354.1:14271970-14272987 (-) | 1018 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 1e-199

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

GGGGCGGTCGTCGATTCGCGATTAACGACGGTTGGACACATCCCGTTTACCCAAATCTGAAATTTGTCAGTTGGATGGCAGAGCAGAAATAGTTACGCAAACTTTGGTCAAACTCTGAAAGCAAAAACAAAGCAAAATGCAATCCGCAAAATGCAAAATGCAAAAGAGCAAACTACTTATATATGTATATAATGTATAAAAAAACATAAACACAAAAGTCTAAACAGAAATACBAAACGCAAAAGATAACAACTAATGACGAAAAAATACCTTATCAGACCAAGAAAAATATCAATGCAAAACAAAAAATTAATAACACATAAAAAACACTAAAAAAACGAACTAACTTAAATGTGACTTAAATAGGTAATGATCATCATCTGTTTATCAGGACAAATGAAAACTTGAAAAAAACCCAAAAAAATATATAAACTTTCAAAATGCTATGGTGTGTGTCTCCCTTCGTGTAAATGCTGGCGCGCAATGCCGATTCACCCAAAGGCGGGTGGGAGAGAGAGCCCGGGCTTTTGGGCTCTCTCTGGCACCCCTCAACTCTGTCGCCCATGCCCCATGCCCCCTCTCCGGGCAAGGACAAAACAAGAACACAGCAACATCTGGAGGAGAGTACAGGCAAGGTTACAGCTGCCCTTGTCTCTCCCCACCTAAGTTGTGGTGTACATGGATAAATGGATATGTGGATACGGATAATGGGTGTCTATATGTCCAGCTGCCCTTCAGGGAAATTTGCTGGCGCGGCGCTCCACAAAAATTAACCATAGAGAGCTTTAAGGCAAAATCTAAATGAACAAAAAAGTATAAACCAAAAAACAAATTTAAACGAGAAAAACAGATTCCAAAAAAATAGCAATATGAGCAACATACTAATATAGCAAAAAACAAAAATGAAAAATGCAAAATTCGCAAAATTCAGACACACACCTTCCAAAAAGCCTCAGTATATACACATAATGCTGGGTGCTGCCAAGGAATGCCCTTCCTTGTATCGCCCCTTTTTT

```
Dro_lim1      -----aaaagcgtcaactgctgcactttgcactcagttTATAATCCCAAGTTGTTGTTccgcaagtgaagcataaataacgttagccttaaaggattcatt-----
Arthropod_7SK -----gctgttttccatttctatttttadccattcctattTGAATTCCTCAAGTGTGTTTccacatttaacccctataaatacaadtttcctcactotacadt-----
RNase_MRP     -----atctgctgctaatttttgaagttgctTATAATTCCTCAACTTGTATTCTcagcaccctacaaaataatagcggaatcaatgactgctacgcgcgtt-----
RNase_MRP     -----attcaaattttttgccttctcgtgtctTATAATTCCTCAACTCTGTATTCTggcgaacgcccaaaaataatagcggaactaatgaagctctcagccattt-----
U6            -----tcacaaatgocdaactttatttadccaaacccctTAAAAATCCCAAGTTGTTATTCCcdaactttgtcatttatataacccdaatatcaadtcaactt-----
U6            -----gactaccggaagtgtcactcgtttccattgcctTGAATTCCTCAAGTTGTTATTCTgcttggaagtcaaatataatagcagatttcgattcgtatgtctc-----
U6            -----gcttttagcatttcgctaattttacttactgtgtactTATAATTCCTCAAGTTGTTATTCTgtgtatgctcattttaataaccgaaatttgaagctacatt-----
U6            -----gttttttaadctgaaccccttccatttccatgactTGAATTCCTCAAGTGGTAATTCccccccttgcctcaatataaatacccaatttgaadtctatattc-----
U6            -----ttatttccgaggtgtgcgcgggttttaactagcTATAATTCCTCAAAATGTTATTCTgtgactattttaatagcagaaatttgaattacattc-----
U6atac        -----acagacagattgcaattttatgacgttaagcctTATAATTCACAAGTTGTTATTCTggctgctgtcgcataaaaaacggggcgtagctgacgcatgtgtt-----
tRNAsec       -----taadodattaatattctctataaataatttatctTATAATTCCTCAAGTACTTATTCCdaaadaattttttttaaatagaacttttccacttaatact-----
snoRNAme18SA1806 -----tctcccatgcgacaatttaactgtcagctgtgcccTATAATTCCTCAAGTGTATTCTatcgctctcgcagtataaataagctgctgccaaaaattattaa-----
U1            -----catacttttttcgacttttttgccatgctgggtgctTATAATTCCTCAAAATGATTCTAGccgtcagactatggaaacccctgatgttgagctgtgaaaagc-----
U1            -----gcatactcctatcdaacttttttccacaccccttgcTATAATTCCTCAAAATGGTTTATGcttccagactatgaaacccctgatgtttgcactgaaaaagc-----
U1            -----tgccactctataaatgcttacttcaaggcttgcTATAATTCCTCAAAACGGTTCTAGccctcagactatggaaacccctgatgttgatccgagtaaaagc-----
U1            -----ttgcctatcgttaagcttcattttgcgaagtgtttTGAATTCCTCAAAACGGTCTAGccctcagactatggaaacccctgatgttgatccgagtaaaagc-----
U1            -----caaacaccccttcccttcccttctattttatgactTATAATTCACAACAGTCTGGctcaaccdaaacccttgccttccagacagaaagaaagc-----
U1            -----catgtttctcagtgccacttttgcgtgctgcccTATAATTCACAATCAGTCTGGccctgcccgaaggctgactgttccagacagaaagaaagc-----
U2            -----gtatcgcaacactgtttttattgtcatgttgcacccTCCAATTCTCAACTAGTCTTgtgtttactaatggagtgttgcgtgttttctgttcgaagtt-----
U2            -----tatttccacacccatatttttccatgttttccctccCAAAATTCACAACAGTGGTTTATGcttccagactatgaaacccctgatgttttctgttttaagtt-----
U2            -----gtattcaagcactgttatactttcatgttgcaccccTAAAATTCACAACAGTGTCTAGctgtttactaatggagtgttgcgtgttttctgtttgaagtt-----
U2            -----tttttgcagcactgtataactttcatgttgcaccccTCAAAATTCACAACAGTGTCTAGctgtttactaatggagtgttgcgtgttttctgtttgaagtt-----
U2            -----ctccaaacactcaatttacaatttgcacatttccctTATAATTCCTCAACTGGTTATAGtadoodacdaatagaatttttccattaaaaattttcaagtt-----
U2            -----gcatcaaatatgcccaagtttacaacataatttcgtTATAATTCACAAGTGGTTATAGctgtgagcagcatagagtgaatggcattgtcagctttccagtt-----
U3            -----acacgtttgtcgttttcttttttgcgttgcgttgcTATAATTCCTCAACTGGTCTGGcttgtctgcagtggaggacacttgcattgggcagtgaaaaatt-----
U3            -----cccacgtattttttatttttttcccttccctadcccTATAATTCCTCAACAGGTTCTGGcttctctcactatgaaacccctgatgttttctgtttgaagtt-----
U3            -----accctgctgtgttcttttttgcgttgcgttgcTATAATTCCTCAACTGGTCTGGcttgtctgcagtggaggacacttgcattgggcagtgaaaaatt-----
U4            -----cgtttagctacttcaactttttacgtgaacccctgtTAAAATTCCTCAACTGGTCTGGttacacagaagtgtatgacccgttgcgtttccagtttaggtt-----
U4            -----caaaaatataatcacatttttttgcacccatcctTACGATTCGCAACAGTGGTCTGGcttctctcactatgaaaccccttgaatgttcatatttaatt-----
U4            -----ctaaccggactgcaacccctttaaagctgtgcacAATAATTCCTCAAGCTGTTTAGgtccttgcggagtaaaacttgcggcgcttctcctgaccaaatcac-----
U4atac        aggcacatgcttttttgcagatcttttaacatttttgcgtTATAATTCGCAAAATGGTTTAAgcttttgcgtgcatgaggtgcccttgttgcgaacactg-----
U5            -----ccacatgttttgaattttatttttgcacacccctTGAATTCACAACAGTCTGGccctcgaadadadgaatatttccctgaacacatttgaagtt-----
U5            -----agcctacaaatagggttgcattttgtgcttgcctgaactTATAATTCCTCAACAGTGTAGgtccttgcgttgcgaacacttgcattgtttattttgaactc-----
U5            -----tattttcaggcgcttcttctgcagcacttgcctTATAATTCCTCAAGTGTAGgttgttgaagtagtagtctgaagttggttgcgttcaaaaag-----
U5            -----gcttactttagggtgcacatcctcaatgtaccttgcacctTATAATTCCTCAACAGTGTAGgtcttcttcagggaacactctattttctgttctcaaac-----
U5            -----tadccacataaagdtotaatttgaatgccttgaactTATAATTCCTCAACAGTGTAGgtctctcctcgaatgaactctgattgtttattttgaactc-----
U5            -----ctttttaggttgacatctcaagcttacttgcacttgcctTATAATTCCTCAACAGTGTAGgtctgtgtcagtaaacctctatgtgttttcaatgcttct-----
U7            -----cggtctgttttttgcacattcgtgacctTATAATTCCTCAACAGTGTAGgttgcagcgaatgtagctcccttgcctctgcagatatattgtaatttg-----
U11           ctcaatgcttgcacttaatttcaacaaatcccaAATAATTCCTCAACAGTGGTTTATGcttgcagcgaatgtagctcccttgcctctgcagatatattgtaatttg-----
U12           tgtgtcagttgtgaatttttgcgttacttaccctAAAAATTCCTCAACAGTGTGGcgaagcagcgaacagcttgcattggaagcctgtgtttatttg-----
OrCD1         tctgtcgtgaggttaacatcacacactgttaatgcctAATAATTCCTCAACAGTGTCTAGcttcaacaaataggtactacgcaagaagtggaagtgttg-----
```

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.