

Drosophila phalerata

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

Assembly: GCA_951394115.2_idDroPhal2.2_genomic

Dro_pha1 | OX596004.2:26328378-26329365 (+) | 988 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 2e-198

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 1.00

GGGGCGGTCGTGCAATCGCAGTAACGACGGTTGGACACATCCCGTTTACCCAAATCGAAATTTGTGTCGGTGGATGGCAGAGCAGAAATAGTTACGCAAACTTTGGTCAAACCTCTGAAGCAAAAAACAAAGCAAAATGCAATTCGCAAAATGCAAAATGCAAAABAGCAAACTACTATACATATATAAAAAATATAAACACAAAAATCTAAACAGAAATACAGAAACGCTAAGATAAAATAATGACAAAAAAATACATACAGACCAAGAAAAATCAATGCAAAACAAAAAACTTAAAGAACACATATACTACATAAAAAATGAACTAACTAAATGACATTATAGGTAAATGATCATCTGCTTTATCAGGACAAAAATGAAAACTCTGAAAAAAAACCTAAAAAAAATATTAATAAACTTCAAAATGCAATTTGGTATATGTCCTCGTTCTGTAAATGCTGGCAGCAATGCGCATATAGGCCAAAGGGCGGCTGGGAAAGAGCCCGGGCTCTTGGGCTCTCTGAGATGCTACCTCTCTGACCTCTCTCCAAAAACACAAACAAACACACAGCAACATGCGTACAGTCAAAGGGCAGCCCAACTAACCTGCTCCTCCCTCCCTATGTTGTGGTGTTCATGGATATGGATGTGATCATGATGGTACCATATGTTCCAGCTCGCTTTGAGGGAATATGCTGGCAGCCGCTCCACAAAAATACCATAGAGACGTTTAAAGGCAATTTCAATGACAAAAAAAATGATAAACCAAAAAATATGTAACAGAGAAAAACCAACGATCAAAAAAATGAGCAATATGAGCAACATATAATAATGGCAAAAAACAAAAATGAAAACTGCAAAATTAAGACACAAACCTTCGAAAAACCTCAGTATAATACACATAATGCTGGGTGCTGCAAGGAATGCTTGTGTTATCGCCCTTTTTTT

```
Dro_pha1      -----caaaagctgcaactgctgcacttttccgtccgtttATAATCCCAAGTTGTTGTTccgattgtttgdcataaatccgttagaccgttaaggattcatt-----
Arthropod_7SK -----tgtggtcnaatttatttatttcadacatttccgttGTAATCCCAAGCCTTGTTCcccttcocadattataaatccadtttcctctctctctacda-----
RNase_MRP     -----tcttctgaagtcgccatgctgtcgaattATAATTCCAACTCATTATCTcgtcagtcgttacaadtaaatagccacccttaatagcgttttcaggccgtttt-----
U6            -----ggcgcttttattcgttttttatttcacgtgacttctGTAATCCCAAGTTGTTATTCcatcaatgctatgttttaatactagaatttcaatgacattc-----
U6            -----ggttatgaattaccctgaadttctctctcgaactTATAATCCCAAGTTGTAATTTGcttttaadtcataataaatacdaaaattcgttcataattatc-----
U6            -----ataacagatgcccgaacttcacatgccgactttgtTAAATCCCAAGGTGTGTTCCgcatactttgcatttatatacgaacaaattgagctcaacctt-----
U6            -----tttttactgctgactgcactgcaagactcagctcagctTATAATCCCAAGTTGCAATTTGtaagaatgcaatataaatagacaattagctaaatgcttcc-----
U6atac        -----tttcattctatcgaatcaccgaatctatccctTATAATCCCAAGTTGTTATTCctccctctatcttatataaaadgaadctgaatgacatttgaat-----
tRNAsec       -----tgttgaagaagagctatttataattctagtgctTATAATTCCAAGTGTATTATCCgctcagctgcgtctgcttaaatgagctctttcgacctatact-----
snorNAME18SA1806 -----tctgtcatgcatcttttttagctgccaagtgtactTATAATCCCAAGTGTGTTTCTgcacacaagcagcttaaatagccgcaacgttaacagaattga-----
U1            -----tccctttctctadgcctcatatatttaaaatatttctGTAATCCCAAAATAGTCTAGcadtcaactatodaaaccccttcttttaadttadaaaagc-----
U1            -----attttccctgctgtagagatgctcaacttcgtgctcctTATAATTCCAACGGTTCAGcacagcaggaaggctcgtgcttcagagcagagaaaaagc-----
U1            -----agcctcgtctgttttccagcttttgccttcgtgctcctTATAATTCCAACGGTTCAGcacagcaggaaggctcgtgctttccagagcagagaaaaagc-----
U1            -----actcttaagctcccttttttttttcttgccttctacccTGTAAATCCCAAAACAGTCTAGcactcagccaatggaattcccaattttgaactadaaaaaac-----
U1            -----ccctacttttagacattatttttctgactggttactTGTAAATCCCAACAGTCTAGcactcagccaatggaattcccaattttgaactadaaaaaac-----
U1            -----tgcttaaccaaggctctgattttgtgaatgactctTGTAAATCCCAACAGTCTAGcactcagccaatggaattcccaattttgaactadaaaaaac-----
U1            -----taacctactttccgaacatttctcttgaadccctTGTAAATCCCAAGCAGTCTAGcactcagccaatggaattcccaattttgaactadaaaaaac-----
U1            -----catatttttagagcgcacatttcacacaacatttcataTAAATCCCAAGTGTGTTTAAgcagctgtgttatggttaccacaactttgagatgaattgaagc-----
U2            -----agtatgctgtgatcaatttcacaaaagcttatccctTATAATTCCAAGTTGTTATAGttgtcggcgaatggagtgatggccattgacacattccagtt-----
U2            -----cctotacaaaatgaactcactacacacacacttttctTATAATTCCAAGTTGTTATAGttatcgaacaaatgaatgtttadacattctctctttaaadt-----
U2            -----actgcaaatatgattgacacatttctgcttttctTATAATTCCAAGTTGTTATAGttatcgaacaaatggagtgatggccatttctattttatagtt-----
U2            -----ggtatacaaaatgaactcactacacacacacttttctTATAATTCCAAGTTGTTATAGttatcgaacaaatggagtgatggccatttctgaccttaaaadt-----
U2            -----gttttgaacactttttttttttctctatcttgaadcccaTCTCAACTAGTCTAGctccccattaatctaatodnccctcttttttgggtatattt-----
U2            -----gtttttagcactgtttttttttctcaggttcagaccacCAAACTCTCAACTAGTCTAGctccccattaatctagtggggctctttttctgttaagtt-----
U2            -----tgcgtacaaaagtattcactacacacacacttttctTATAATTCCAAGTTGTTATAGttatcgaacaaatggagtgatggccatttctgaccttaaaadt-----
U3            -----accctcgaactctctctttttttttcttcttcttctTABAATTCCAACCAATCTAGctccccattaatgaadacacttttgaadcccttgaaaaaat-----
U3            -----aacctcggctctgtttttttttttgtctcagctctTABAATTCCAACCAATCTAGctccccattaatgaadacacttttgaadcccttgaaaaaat-----
U3            -----ccctcggctgtgtttttttttttctctctctctTABAATTCCAACCGGTCTAGctttgtctcagtgaggacacttttgaatggcatggaaaaaat-----
U4            -----aaaadtattttacactttttttttatcatcgaatcctTGGAAATTCGCAAGTGTGTTAAGtttttctctcatodaaatttttttaaatatcaatttttctt-----
U4            -----cgtttatgtctttgacattttgctgagcgtcctTGGAAATTCGCAAGTGTGTTAAGtttttctctcatodaaatttttttaaatatcaatttttctt-----
U4            -----taacctacttcgaattttcttaagctcttccacATAATTCGCAAGCTGTTAAGtttttctctcatodaaatttttttaaatatcaatttttctt-----
U4atac        ggcaaccdttttttaaataacttttttccacatttttccctTATAATTCGCAAAATGGTTAAGcatttctcatodaaatttttccacatttcc-----
U5            -----gccacatatatgagagattttttgagctgaatcgtTGTAAATTCGCAAGTGTGTTAAGcagcagcagagtagcatagctgtctgtgtgtgtgttcaaa-----
U5            -----tagcctactttaagctgacactcgaactttttttttctTATAATTCCAAAACAGTTTAGctattccacaggtaaactattttggtatattgtgcatcc-----
U5            -----cctacttcagggtgtgttctcagtttcaggaatttgcctTATAATTCGCAAGCAGTCAAGcatgtttttgatgtagatttgggttggctactcttgtaaaa-----
U5            -----cctactttgaadccctatcttttttccacatctacctTATAATTCGCAAGTGTGTTAAGcatataaadaaodtgaattgaattgaatttcttaadcaaaa-----
U5            -----agcctacttttaggtgtttatttcaatgttccgttaacctTATAATTCGCAACAGTTTAGctctgtcgtttaggtaaactgtatgtgtttactctgcatct-----
U5            -----ggtgatttccctcaagtgatctcgaacttttcttgcctTATAATTCGCAAAACAGTTTGGctattccacaggttaaacatttttgggtattttgtgcatct-----
U5            -----aacctactttgaadccctatcttcaatttttttaacctTATAATTCGCAACAGTTTAGctattccacaggttaaacatttttgggtattttgtgcatct-----
U5            -----ttttatcatatgaggtgcataataaaaagcctgactTACAATTCGCAATCAGTTTAAgtataccttaaaaataatctgtatgtgtgtttacgatatact-----
U5            -----agcctacttaagdgatgaatttcaatgtatcttaacctTGTAAATTCGCAAAACCGTTTAGctcagcttttaggttaaatcaatggtttattgtgcatct-----
U7            -----ttcctgctcctcttttcacattctctctcctTGTAAATTCGCAACCGTTTAGcacaacacaaacaaacccctctcccttccactctctattattttaaattg-----
U11           -----ctaatgactctgagcacaattttcagcgaatgcctATAATTCGCAACTGGTTTAAgcactgaacagaccaaatacagcttcgattttatcgtttattc-----
U12           -----ttcactcggttgtgaatttttaccgttttaccgtTGTAAATTCGCAACCGTTTAGcacaacacaaacaaacccctctcccttccactctctattattt-----
OrCD1         -----ctcactgttcttgacatcacaacactgttaagtctTATAATTCGCAACAGGTTCAGcgtttccaaatagccaagagcgaagttaatttgataaattg-----
```

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.