

Drosophila nigrodunni

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Ephydroidea > Drosophilidae > Drosophila > Drosophila subgenus Drosophila > cardini group > dunni subgroup

Assembly: GCA_020829145.1_ASM2082914v1_genomic

Dro_nigro1 | JACVCZ010000003.1:9203469-9204611 (+) | 1143 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 2e-184

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 5nt PSE: 0.94

GGGGCGGTCSTGCATTGCGAGTAATGACGGTTGGACACATCCCGTTAAACCCAAATCTGAATTTGTGTCCTGGATGGCAGAGCAGAAATAGTTACGCAAAACAACTTTGGTCAAAAACCTCCTCTGAAGCAAAAAAGCAAAAATCGAACA
AAACAAAAACBBAACGCTTAATGCGAGAGAGCAATATATGTATATATATATATATAGGTACAAATATATATATATATATATGATATATACAAAACATAAAAACAAACAAAGGCTAAACAGGAATTCACGAAACGCAATGATAAA
AAACAAACAGCAAAAAACAAAAATCTATCAGACCAAGAGTATCAATGCAACAAAAAAATCTTTAAAGAAATACATAAAAAATACACAAAAAAACBAACAACTTAAATGTGACTAGTAGGTAAATGATCATCTGGTTTAA
CAGGCAAAATGACAAAAACAAAAAGCAAAAAATCTACTCAGAAAAAGCATACAAAAAAATATTAACACTTCAAAAATGCATTTGGTGTGTGTGTCCCTTCTGTAAATGCTGGCAGCCCACTGCTGGCCTGCGACTCAAGGGG
CAGCTGGACTCTGCTTGGGCTCTCCCTGTGATCTCCCTGGACACACAGCTACGGCCCACAATCGTCCAGAGCACAAAGAACAAACACAGCAACATTGAGATGCTGCTGCCATGTCAAGTGTCAAGGTCAGAAATGACATTTCATCT
AAGTTTGGTGTACACTTGGATAACGTGGATTAGCTGTTGAGATCTCCGGTACCCAGACGATATATAACCAACACCAATATGTCTATCCAGCTCCGCTAACGGAAACAGTTGCTGGCAGCGGCGCTCCACTAAAAATAACCATAGAGACGTT
TAAAGCAAAATCTAAATGAACAAAAAGTATAACCAAAAAAGAAAAATCAATTGTAATGAGAAAAACCAACGATTCAAAAATAAGCAATATGACCAACATCTTTAAATGGCAAAAAACAAAAATGCAACCAAAAAATATTAACGTG
AAATTACGACACACACCTTCGAAAAAGCTCAGTATAATACACATAATGCTGGGTGCTGCAGAGGAATGCTTGTGTATCGCCCTTTTTT

```
Dro_nigro1      -----cdaaancctccacdaatccacttttcttttcttTATAATCTCAAGTGTCTGTTcdaatttootccacdaaaatccdttaatttttoddacacttt-----
Arthropod_7SK  -----ttgttgagcgtatggttatttataaccagaagcgtTAAATTCCCAAGTGTCTGTTcggcgtgagcagatataaatacacataagcgttgagtgacgtt-----
RNase_MRP      -----tccactgattaaattttttcttatcgctTATAATCCCAAGTAAATAATTCagtgagcagcaccataaataagcagcccaaacgatatgttcagggcggttt
U6             -----ctcccccattactcdaaadtccattcdaattctTGAATTCCTCAAGTGTCTATTCTctttdaattadadaataaatacaatttttoddacacacttc-----
U6             -----agccaatagatggcgtagaattgcaacactttctTGAATTCCTCAAGTGTCTATTTCagcattccacactatttaatactcttaattgtctatgaacttc-----
U6             -----attctcactacctgagaagcagcatcgctgtctTGAATTCCTCAAGTGTCTAATTGgcactggtagaataaataagcaattgtcactactagttttc-----
U6             -----ggccttfaafacattttcttttccactcactcactTATAATTCCTCAAGTAACTATTttdaadaatttcaatttaataacdaadtcccaactactttc-----
U6atac         -----gtttatcacattgtttattgtcagatgctgctctTATAATTCCTCAAGTGGTGTGcggcagcagctgcatataaacaagcccaactgctggaggtgttt-----
tRNAsec        -----ttgtgataagatgaagatgtagttaaacactctTGAATTCCTCAAGTAGCTATTGcgttagttggcgcttttaatacacatcaatgtcattttaagat-----
snoRNAME18SA1806
U1             -----tctcccatccatattttcttttadactatctctTATGATTCCTCAAGTGTCTATTTCattcattaccctodataaataaccataatctcaaaattatoga-----
U1             -----gtagctctaactgaaggcaaaaatgaaggattacattTGAATTCCTCAAGTGTCTGCTAGcacacagacatggaaaccccggttttgagctgaatgaagc-----
U1             -----gctctgtttgtctgccaattttttctgcttgccctTGAATTCCTCAAGTGTCTGCTGcgttggaagggtctgggcattccagagcggagaaaaagc-----
U1             -----acactctttttctctttaaatttttgaatcggccactTGAATTCCTCAAGTGTCTGCTGcagcadttdaaadttcdaadttccagancdaaaaaagc-----
U1             -----atcctttttagatcatttttttgcacacagctgctTGAATTCCTCAAGTGTCTGCTGcaggtgaagtagtgaagcagcaatttctgctgtagaagc-----
U1             -----tagctcacttttaggcactgctgctgtatatcgctTGAATTCCTCAAGTAGTGTGAGcacacagatggaaaaccccgctgttgagctgagcaagc-----
U1             -----catatootaagcccttttaattattactotaaatcatGTAAATTCCTCAAGTGTCTGCTGcagcadttdaattatcttaacacaaaattataactaattaac-----
U2             -----aaatagacagatcaaaaaaataatgcatgttttccctTACAATTCCTAACGTTATTGtagtcttaacatggatgataaccttgataattgttcagtt-----
U2             -----caaaaatgaacttcgaatttcatgtaatatagctTACAATTCCTCAAGTGTCTGCTGcaggtgtttcaatgaagtattaatataatagctgtttaatagtt-----
U2             -----cacctttaaataadacatccaaatgaatttccctTATAATTCCTCAAGTGTCTGCTGcagcadttdaaadttcdaadttccagancdaaaaaagc-----
U2             -----caaaagcaatttcagtagtttttctgccaagaaTACAATTCCTCAAGTGTCTGCTGcaggtgaagtagtgaagcagcaatttctgctgtagaagc-----
U2             -----agtcgcccattatttcgatatgtttaatcacattTAAATTCCTCAAGTGTCTGCTGcagcadttdaattatcttaacacaaaattataactaattaac-----
U2             -----cacctttaaataadacatccaaatgaatttccctTATAATTCCTCAAGTGTCTGCTGtagtcttaaaatdaaataacacttttaatttttccactt-----
U2             -----gttgtaacactgtatatttttcatgtgccactgctTAGAATTCCTCAAGGTTCTGactctagataaaatggagcttagttattttaccatttacagtt-----
U3             -----accctcgctgctgttttttttctgctgcagctgtTAGAATTCCTCAAGGTTCTGcttattttagtaagagagatcgaatttgcgttgaaaagtt-----
U3             -----toddctcccatottttcttcttcttctctctTGAATTCCTCAAGGTTCTGcttcttctotadtdaadaattatcgaatctcatttcaaaaaagc-----
U4             -----tcaaaagatgttacatttttagtataagaatcgtTATAATTCCTCAAGTGTCTGctgtaggaatggatgggttctcggtattcgaattgaagc-----
U4             -----cgtttaactgcttcaagtttttacaatgtagcagcgtTGAATTCCTCAAGTGTCTGctgtagcagtagcagtagtagtactgtttattggcatgaaaaatt-----
U4             -----aaatttccacttctcaaaaatttttctcctcacAATAATTCGCAAGCTGTTTAAAGttcaddacactataaaatttttatttcttttaccacaaatcac-----
U4atac         taggcaacgcttttagctgtcttttttgcacattttgcctTACAATTCGCAAGCGTTTAAAGttgaactgattaaaggtgttctcttagccaacagctcg-----
U5             -----tgcaacacacacagaaacatttttttagcactgtcactTGAATTCGCAAGCAGTCTGACagacatcagagtgtaaatgtttgctgaagggtttgtfaaa-----
U5             -----tttttttccacttttacacacatcacacodttccacctTATAATTCCTCAAGTGTCTGCAAGcactctatgaadttgaatttaatttttccaaa-----
U5             -----gcctactgtagggcgctgcttctactgctattgtttccTGAATTCCTCAAGCAGTGTGgatgaattccaggttaaacctccatttggtttcaggtagatct-----
U5             -----gcctactctaggcgctacttcccaactgattttgtctTAAAAATTCCTCAAGCAGTGTGgatgaattccaggttaaacctccatttggtttcaggtagatct-----
U5             -----gcctactgtagggcgctatttctcactgctattttcttctTGAATTCCTCAAGCAGTGTGgatgaattccaggttaaacctccatttggtttcaggtagatct-----
U7             -----gtacdcatttttttccacattttttatctctTGAATTCCTCAAGCAGTGTGACacacacgcaaatgaacctttactttodccttoddttcttttaatttg-----
U11            -----aacgatctacaatagggggttttcagcatatgcctACTAATTCCTCAATTTGGTCTGACgactgcgacaagaagaactgggttgcgtttgtagaactctct-----
U12            -----ctcggttgggttgggaatttttactgttctctaccctTGAATTCCTCAAGCGTTATGcgcgcacagcctactgcttctggtttggttatgctgtgcaattt-----
OrCD1          -----tcgacactgttttatcactgtcactgtctgaagccccAATAATTCCTCAAGCGTTCTAGcgtgtcagggagtcgaagcgtgaagctctgaacttagcg-----
```

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.