	Scale chr9: > C 1	106,056,0 G A T T C	CAGGCT		AGTAGT	6,056,060 TTGTA	50 base 106 C A G T T	,056,070 T G A G G G	TCTAT		CACCC			TAACTO		GGCC	ACTG	mm39 6,056,120 C C T T	SCCAC		,130 C A G T	GCAC		ACC	106,056 A A A T (	150 S G G G
		D S	Q A L P G	E V	S S	C F V L Y	T V Q F	E G L R	S M	· Y	P P H P		R R	N C	V Q		H C		L P	G E		H_	P A Q S		K N	
Us	er Track										GENC	Gap Loc	ations items filtered	out)												
	Wdr82 →	Mirlet7g	********	*********	*******						*******	*******	********	·······	I NO INC					•••••	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	*****	*****	*****	*****	*****
Wdr82/XM_0302 Wdr82/NM_0	29896.1	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,			curated and		и, XM, I	VR_*, XR_*, I	(P_", YP_") -	Annotation Re	elease NCBI	RefSeq GC	F_000001	635.27-RS	5_2024_02	(2024-02	-08) >>>>>> ->>>	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	·····	·····	*****	,,,,,,,	,,,,,,
Mirlet7g/NR_0 Wdr82/NM_0			,,,,,,,,,	,,,,,,,,,	,,,,,,,,,	,,,,,,,,	NCBI RefS	eq genes, cur	ated subset (	NM_*, NR_*	, NP_* or YP	*) - Annotati	on Release NO	BI RefSeq C	CF_00000	1635.27-R	RS_2024_0	2 (2024-0	2-08)			,,,,,,	,,,,,,	,,,,,,	,,,,,,,	,,,,,
Mirlet7g/NR_ Wdr82/NN										U	CSC annotat	ons of RefSe	q RNAs (NM_	and NR_*)												
Mirlet7g/NR											G	ienscan Gene	Predictions													
											RefSeq	nRNAs mapp	ed to this ass	embly												
	_029896 +										Mo	use mRNAs l	rom GenBank													
Ak Ak Ak BC BC BC BC	(037620 (035109 (149692 (159240 (159240 (157945 (158054 (157943								· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·					· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			······	**************************************	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
EF	031502 + 011615 019115	······	********** **********	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	,,,,,,,,,,	·······	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	,,,,,,,,,		,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	,,,,,,,,,	······	······	******	······	,,,,,,,	·····	·····	<del>,,,,,,</del>	****** ******	*****	·····	,,,,,,
ВС	8		AJ459698 ■										DQ3 Bases are Li Conservation I									.,,,,,,,,				,,,,,
Cons 35 Verts	0_			ЩШ.		_					35 Vertebrah	S Dasewise	Joniservation	y r Hylor		444		ЩЩ	<u> </u>					ш		
	Gans										Multiz	Alignments	of 35 Vertebra	tes												
Chinese_I	Mouse C 1 Rat C 1 Rat C 1 Squirrel C 1 Rabbit C 1 Pika C 1 Human C 1 Rhesus C 1 pangolin C 1 Dog C 1 Sheep C 1	G A T T C G A T T C	C A G G C T C A G G C C T C C A G G C C T	G A G G T G A G G T	A G T A G T A G T A G T	T T G T A T T G T A	C A G T T C A G	T G A G G G G T G A G G G G T G A G G G G	TCTAT	G A T A C G A T A C	C A C C C C C C C C C C C C C C C C C C	G G T A C A G G T A C A	G G A G A G A G G A G A G A G A G A G A	T A A C T C T A A C T C	T A C A G T A C A	G G C C C C C C C C C C C C C C C C C C	A C T G A C T G	C C T T ( C C T		G G A A A G G A A A G G A A A A G G A A A A G G A A A A G G A A A G G A A A G	C A G C C A G C C A G C C C A G C C C A G C C C C	G G G G G G G G G G G G G G G G G G G	C A G C C A G C C A G C C C A G C C C A G C C C A G C C C C	A C C C A C C C A C C C C C C C C C C C	A A A T ( A A G T (	T G G G G G G G G G G G G G G G G G G G
	SINE LINE LTR DNA Simple mplexity Satellite RNA Other Jnknown									Short 0	Senetic Varia	nts from Euro	pean Variant A	urchive Relea	se 4						rs3389065	8041		re3	38906787	7
EVA SNID D	eleese E									Short 0	Senetic Varia	nts from Euro	oean Variant A	rchive Relea	se 5							I				