

# Epistrophella euchroma

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Syrphoidea > Syrphidae > Epistrophella

Assembly: GCA\_947049315.1\_idEpiEuco1.1\_genomic

Epi\_euc1 | OX346247.1:100489203-100489497 (+) | 295 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 6.2e-11

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 7nt PSE: 0.99

GGGCGGTTGGATGCGTACAGTTGATACGGTTGGTACATCCGTTCCCAAAATGTAGTATCAATCGTATGCTTTGACAAATCCATACAAAAACGAAAAACAAATAAAAAACACTGCAAAATGTGTGTTGAGAAATATAAAATAAGTTTACCAAAAAAACACGCAAAACAAATCTCCCTCTATCGTATAGATATCTATAATATAGAAATTAGGCCAATCAATACAATTGAGAAAAAAATCTATCAAAATGATATCTGCTGAGGTAGATGTGATCGCCTTTTTTT

Epi_euc1	-----ctatcctttdaadtacdaacattttttataaaaTATAATTACAGAAATTTattacacaaatcatcattcataacgaataatcaofacactdaccatc-----
Arthropod_7SK	-----agtttgctctttttcatgtatattttatttcctTATAATTCGAGTATTTTTtaaacacatcatagtttatatagaagtttcaattacaatacagac-----
Arthropod_7SK	-----aatttaacaacatcccatataaaatttaacattggaTACGATTACAGTAITTTTatcaaaagcaactaagaataaataagaagtttcaattaatattccgat-----
RNAse_MRP	-----ttctttttgaattttctcattctttTATAATTACAGTITTTTTtcatcgaatdttctttatatacaatttaaatcaaatataatggcggtagttgct-----
U6	-----aatgatttaatttttcgtgtgttttttfaactgcaTATAATTACAGTATTTTTtcaagcatgtctgaattacttaaacitttaaaactagcatt-----
U6	-----atggtttgtattttctgcatgaacattttttatataTATAATTACAGTATTTTTtcaagaaatttttgaataaaaaaatatataacctcgttaacatt-----
U6	-----agaatcaatgttttttctdaattttcacactttaaTATAATTACAGTATTTTTtccatctctaactgaataaatactacttttaadacactaacatt-----
U6	-----ctcaatcagaatatcagctaaatttttcatggaataTATAATTACAGTATTTTTtcaaacgtgccagataatcttaaaaatttaattgctacaacatt-----
U6atac	-----ataaaacctacaaatgcttttgcatatgtattTATAATTACAGAAATTTTTtgcacaacacccaatagtcacaaaatggttctcatgtgtcfaaat-----
tRNAsec	-----gaaattctctcttaataaaattttttatatacaaaTATAATTACAGTITTTTTtctggtgttcttatcacatacaaatcttgaadaaacgaatt-----
snoRNAme18SA1806	-----tatatgatttacttaatacaaatccaattttgTATAATTACATAAATTTTTtgcgaactaggtgtttctaaattgtattgttatatttgtttcttaa-----
U1	-----atttagtttctataaaattttgttttttatattttTATAATTACATTACTATatttaggaataagtcataagaacacagtgaaataacggtaaaaagc-----
U1	-----tgaagtaaatggtataaacagttgtgtttgtttttTACAATTACATTCTGTTtcaaccataaaaagttaactagaacggagtgaaactgaatcaagc-----
U1	-----atdaadadadadaaatttcottttcttttttaaaTATAATTACATTCTTTtcaaccataaatottaaacadaaatttaacaaaaatcdaataaac-----
U1	-----acctacgaaggaagattttattttgttatattcataTATAATTACAGTGGTTtttgtaagattgttgacaagaagccaatgaaaaattcagattaaagc-----
U1	-----atatacaattgtgatacgtatttctgttccactttttTAAATTACATTATGCTgtgtcgaatggaaattcataagagatcaagctggataacggttaagc-----
U1	-----aatattattattgtatcatatttcotttccattttTAAATTACATTATGCTctotataacdaaattcataaadaatcaadaatonaataacoottaagc-----
U2	-----agttgtagatggtatgattttttgttccataaaatTATGATTACAGTAAAGTgtgtcagaatttttaacaaagtaattagttatattttacagtttaagtt-----
U2	-----aacaaaaattgtcacataattgttatcgatatcaTACTATTACATTACAGTgcttttagaacaatagcataagtaattggttaagcattccattacaattt-----
U2	-----atcacaaaaadatatdaatttttttttttttaaaTATAATTACAGTGAATtttcadaaatttcatcaaatatttaotttaatttacaotttaoatt-----
U2	-----aagaaaaaaaataatagtgatcttttctcgaaTATAATTACAGTTAGTactgtcagcalatttgacaagtaattggtttattttttacagttgagtt-----
U2	-----atgacaaaaggatatgaatgtttttgtttttttgaaTATAATTACAGTGAATgtgcagaatttttaccagattttgtgttaattacagtttaagtt-----
U4	-----aaaaaacccaaadaatctttttcatttaattttTAAATTACATTACTTTtaadcaacaattatgaataaadaaccaatcdaaattgaataaatt-----
U4	-----gttgatgactttactttaattttttttttttttTATAATTACATTACTTTgtgttcacatagctttaaagttatagaagaaatttgacaatcatc-----
U4atac	ttttttctgccctagtaagtcaatatttttttcaaaaacaTACAATTACATTACTTTcagcggacttcttttaaggtacagatcatcttaaaaatctct-----
U5	-----attccttatdaatattttattttcatttatattttTACAATTACATTAACTTacaacacaaaaadatatacadaatttcacacacccctacaaaa-----
U5	-----ataaacaaatgccatttacttttttttttttttcaTACAATTACATTCACTTtagctacaaaatgttcataatagttatatttgatttaggttgaaaaa-----
U5	-----tgcgaatacacacatgataaatttttatatttttcaTACAATTACACTGGCTttcttacttactttgaactacgtcggatagccgtattct-----
U11	-----attctattttaaaatctctaattttacattttaattTATGATTACATTGGCTatttocaadaaatttatadottcacotttaoottcaacatcaaat-----
U12	-----tatttttaaccgagataaattgatttgcatttatTATGATTACACTCACTTTtagcatcaagttgtcatacataactataaaaatcactagatatattc-----

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.