

# Melangyna quadrimaculata

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

Assembly: GCA\_949320155.1\_idMelQuad1.1\_genomic

Mel\_qua1 | OX439484.1:40972315-40972609 (+) | 295 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 3.8e-10

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

666CGGTTGCTTGCCTCACAGTTGATCGGGTGGTACATCCGTTTCCAAATGTAGCTTCTAAATCGTATGCTTTGACATCCATACACAAAAACGAAAAACAAAAACAAAAAGAACACTGAAAAATTTGTGTTTGAGAAATAAATTAAG  
TTTCACCAAAAAAACCAACACGCAAAACAAATCTCTCCCTCATCGTATAAGATATCTATAATATAGAAATTAAGCCCAATCAATAAAAATGAGAAAAAATCTATCAAAAAATGATATCTCTGAGGTAGATGTGATCGCCTTTTT

```
Mel_qua1      -----aotaccctcgcotdaacotaaatttaccatcaaaTATAATTACAGAAATTTattocaacootacatcattcatatogaaaatfcaofatactdaccatc-----
Arthropod_7SK  -----ttttaaaataaatttcgtataaaatttaacattcaaaTACGATTCACAGAAATTTattcaaaagaaagtaggaatatatagaaattttaaaccatatccgac-----
RNase_MRP     -----tttccatgtttttgttcgttgcTTACAGTTTCACAGTTTTtttccgccaatgtccttggtctataaacaattcaaatagacattgagctggcgggtgggttgcT-----
U6            -----gaataatttcatcaaccataaattttgttaacaTATAGTTTCACAGTATTTtttccacaadttacaactataaacaataaactaataatgtaacactcc-----
U6            -----gaataatttcatattgtttgttcgttcacataTATAGTTTCACAGTATTTtttccacaatacacaaagacaaagtataacttttaaacgtatgtacttc-----
U6            -----aagaacaaagagtttatattgagttttgcatttcaTATAATTACAGTATTTatttcaagttatgcttggaaataagtaacttttgacatcataacatt-----
U6            -----tttafaaattttcatagtttaaatatttacaattcaTATAATTACAGTATTTttttaaagttatcctttaaataaataacttttaacatcacaaacatt-----
U6atac        -----aacaaaaccgtataaattgttttcatttgcTCTTATAGTTTCACAGTATTTcttctgcatgaqccpcatcacacaaatgctttgcactaataaagac-----
snoRNAME18SA1806 -----tggagacttttttgcctatgataaacttgcTATAGTTTCACATAAATTTtttcaacaatattcgtttataatccctttatttatgttgcgttccaataa-----
U1            -----caacatcatttataaactgtattcctttccattattTATAATTACAGTATTTcttadadadadgaataaadaaatcaadcaadgataacoottaadc-----
U1            -----aacacaaactgatcagtttgcgtattttttttttTACAATTACAGTATTTgtgtttaccataaaaagtgccttgagtttgaatgataactgaattaaagc-----
U1            -----atggatgacacttttttgaaattatttttgaattataTACAATTACAGTATTTgtgtgtgcacaaaagttaataagaaatcgatgtaaatgtacggttaagc-----
U1            -----atgttttgggaaaaatcgaaattttattttttattataTACAATTACAGTATTTgtgtgtagaaaaataataaagaaatcgagtttaatttatgtttaagc-----
U1            -----tcaataaaatocactotatatttcttcttttatattttTAAAAATTCAGTATTCAGTTtatottgaaaaaatataaadaaatcaadcaadgataacoottaaac-----
U1            -----ggatgatgttttacttataggatcattttattttctTACAATTACAGTATTTAGTTgtgtgtgcaatatttatatagtttgaattataacgggaaaaagc-----
U1            -----gttttcacagtttttaacattttttctagttttttTAAATTACAGTATTTactttatggtagaaatataataagacccatttaaacggttaaaagc-----
U1            -----coactdatadttatcatgtttcttctttctttTAAAAATTCAGTATTTgtgtgtatgaaatttatataatfatcctoccatnatcaacgtttaagc-----
U1            -----gaacatcattgtatgatcgttgcgtttcttctttTATAATTACAGTATTTAGTTgtgtagaaaaattataaagaaatcaagcaagcaacggtttaagc-----
U1            -----tttaagaatgcattgatcgttttgggttttcttctttTAAAAATTCAGTATTTAGTTgtgtagaaaaattataaagaaatcaagcaagataacggtttaagc-----
U1            -----aatatttttacacacacacatttcttttataaattttTATAATTACAGTATTTGGTTtttttataaaaatattataaadaaatcaadcaadgataacoottaaac-----
U1            -----acgaagaagatgagtgatcgttttcttcttcttTAAAAATTCAGTATTTAGTTgtgtagaaaaattataaagaaatcaagcaaaattacggtttaagc-----
U1            -----caacgaagaacgtgatcgttttccgtttcttctttTAAAAATTCAGTATTTactttgttagaagaattataaagaaatcaagcaagattacggtttaagc-----
U2            -----tccaaaaatcacatataatttttattttctcTAAAAATTCAGTATTTAGTTgtgtagaaaaattataaagaaatcaagcaaaattacggtttaagc-----
U3            -----tttctatagctatatataatttttattttttTACAAGTTCAGTATTTAGTTgtgtagaaaaattataaagaaatcaagcaaaattacggtttaagc-----
U4            -----cagaagatggaagaagatcgttttgcgttttattttgtTATAATTACAGTATTTACTcttagcacaaaatttgataagacagcaaaattcgtggtgtaaaatt-----
U4            -----cataaactdaaadagactttttcttttctttctTAAAAATTCAGTATTTACTcttccacacaaaattcataadacatccaatcdaadgataacoottaaac-----
U4            -----gaaggttagtttgatgtgattttgtttttttttTATAATTACAGTATTTactttgttagaaaaatttaaggtatcgaaaccaatttcaacaacgctt-----
U4atac        tttttcaccttataaaattattatttttttcaaaaaTATAATTACAGTATTTactttgcacatttattataaaggttaacatcttggaactctct-----
U5            -----tttccatgatacaacttaadtttttcttctctttTATAATTACAGTATTTCACTCaaacacataaaaataaadaaacttcacaagttcactttgttaa-----
U5            -----catgatcaggatcagcttaggtttttgttgcctttTATAATTACAGTATTTCACTtagaacatgaaaaataaataagacacattcaccagttcccttggttaa-----
U5            -----atacacacgtctcgtcattttttttaaattttattttcaTATAATTACAGTATTTCTcttccaaatagtttagttgtaactttgagtggtgcaaacg-----
U5            -----aatacataatocaaatatttatttactctacctdaacatTACAATTACAGTATTTcttctcatatatttacttataatctcttataacacttcaaaaa-----
U5            -----caattatctccatatatttttttctattcattcgaTAAAAATTCAGTATTTgaggttagaaccttgatataacccctcgttctgaaagtgaaaaa-----
U5            -----gttttaacactgaatattttatttagtttaccfaacatTCAATTACAGTATTTgtctcattgttttactttatggatgaacgttgaaactgcaaaaga-----
U11           -----tttaaaattctcaattctactatttcaatttaaaTCTATAGTTTCAGTATTTCTttaaadaacactaaatgaataaacctaaaatctcatcctaata-----
U12           -----cattattttttcataaaaatgctatttgcattttTACAGTTCAGACTCACTTttttcacctatttggtagacataaatagtaaaagcactaatatttct-----
```

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.