

Cheilosia scutellata

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

Assembly: GCA_955612985.1_idCheScut6.1_genomic

Che_scu1 | OY015311.1:34706897-34707182 (+) | 286 nt | lncRNA: noe consensus e-value: NA

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.82

GGGCGGTTTATTATCTCACACTATGCBAGTTGGTCACATCCCTTTAAATGTGGCAAAACCAAAACACAGACGGAAATAGGATTGCAAAATAAGCAAAAACTAACATAAAATATTCTCATCTGCCTTATAACTAGGTGAAATG6GGGTAAAGCTA
CAAAATTCCTTGACACAACATAAATCCACTTTCCGTAAACCTCAATTTTAACTTAATATTGCGACCAAAACCTTGATGTAAGATTGATTCTCTCAAAACATTGGTGCATGGGATAAAAAATGTGATCGCCTTTTTT

```
Che_scu1      -----GAAAAAfaattttctactocctattttttactaacaTTTAATTGCAAGATTTTttttatadactottcaacataaatcaattatattaccaccttfacatc--
Arthropod_7SK -----attaacaaattttcgtatagaaatttgattcattTATAGTCACAAGATTTTttacacaagaaggctggataagtatgaattcgaatcacagtaccgtt--
U6            --baacacagatggcgtaacaattaaatttgataaaattACGATTCACAATATTTtgctgccgaacatagtagcttatggataaataagaatagcattactt----
U6            --atttcaataaattocdcttaacatttattttcacaCAAAITCACABAAGTTTTttcttcttgaattaaacacacattcttataaaattttttactctt----
U6            --aaatagtagattgctgcgcaaaattgtttgtttaaTATAATTACAGAATTTTattgcgtttttctacgtcaagtacattttggcaaaactaacactt----
snoNAME18SA1806 -----aaaaagattttcttagtattttctgttTGAATTCACAGAATTTTttcgccctgctgctttattgaggtacacagaaaaaaattgttctgtat
U1            --acacaacaacactcatataaatttccattctttTACACTTCACATTCTGTTtagatadaaataocadaaadcccaacccatadccdaacaaac-----
U1            --tgtatttctatttctatttcttatttaattgaagcaTACAATTCACAGCTACTTTttgtgaaaaatttgattaggtctcgcatatgtcgaadgaagaagc-----
U1            --acaaaaacaacaccccatatataaattcctttcgacacATACAATTCACATCTGCTTTtagatggaatataacaaagggcagagcatttgcggagaaaaagc-----
U1            --acacaacaacaaactcatataaatttcaattctttTACACTTCACATTCTGCTATTtagatggaatataacaaagggcagagcatttgcggagaaaaagc-----
U1            --caagaacaacaacagatacaaaattttgtactatacaTACAATTCACATTTCACATTtagttagaatatacacaagaggttagacaaattgcggaataaagc-----
U1            --tccttttccctagtagacatttttctattttgtagatgcaCACAAITTCACAGTTGCTTTctgttgaataattttactagatctcatgcaagcagcagagaaagc-----
U1            --tcttcttctgtatggcatttcttattttgtagatgcaCACAAITTCACAGTTGCTTTctgttgaataattttactagatctcatgcaagcagcagagaaagc-----
U1            --ttctcctttcttgaattcttatttttadadacacACAAITTCACAGTTGCTTTctgttgaataattttactagatctcatgcaagcagcagagaaagc-----
U1            --ggataattcgaatttctcatatttttctattttgtttTACAATTCACATTTCGCTTTctgttgaataattttactagacatatacatttggatgagaaaaagc-----
U2            --agctgaacatcacactcatatttttctgtgtaaaTATAATTGCAATTCGCTTTctgtgagaattttactgaattatctgctattgactggtttagttt----
U2            --cctaaactcattttttttttttttttttttttttttttTATAATTGCAATTCGCTTTctgtgagaattttactgaattatctgctattgactggtttagttt----
U2            --aaacaacaagtatacagctgagatttctgtgtgattTATTATTCACACTGCTATctgttgaataattttactgaattatctgctattgactggtttagttt----
U2            --acaacagcaattgcacgagggcctttgcacttctgtttTACACTTCACACTCAGTTttgttgggaatttcatgagtagatgcaacgaattggaattgtt----
U2            --toactcdaaoodtoactttcatttacttcccttccTATAATTACACGCAATTTcttcttgaataattttactgaattatctgcaagcagcagagaaagc-----
U3            --tttcttatttgggtgaattgatttccacgtgtgtTACAGTTCACACTGCTATtctgtagcgaattacataaaggttagacatttlttgggtgggtaaatttt----
U4            --agctgttaataaatttctcgtgtctattcgtttTACAATTCACACTCTCTTctgttgaagaacacataaagagatttggcgaattgaattcgtt----
U4            --gttctcttcttcttcttcttatttatttctacctctatTATAAGTTCACACTGCTTtactgaacaaatcattgaattgaataaataaattgaattcgtt----
U4atac        aattattgcaattgtgtgtggaacaattgtgacaactTATAAGTTCACACTCAGTAAgagttcagttttaccctaaagtaagaaatttgatcatcttct--
U5            --tcatttttttctctctttttacatttctcattcgtgctTATACTTCACATTGCTTTtagtagcgaacaacataaaggcattcagctgttgggtgttttctg--
U5            --tcattctttttadadacaaaaaadaattcttttcttTATGATTTCACATTTCACITTcttctgaataattttaccgaattgaadadtaaaaccctactatct--
U5            --aagaactacacacagacaactcaatttattttttTATACTTCACATTTCACITTctggaattatttccactagaccggcaataaattgagacaaact-----
U5            --cttgactaatagacatttccatttctgacttggttTATAATTTCACATTTCACITTctgtgacaatttgggtcactgacttgcataaattgttcattct--
U11           --aacaactcactctcacaatttaattgaactcaatcctTACAATTCACACTTCGCTTtatttgaataaataaataaataaatttcaattcctaac-----
U12           --tcatttgtcaagataaaaaacaatttttggtaaaaTATAAGTTCACACTTACTTtaccaccagaaaaactagtgtaggttaaacccaaggtagtcaattc--
```

Upstream promoter alignment showing conserved regions. Sequences include Pol III promoters (noeCR34335, Arthropod_7SK, 7SL, RNase_MRP, RNaseP_nuc, U6, U6atac, tRNasec, snoNAME18SA1806) and Pol II promoters (U1, U2, U3, U4, U4atac, U5, U7, U8, U11, U12, OrCD1). Conserved positions are highlighted in the alignment.