

# Meliscaeva cinctella

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

Assembly: GCA\_96512275.1\_idMelCint3.1\_genomic

Mel\_cin1 | OZ243326.1:121167374-121167677 (+) | 304 nt | lncRNA: noe consensus e-value: NA

5' motif: GTGGT 3' motif: ATCAC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.85

GGGTGGTCCATTATCTCACATCGAGAAAGGTTGGTCACATCCCTTGATTGTGACAAACCAAAAGACAGACGGCTTATAAAACGGTTAAATTTAAGCAACAAACCAAAAAACATTCATACTCTCTCTCTTCATTGAATTAGGAGTTTGAGTGAAGCTACAAAACCTCTCGTGTACACAAACAAACACATTGCATAAGACCGAAATTTGAATTAATTATCGCACTTAATTTGATTGTAGAGATATTAATAAATTTGTATCTTCAAAACAAATTGATGCTTTGAGATAAAGTGCATCACCTTTT

```
Mel_cin1      -----atcaacagtttttattctctaaatttcactataaaATAATTCAACACTTTTattcdaaaatatcaacataaaadaattttccaactotattacatt-----
RNase_MRP    -----acatttccttggtttaaactgtTATAGTTCACACTATTTTtccctcatatgctgggtatatagaaaaagaacacattgtcagtgccggtggttgcT-----
U6           ---aatctagatgtcacatcaaattttcgaagatatataTAAATTCACABATTTTgttcgtttaaagtgtaaggatatatacaaaatcaataactcatacttt-----
U6           ---aatcaaatgtcacatcaaattttcgaagatatataTAAATTCACABATTTTgttcgtttaaagtgtaaggatatatacaaaatcaataactcatacttt-----
U6           ---ggatcagaaatttgtagaattatttaataattcaTATAATTCACABATTTTtttcacattgtttcgaataagtcacaatttttaagcitttacttc-----
U6           ---aatataaacatataaaagaattattgttccttcTATAATTCACABATTTTtttaacattatttctgaataagtcagttttgataaagttaacatc-----
U6           ---taaaataaaatttttcataatcacatataaattcaTATAATTCACABATTTTgtttatootatctcgaataaotataaatatttaaacctataacatc-----
U6atac       ---aaaataaacgaatatttttaagtcttcatgaagcTATAAGTTCACABATTTTtttcgtcatttaccaaatcacacaaaatctttacaagtaaaagac-----
tRNAsec      ---aaaactaaactctgtggaacccaattgtcatttaTATAGTTCACABATTTTtttcgttattattcttaataacatcaaaagcttttagataattgttt-----
U1           ---acaaaataaataatttttatttttttctatttataTAAATTCACATTTGCTCtctcagaataattataaadaaacctataataacccgtataaaagc-----
U1           ---ccccaaagtaagaggtgttttttaattttatttcaTATAATTCACABATTTGCTCtctcgaataaattataaagacaaccaggaagagcagattaaagc-----
U1           ---attcataacagcaaaagatcctttttttgtgattgcACAATTCACABATTTGTTatttccaaaaatgtttatgattccagtcacaaatcatagtttaagc-----
U1           ---tttgtaaagattagaagaattattttttctgtgattgcACAATTCACABATTTGTTatttccgcaaaaattataataatcgcaaatgataagctcatttaagc-----
U1           ---aacacaaadaactactcdaaaatatatatattttTACAGTTCACATTTGGTCTctctctataaaaacttactadaatodaaatodaaactotataaagc-----
U1           ---caaaactcgttgggtgtgtgattttattcatattctttTCAATTCACABATTTGTTtttgcgcacaaattcacatagcttataggaataacggtgttaagc-----
U1           ---actgataacggtgagctgtttttctgttctctctTAAATTCACATTTGAGTTctgtgcacaaaattcatatagagatacagcaaaatcaggtttaagc-----
U1           ---ccaaotgaaaatodttgatttttcaattttattttcaTATAATTCACABATTTGCTCtctgcacaaattccataaadaacacccaacacacgtttaagc-----
U1           ---gccaaagtaaaagattgattttttcattttatttttaTATAATTCACATTTGCTCtctgcagcgtatctataagataaacagcaaatcgacgataaagc-----
U1           ---tgcacaaaggtagccaacatttttttattcaattgcTACAATTCACACTCAITTgaagttgtaaaatcacatagatttaaacctatgcacacagaaaagc-----
U1           ---ttttttttaaadaaatttttttttatttcaattcTACAATTCACABATTTACTTTttttatdaaaattcataaadaatcaaaataaottaacctataaagc-----
U1           ---aaaatttatctcaatgtacattctctttcttttatTAAATTCACATTTGAGTTctgtgcacaaattcataaagacatcgagaagtggaagatttaagc-----
U2           ---agataaagacataaagctctctacttttcgcatatTATAATTCACABATTTGCTCtctgcacaaattctgtcacaataattgtcattgtttaccgttaagtt-----
U2           ---aacaaattctctotacaaattttatttttctttacTACTATTACAGTGAAGTtttgaacataataacacaaataatadotatcatcactattatatt-----
U2           ---catagacatatcaagatcttttatattctttcatTGTAAATTCACABATTTGTTtttgcagaattttctgcagaataattgttaattttaccgttaagtt-----
U2           ---gacaaaaataaggacacacattttttctgtcagaatTATAATTCACATTTGAGTcttagacgaatttttaaaagtaattgtttcattttccggttaagtt-----
U3           ---caacaaaaaacaadttattttctattttttttdaaaGACAATTCACATTTGAGTTttttttdtaaaaadtttaataattaccdaaatodtadaaaattt-----
U4           ---tggagaaaaatgaagatcctttttctgttattttatTAAATTCACATTTGAGTTtgcagctgaaaattcataaagtaagccaacgagaagtagtgaatc-----
U4atac       ---agtataaattttgttttaattttttatttttatTATAGTTCACACGTGACTattgtgcacaaaattcacagaaaatagaataaattagaatagtt-----
U5           ---ttttctcaccctcattatcaaatattttttttaaattcaTACAATTCACATTTACTTTttgcacaaattattataaatacaaatcgttaactcactct-----
U5           ---ctctctcatattcattctcttaaaattttgtttgcataTAAATTCACATTCAGTctgtgttctgtttttatgataaattgcgaagttatcacagcaaa-----
U5           ---cacatcatgactaccaccaaattttttgtttatttgaaATAATTCACABTGAAGTTtacctacttactgttactagtaattgtcgaatttgcacaaatcg-----
U5           ---cacatcacatcactttattttttttttttttttTATAATTCACABTGAAGTctctctacttcttctactaotaaatodcattttcttcccttaad-----
U5           ---tcatgaatcacgataaatagagatattttgtttctttttTATAATTCACATTTACCTTgaacacaaaataacataaagtttccacatttccattgcaaaa-----
U5           ---ttccttggtctagcctttgggtgcattttgcagatgTACAATTCACATTCATTTctctctgtctagttgttttagagttgattgtgcacactgacaaaga-----
U5           ---atactttodtcttaatttttaatttttttttcaatcTACAATTCACATTCATTTctctctcttaatttttaaaatttccattccacacttaacaaa-----
U5           ---taaaaaataacacaaagctataattttttgtttttttttTACAATTCACATTCATTTctctctacacaaaagtatttaataagaagcattatacattaaaaa-----
U5           ---tcaaaattttattttagtcagcaaatatgataattgttaaTCAATTCACATTCAGTctctctcttttagatttatcttattgcttattgagcaccacccaaaa-----
U11          ---ataaaattaaaattctcdaatttttcaattttctTATGATTTCACATTTGACTTctcdaaaaaaccttaaataaacataaaaattcaacaacaaatt-----
U12          ---atcaaaagtgtgataaaatttaattttctattttctTACAATTCACATTCCTTattgcaattatatagcatataaacctgtaaaatcacccctgcattttc-----
```

Upstream promoter alignment showing conserved regions. Sequences include Pol III promoters (noeCR34335, Arthropod\_7SK, 7SL, RNase\_MRP, RNaseP\_nuc, U6, U6atac, tRNAsec, snoRNA18SA1806) and Pol II promoters (U1, U2, U3, U4, U4atac, U5, U7, U8, U11, U12, OrCD1). Conserved positions are highlighted in the alignment.