

Epistrophe eligans

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

Assembly: GCA_951394125.1_idEpiElig2.1_genomic

Epi_eli1 | OX596029.1:92403565-92403857 (+) | 293 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 2.0e-10
5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 6nt PSE: 0.97
666c66ttc6atgcctcacagttgatc66ttgggtacattccgttcccAAATtGtAGtcttcaaatc6tatgcctttgacatccatACAAAAACGAAAAACAAAATAAAAAACACTGCAAAATtGtGtTTGAGAAATAAAATAAGtTTtCA
CCAAAAAACCAACGCAACAAAAATATCTCCCTCTATGCTATAAGATATCTATAATATAGAAITTAAGCCAAITCAATAAAATtGAGAAAAATATCTATCAAAATGATATCTGCTGAGGTAGATGTGATCGCCTTTTTT

Epi_eli2 | OX596029.1:26314504-26314676 (+) | 173 nt | lncRNA: noe consensus e-value: NA
5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 9nt PSE: 0.89
6c66tccAAATGtCTCAAACTATACAGtTtGACCACATCCCTTAATtTGtGGGGGAAAAAGtGAAAGCCttTAAGCAAAITtGGAAATGtATGAAATGAGAGAAATAAGtTtGATtGATtGtTtGATAACtAATAAAAAAGtATtGAGACAA
TAAAGtTCGCAATCATTTTTTTTT

	Epi_eli1	Epi_eli2
Epi_eli1	-	38
Epi_eli2		-

Pairwise sequence identity matrix (%) showing similarity between lncRNA sequences.

Epi_eli1	-----gtacgatcattgtacgtagacatctttcgatcaaaTATAATTACAGAAATtattacaatgctacatcattcataagaaaaattcaatactgaccatc-----
Epi_eli2	-----aattggagtcggcaattattatatccctcttTTAATTACAGAAATTAataagcttttaaaataactcaaaagttagaatttatattctaagcatacaa-----
Arthropod_7SK	-----aaottttctattottatacaaaattotactcttTATAAGTTCACAGTATTTtttttccacccctotttaotttttataaaaactttcaattacadaaaataac-----
Arthropod_7SK	-----aaattatactcttcataataaattcaactataaCACAATTACAGTtTTTAtttcgacgcaaatacgaatatatagaagttccatataacaccccgat-----
RNase_MRP	-----atcatatagcttttttcaatccctTATAGTTCACAGATTTTTtttgcctctgtgctgtctataatacaatccaatcgattgtgaatggcggtaggttgc-----
U6	-----atacaaaataatttttatctcctaatttadacttcaCAGATTACAGTATTTtttcaaaaaatattctotaatctttatttgaadgaactcctt-----
U6	-----acaaaaacatttttttagtatacttattgcaattcaTAAATTACAGTAATTTTtttgatagatgtttggaataaaaaaatctatgaccaccaacatc-----
U6	-----gataaaagtcaaatttgtgttttttacacactctataTATAGTTCACATTATTTTTtttccaactctgtactgttatataaaaatttttaagaccaaacatc-----
U6atac	-----ctacaadtattataoactdaatttttcattoodtaTATAGTTCGAGTTTTTtttttotaatatatccctotataaottacaattaatfottttcacatt-----
tRNAsec	-----ttaaaccctacaaagtctttttacattattcttTATAATTACAGATTTTTtttgcctctttatgaattattacaatatgcttcccaaatgtatggc-----
snoRNAme18SA1806	-----ttctagatataatttttagctaaattcacttcaactcaatTATAATTACAGTTTTTTTTtttctgtttattcttatcacatcaaaagcttttaacaagcaagt-----
U1	-----otatatootttaaaatctcatctaaatttatattTATAATTGCAATAATTTTTtttactaacctatatacaataotcttattatataattttcaag-----
U1	-----aaaaataaaattcgaaatttatttcatattttaaattttTATAGTTCACATTACTtttatgtaagaagataataagaattcattgataaacggtataaaagc-----
U1	-----agagaattattgagaattcttttttattttattttataTATAATTACACTTTCtttttgaccgaaagttacaagacatcgaggaaaagtacggttttagc-----
U1	-----ataaadtatodaattcttttatttttttttaattttataTATAATTACACTTTCtttttccaccaaottacaagacatcgaadaaaadtacodtttaac-----
U1	-----ttttcaaaataccataggatctttatctttaaattctTAGAATTACATTCAGTttatgttggaataataataagaataatcattgaataacggtataaaagc-----
U1	-----gtagttcttgaaagagatgttttttattttttttttttTACAATTACAGTTAGTttgtgacttgaaatttaagaataatctagcaaatgtatcggttaagc-----
U1	-----naaaaaaodcctaactccttttctattctttttttTACAATTACATTAGTtttotaanaataattataaadaatcaaacatataaacodttaagc-----
U1	-----ccattttcaacaagaagatttattttattttttttttTATAATTACAGTTGGTTTTtttgaaataattgacaagaaaagcaagaagatcacttttaagc-----
U1	-----ggttaaggttaattgaaatgatcagtttatgtttttttttTACAGTTCACATTAGTttcaagaataaaaagtacaagaatgggaattgaaactgagtttaagc-----
U1	-----aataaaaaactctgattattatttttctacttttttTAAAATTACATTATGTTtctctadadaaatttataaotaactcaadcatataacodttaaac-----
U1	-----gaatacaaaacttgattattattttgtgaattttctTAAAATTACATTATGTTtctgtagagaataattagaatcaatcaagcatataacggttaagc-----
U2	-----aaacaaatgtgacataattttgctatggatatactACTATTACAGTATTTttaaagaagggcacaagtaotggttaagttatttfaatggaaagt-----
U2	-----tatacaataaaaaaatatcttcttcttcttataaaATAATTACAGTGAATttctcaacatttttfaadaagataatttatattttaccgttaant-----
U2	-----gctttggcacacaaactgtgattgctttcttataaaATAATTACAGTGAATtttcccaatttttaacagtaatttatattttaccgttaagtt-----
U2	-----ttggcaacacaaactataattgttttcttctataaaATAATTACAGTGAATtttgcagcattttttaacaagtaattggttatattttaccgttaagtt-----
U4	-----aaacaaaactdaadaadtattttttctttaaattttTAGAATTACATTACTttttaaadaadcaatctcataadadaactaacadaadtotodgaatc-----
U4	-----atgtagtgatgtgcttatttttcttattttctTATAATTACACTATCTtttagtcaaatagcttcaagtaataagaacaaatttaggaatcgctc-----
U4atac	-----gattttttacacctaagaaagcaatattttttctagaataATAATTACATTACTttttagcaaatggatttaaaatttttatttttaatttaggatgaaaaa-----
U5	-----tatcttgaacacacatcacttattttctcactttttTATAATTACATTAACTttaaaacacaaaaadacataaadaatttcacatttctctacdaaaa-----
U5	-----ttataatgtattttattttttttgtatattccactcctaTATAATTACATTACAGTTtgagttataaaaatttttatttttaatttaggatgaaaaa-----
U5	-----tagacaaaaatgatacaaaaatattctttttacagttttTACAGTTCACACTCTCTtctttcgcaaaatgttaacttaataagaattgacaaactaatgaaaa-----
U5	-----ttctctatcttttttttttttttttttttttttccacACAATTCAATTtaoottocaacatttatatttttttaataaodottotaaaa-----
U5	-----gtctcagcaatcagattattgtgattttcttttttttTACAATTACACTACTttcttcaataacttttaacttgattacagctgtgttggttcaactc-----
U5	-----tcacagtaagaatagataaaaatgatttttaaaagttTATAATTACATTACAGTttgtgtcttaacttttatgtttaaggtgcaaatattttatcaaaa-----
U11	-----tttctattttaaatactcctaatttacaatttattttTATGATTACACTTACTGtctotttaaatctctataacttaadttccaaccttaattt-----
U12	-----tgcgagttcatgttttaatttgattttattttttTATAATTACACTCAGTtttaactcatcaagttgtcatataaactgttaaaattctcacaataattc-----

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, OrCPD1). Conserved positions are highlighted in the alignment.