

Merzomyia westermanni

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Tephritoidea > Tephritidae > Merzomyia

Assembly: GCA_949987695.1_idMerWest1.1_genomic

Mer_wes1 | OX465291.1:9664697-9665633 (+) | 937 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 3.5e-16

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 4nt Trailing-T: 7nt PSE: 0.94

GGGCGGCTGGTATTCACAGTACGCAACGGTTGGACACAACCCGTTACAAAAATGTGCCACTTAACCTAACTATAAATGAAATAACTGGATTACCGAACAACAGAACTGGGAAGCAGATTAAAAAGTGAATTTAACATACATACATACGTTCC
AAATGCAAACTTCGTCAAACTAAAAATGGAAAAAATGATTTACAGCACAAACACACACAGAAAGCAAAAAATGACAAAAATTAATCTGACTTTTAAAGCAAAAAATCTCTCTCTCATACAAAAAGCCAACAAAACTATTAAATGAAAAACAGAA
CAACAAABATTAAATTTGCGAATAACATAAATAGCGAACAATATCAGATTTTAATCAGATGCAAAAAATAAATAAATAACBGTCAACAAAAAGTACGCAACAAAAATATCAGGAAAAAAGCATAACTAACTCTCTAGTCAAAATCGCATTC
GTGTGTCGCCGTTTGTATTAACGAAAGTCAGATACGCTGTGTGCTTTGGCGGTAGCAGCAACCACTACTGCAAAATACAAATAGCAGGCGCTTGATCTTAAGCGCAACCAATAAAGATGACACACACACACTACTTAACCAAGCTGT
AGATATATGAACAGACCTGGATTTTGTGGGGTGGCGTGGGGTATATATGGAGTTGTTCACAAAAATGTGGGTAAAAAAGCAGTGCCTTCATGTGCGATACAAAAACGTCGAAAGCAGCGGCGCTATGGATCTGCAAAATTAATAAACC
AATAGATGTTTGAATAAAATTCAGCAAAATGAAAAATGAAAAATACCAACTACCAACTAAAAATGGCAAAATAAAAATTAATACTACTAAATCAAAAAAACAACAAAAAATCTGCAGCAGAAATTCAGAGAAAAATATAAAAATATACTCGGT
AACTGCCGGAATACAACTGGTATCGCCCTTTTTTTT

```
Mer_wes1      -----ttgaaatggaattttcattgccctgcaagttattgcAAATTTGCAAGTGCCTTTTCgtagaacgcagcataaattaggacttcccagctgactgcatgca-----
RNase_MRP    -----ttaacacacaaacacctcataAATTCGCAGAAAGCATTTTCctacacattaataaatactattccctotaactatttaaatgaggtcggcacttaatt
U6           -----aatagtattttctgtaagcttcatataatttgtatcatAATTCGTAGGTACTTTTTGcctttcacacaagtcacaaatcacgtgtttgaagttttactttt
U6atac       -----tttcattgcatttttatggttattgctttattatcatAATTCCTTAGATGCTTTTTGctaaagcgatcagttataaaatcaaaccttactcacttcacttt
U1           -----aaactctgaatataattttttttttatgattatAATTCCTTAGATGCTTTTTGcaaaatgattcaatataaafcccatgaatttaatttccacctt
U1           -----tttttccctgtcttttaagaataaccacaatccgctttataAATTCCTCAAACAGTTGATGaaaaattgtatacagtagatcgattttgctgattgaaagc
U1           -----tttcggttcgtctgtaccctcacatgatccttccaattataAGTTCCTCAATTGTGTTATgaacgatcaatttaagtacctttgatttgactggtgaaagc
U1           -----tcttgccttaacaattttccccaagaatctcgcttctaaAATTCCTCAAACACATTTTTGcgtttattttcttaattgcttttcatttgcccgctagaagc
U1           -----tttcttttaccacctcccaagadactccadatcactadtaaaAATTCCTCAGTGCATTCAdaaaattaaattaaaaaatttctatttttttccaac
U1           -----aatttcgtttgggctttttcgtatttcttctgttcagctgcAATTCGCAACTATTTTCGTAAAAattgctattgaagtatttgccttttgcctgaaagc
U1           -----atttcgttcacttctgtgaaagattgtttgcaattgaattgaAATTCCTCATTGCGCTCAGTCTgtagccattgaatagtttgcctgagctgggaaagc
U1           -----gataaatttacttatttcttcatttaagctaatgtcattcAATTCCTCAGCCACTTTAGTatacttccattgaataaattcaattattgaattgaattgaagc
U1           -----tttcggttcacacaaacgcaagcatatcctttttccagcACTTCCTCAACCATTTTTTGaatgaattgccttaagtacctttgatttgattggttcgaagc
U1           -----tgtcatttatcgtcaaatcacatgtacatcctttttcgtgaAATTCCTCAACTACTTCATGagtgatcaacttaagtaacctttgatttgaccgctagaagc
U1           -----tttcctctcctcctcctgaattctcacttaacAATTCCTCAACCACATTTTTGatttattcacccctaattattttgaaatgaacttgaagc
U1           -----tttcacatcaaccccaattgcgcacaaacccctttgcggtgcAATTCCTCAACTACTTCATGagtgatcaacttaagtaacctttgatttgagcgttagaagc
U2           -----ttcgttgggtggccgattttgcagagagaggtcttttttgAATTCCTCAACATTTTTATAacttttttaaaattaaagaatcagttatttgcgttttaaggtt
U2           -----tttccttgaattcgaatttgaattgaattgataagctcatttgAATTCCTCAGCTTATTTTATAactttttgcaacttaagtaatacactttttatgcttgaatttt
U2           -----tttcggttcgaataaattatttcaattatatttaattgaacAATTCCTCAACCACATTTTATatgcttttttcgagaattttataaaattttcgtgttaatt
U3           -----aattctatcccttttttaattatctaaaaattttaotttCACTTCCTCAATAACTTAATAAaatotttaaccttttaataaattatatttttaaaacctt
U3           -----tttttggttttttacttcgatcgcatatttcgctcctgAATTCCTCAGTCATTTTATGaatagttacgttgaataatcttctcagttatcgtttaaagtt
U3           -----cgtaaaattttatcttgcgcacattcttatttcttgcACTTCCTCAACATTTTTATcaagacttatttgaagtaaccttctacgtgttttaaatttg
U4           -----tttcatttcttcacatttatttttttttttttttttAATTCCTCAACGTTTTTATAattgaacatatgaataatgaatttttaccactatttctt
U4           -----tacctttgcttccgcacactgcagcgatcatctcatcAATTCCTTAACACTATTATAaatgtttgcaatttaatacacatttttttaattggttaaaatt
U4atac       tgcgcatcttcatttctgtttgttagtacctcactagcagcagcAATTCCTTAACACTTTATAacaacacagataaagtattcttccctcccgctacacactc
U4atac       ttcgatcttctatttcttttttttaattacctcactaacacacacAATTCCTTAACACTTTATAacaacacacataaattcttcttccctcccgctacacactc
U5           ttttcgaaattcattcaatcattcgtataccagcttctggaAATTCCTCAGCTATTTTCATTacccttaaaacttaagtgaaatttttgcctttgcagaa
U11          tgcattcatgcttggcctatttatgagcgttgcgctcataAATTCCTCAACTATTTTCATTaaactttagtatttgcatctttgatgctgtgtgtcaattc
```

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.