

Orthonevra nobilis

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

Assembly: GCA_963555765.1_idOrtNobi1.1_genomic

Ort_nob1 | OY743225.1:107889332-107889474 (+) | 143 nt | lncRNA:noe consensus e-value: NA

5' motif: GCGGT 3' motif: ATCGC Internal max. Poly-T: 2nt Trailing-T: 5nt PSE: 0.78

GGC6GTCTGGTGTCTCACAATTATACGGGTGATCACATTCCCAATTGTGAAATATATAGAAAGAAATCCGGTCTTATTGCTGTACGCGTGGAAAGACCCGCAACATAAAAATGATGAGATCGACGTTGATCGCCACTTTTT

Ort_nob1	-----tttactatttgcatacaactaaattttcgataaaaTATAATTCTAAGACTTTttgcacctcagagcagataaacgatgtagcaatgtcgaaggtgatcc-----
RNase_MRP	-----atgaattcttattttttcattaaaTCTAATTCACAGTAACTTttcccaacttcccaacctataadcaagccaatccatgaatttgggtggagtt-----
U6	-----atatatagatgacgtcacaaattattttgtaaaGTCAATTTCACAGTATCTTTttcgtctgtcgtgtgtagaagtataaaagaaaaaacacacaaattt-----
U6	-----aaatttttttgcgacatcgtgggttttttttccatAAAAATTCACAGTATTTtttgcattggactgtgataagtatacaattggatgatacaccttt-----
tRNAsec	---ttaactacttgaattcttgaacttcttctccttaTATAATTCCAGAAATCTtttcttcccttttcatcatcaaatcgtttacgaactttttt-----
U1	---gacgaataaaaaatgcataatatttttcataatccctataACAATTCACATTTCAGTCTttgcagtaaaatcttagaagacccacccgagagcgaggaaaaagc-----
U1	---ctagagatcatcctctggaaaaatgtagcactatcgtATGATTTCACATTCAGTCTttggcagtgaaattgtttaagggctcaattgtttcgggaaaaagc-----
U1	---caacaacaacaacatgaatttatttaacttccctTATGATTTCACAATTCACCTcgaacagaaaaatcaactaacaataaccotttaacacataatcc-----
U1	---ttttcatatgctgtgtacatatatttttcacagaaaaTACAATTCACAGTTAGCTcttgcaggaatagtgaacaagacgtcggccgtttgcagaagaaaaagc-----
U1	---atgagtggaaattgcatacctttttgagtttccctttTACAATTCACATTCAGTCTcgttagaaaaaggacataaaacgctcttcaagaacgaaataaaagc-----
U1	---acatgaatttttctctcagaagatttctcctcgtttTATAATTCACAGATGCTctgttctcctcctcctacataaagaaatcactttgaaacataatgaagc-----
U1	---ctgcatttcattttcaattgcttcccttttttttctgtTACAATTCACAATTCAGTCTcgtgtgttaaagtgcacaagagctcagtcgataagggcgaagaaagc-----
U2	---ctcacaaatgcagcattgttttctctcagagactctataTATAATTCACAGGCACTTactgcaaggttaacgttaagagagacttaactgtcctctacagtt-----
U2	---cctagtcctccctaacagagtttctcagacagtttctgtTATAATTCACAGCCACTTcgtgacgagaatgttcaagaaggaatcaactcactcatcgaattt-----
U2	---acaacaactaacacacacatttttttccacaaacatAATAATTCACAGCTACTTtctcctcttctccttattttataatadaaaccccccototttaadt-----
U2	---tgcggaaaaacgaaaacctcaaaatttaccattcgtttTATAATTCACATTCACATTCAGTCTggtttgaaaaatttacaagcgaacaaagcgggtggcgaacgtt-----
U3	---tctgttttaactgtatgtatttcttatttaccgtTATAATTCACAGATGCTctgcagacaaattctatgagacagtagcnaagcggaatgaatatt-----
U3	---ataccccccttaaaataactttatcatttgaacttTATAATTCACAGTTGCTTgaacacataaaattcnaattaaacacacaaatgaagacacccaacattt-----
U3	---gacgcaagagtgaaagtattttatcattgacttTATAATTCACAGTTGCTTgcccagacaaatttttcttaagagcagttgagagcactgttagatt-----
U4	---gtatgcacagttttttgatacacatgttccattttcTATAATTCACAGGCCACTTctgttaatagaatcttaagtgaacttaagaacaaagtgccgtt-----
U4	---tttaatttttctcttattattcattttacatttaccTGTAAATTCACAGCTACTTttgcacaaatattatttaadgaattdaacctacacaaatgaatt-----
U4	---atgctcaccctctcgatttgaatttttacactcaacgtTATAATTCACATTCAGTCTtaagcagacgatttttaagaatgaagaatcagtcgttagtttagtt-----
U4atac	gttattttttacttgaataatgaactgaataattacacccaTACGATTTCACATTTCAGTCTggttagttttccagtaagttgaanaattgattccagactcg-----
U5	---tatatatatccacatcatttctcaccctttcactcaattTACAGTTTCACATTCAGTCTtatcagaaaaacttaatttaaaaaatttcaatttcttgaataat-----
U5	---cacaaattgtttatccctttttagtttccattcgcattggTATAATTCACAGTTCAGTCTcagtcatagaacacataagcaattgtgtttcaggggtgttctg-----
U11	---ttcttcgacccctggcacaacatgacgcctccgttccTATAATTCACATTCAGTCTtctgttcgacttgaatgaggagaagttccgagttggacgcccaat-----

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.