

Pegoplata infirma

Taxonomic lineage: Brachycera > Muscomorpha > Muscoidea > Anthomyiidae > Pegoplatra

Assembly: GCA_963921195.1_idPegInfi2.1_genomic

Peg_infi1 | OY992536.1:266028083-266028346 (+) | 264 nt | lncRNA: noe consensus e-value: 3.8e-04

5' motif: GCGGT 3' motif: ACCGC Internal max. Poly-T: 3nt Trailing-T: 7nt PSE: 1.00

GGC GG TTT ATG ATC TCT ACATT GAAA GGG TGT T CACAT TTT CCCG TAACA AAT GTG ATATT T GAAAA TTT CAT CAA GTC TTAAC GACAT GCC AAAAA TAACA AAT GAAAT AAAAT TCT CTCT TAAACA AAAAC CAAAAAT GAAAAA AAG
AAT TCCAAC TAAAAAT ATTCT AATT CTCT TAAAT GACT TCT CAAAAT GTGCT TTAAC GAGCCCAAT TAA TAAAA GTTGG AGAT CAAT AAAAG GTTGT AACCG CCA TTTTTT

```
Peg_infi1      -----TcaatdcttcttttacccttaacatcacatcattttATAATTCTCATTTTCTTTTcccttaacttacttcttatatatadaaaccttttaaaatctctcttcttc-
U6            -----cttttaattgtaaatcttgaaaacattagctctctTATAGTTCTCATTTTCTTTTtagttaaagttaaatacatataggtttgataaacattcaacttt-
U6            -----cacattattgtcaatcaccctccataaacacatgttGTAGTTCTCATTTTCTTTTtagttaaacttttaataaataagcttcttataaacttttaacttt-
U6            -----tattcatatttctttatatttctctattcattTATAATTCTCATTTTCTTTTtagttatcacacacatcaaaatagcttatttatacatagaactt-
U6            -----aaaaatcacagaaaaaatcacagaaatttatcttTATAGTTCTCATTTTCTTTTtagttaaagttaaatacatataggtttgagaaataatgaactt-
U6            -----tgtttgttgaaattctatttttagggcattaaaaatTATAATTCTCATTTTCTTTTtaaacatttgttagtataagttacacaaataaaaattcaacatc-
U6            -----acfoatcaatctcaaaaaataaaaaattttTATAATTCTCATTTTCTTTTtaotttaataaaoottatatatacaaaaactodcaataatootgaga-
U6            -----atttfaaactctcaacacagtatatttctgttttgacatGTCAATTCTCATTTAGTTTGTattttagctgaacataagaggttagttgttctgctgagdaaagc-
U6            -----tttcagagaagtgcatagagaataattttatatttaattTAAAAATCTCATTTTGAATATatttctttaaataaagtagtttagtttgagctaaccaaac-
U6            -----tttcagaaaaatttaacacacacttttttattattatCGAAAGTTCTCATTTAGTTTATtttattttdaacdaaaatagtttaatttaactgacacaaagc-
U6            -----aataaacacagtcgtttgaaatctttttatttaacataTATAATTCTCATTTAGTTTATcttttctgaacacaaatagtttagtttgagctaaccaaac-
U6            -----atttctgtttatatctctttgaaatatatcttgcgcGTAGTTTCTCATTTAGTTTGAaaaaatttagaatttaaaatagtttagtttgctgtgctgcaaac-
U6            -----tattttaaagattttgaaatggcactcttgcacgttttCAAAATCTCATTTAGTTTAAaaaaacccctgaacttaagtagtttagtttgagctagcaaac-
U6            -----totttcttcatctaotcacacacacatattcctctctcTACATTCTCATTTAGTTTACaaatctcttcaataaaatagtttaotttctctcctcaaaaac-
U6            -----tttttttaagatttttaaaactaaacttttctattcattTATATTCTCATTTAGTTTGTtttgaccttgacctaaagtagtttagtttgagctgagaaaaagc-
U6            -----tattttaaagatttttaaaacacactcttgacataattTCAAAATCTCATTTAGTTTGTtttgaccttgacctaaagtagtttagtttgagctgagaaaaagc-
U6            -----ttcatttaattcttttaacactctctatttaacaaactcTAAATTCCTCATTTGGGTTTAtttaattattgtatcttaaaatttagtttaaacatgaaaaac-
U6            -----tatattctcttttaaacctgagttgtcatttaacatataAAAAATCTCAGTTGGTTTAtttaatttccgtataaacagtagtttagtttgagatgagaaaaagc-
U6            -----caaatfaagaaaaacagtttaataataatttgcacatcTAAAAATCTCATTTGGTTTActtctactttcatataactagtttagtttgagatgagaaaaagc-
U6            -----ttttttcacacaattotataaadaatcattttataatTACAAATCTCATTTTGAATAtttttacttttaacataaataatttaotttctctcctcaaaaac-
U6            -----cactattctggcagctgtatttctttaaatttttgaCACAATTCCTCATTTGAATGTAAaatctcaaaaaggatagttatttagtttggtcattggttttagtt-
U6            -----gttgatatttttttagaattcttgcaaatatttctgtCATTTATCTCATTTAGTTTATAaaatgcagaaagatatttttagtttggtcattggttttagtt-
U6            -----atatataaaactcaaatcaccacacattcctcaaaTATAATTCCTCATTTAGTTTATattattttactcttcaaaaacctaatttctcattggttttagtt-
U6            -----actatttgaagttcaattttttttttttttttttgaCATAATTCCTCATTTGAATGTAAaatcttgaaagatattgtatttttagtttggtctggttttagtt-
U6            -----tttcctgtgattacagcaaccaccccttttttttaattctTTAATTCCTCGCTGAGTTTAAAAatttctgacataaagtagtttagtttagtttagtttagtt-
U6            -----tttttataataaatttttttcttttadaactctctcTAAAAATTCCTCATTTGAATTTAAAAacttatodaataaattttcaottttdccataatttcaott-
U6            -----taataaaacacgtacacatatatgggtgttatttctTTAAATTTCTCATTTTCTTTTtttgaaaatggtttgacataaattctcattgaaatgcaaaaactctt-
U6            -----tttcgttggaacaaagccactctcttttttttaattctTTAATTCCTCGCTGAGTTTAAAAatttctgacataaactgtagtttggtttagtttagtt-
U6            -----ttattcttaattcaattacottaacactctattttattctcTGAATTCCTCATTTAGTTTCTATTtatttttaataataagtttagttttdctatgaaaaatt-
U6            -----tattatagtttttatttcttctgtctattttattatTGAATTCCTCATTTAGTTTAAatttagcttatatttaaaaggttagttttagtttagtttagtttagtt-
U6            -----gttagtttagccttaataaacacccctaattcaacgttAGTAATTCCTCAATGAGTTGTacgtctttatatataaagattttaaagtttgcatggtctaatc-
U4            -----gttctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctct-
U4            -----ttgctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctctct-
U5            -----aaactgcctaaagaaacttagtgatcgttaattgtttacCGTAATTCCTCATTTAAGTTTGAcaaatgttgatattgttagtttagtttggtgagtaactg-
U5            -----aaactcctaaataaacacttagtaaaccttaactctCCCTAATTCCTTAGTTAGTTTGAaaatcctttcccatataaatttaatttttcaatttattct-
U5            -----ttttcttttagtacacacttagcttctttactaaactctGATAATTCCTCATTTAGTTTGAatttttttcatatctaatgttagttttagctgacgttcaaa-
U5            -----aaactccttttaaacactttgtgtatcgtttaactcttGCTGATTCTCATTTAGTTTGAatttttttcatatctaatgttagttttagctgacgttcaaa-
U12           -----ttctttttacgcgccacatgctgagtaaatgatatgaatAGTAATTCCTTAATAGATTAAAAaaattcatttaagtagaatagtttgcgcttcaaaaattc-
```

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.