

Predicted structure

	PASS/FAIL
crit.star	1
crit.loop	0
crit.mor	0
crit.half	0
crit.total	1
crit.pairing	1
crit.top3	1
crit.tptop3	1
crit.uri	1
crit.back	0
rescue.total	1
rescue.dominant	1
rescue.known	0
rescue.confident	1
rescue.candidate	1

crit.mor	0
crit.half	0
crit.total	1
crit.pairing	1
crit.top3	1
crit.tptop3	1
crit.uri	1
crit.back	1
rescue.total	1
rescue.dominant	1
rescue.known	0
rescue.confident	1
rescue.candidate	1

Predicted structure

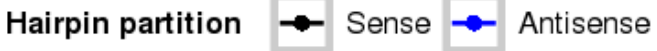
Predicted structure



Flybase annotation

Sense Strand Reads

hide 3p reads show mid mismatch reads



Anti-sense strand reads

Show Alignment With Reads

Species	Coordinate	ID	Alignment
---------	------------	----	-----------

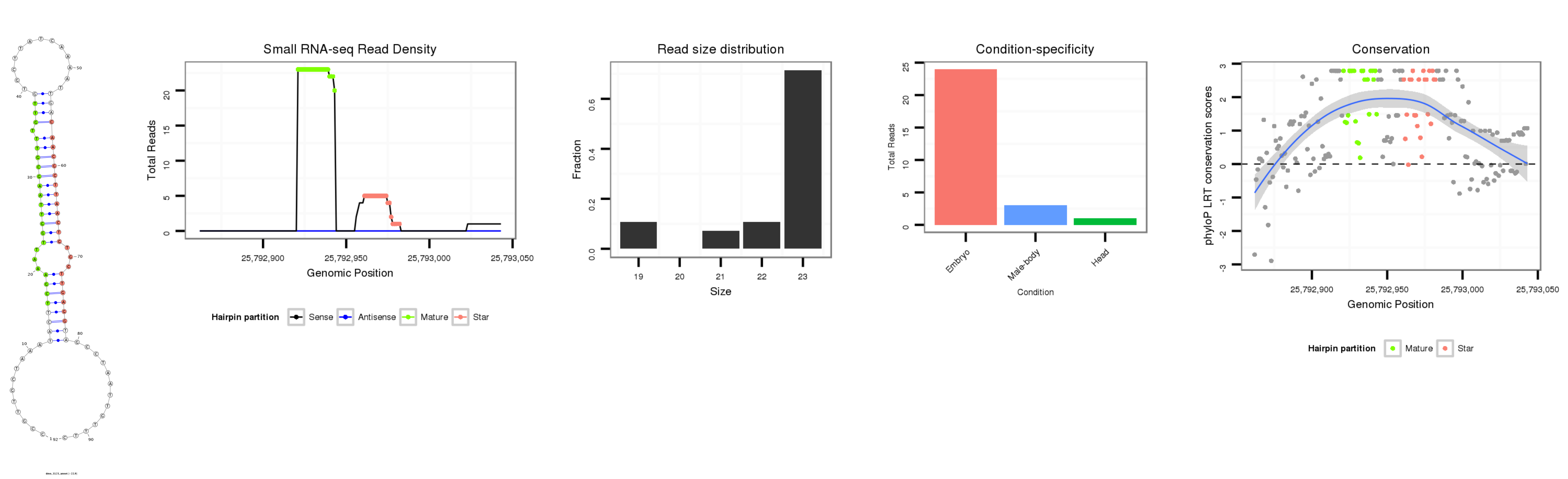
Generated: 09/08/2015 at 08:00 PM

	PASS/FAIL
crit.star	1
crit.loop	0
crit.mor	0
crit.half	0
crit.total	1
crit.pairing	1
crit.tptp1	0
crit.tptp3	0
crit.ari	1
crit.back	1
rescue.total	1
rescue.dominant	1
rescue.known	0
rescue.confident	1
rescue.candidate	1

ID:	Coordinate:	Confidence:	Class:	Genomic Locale:	
dmo_3123	scaffold_6540:25792912-25792993 +	candidate-rescued	Canonical miRNA	antisense_to_intron	[View on UCSC Genome Browser (Cornell Mirror)]

Legend: ■ mature ■ star ■ mismatch in alignment ■ mismatch in read

Predicted structure



Show Alternate Folds

Flybase annotation

Antisense to intron [Dmo]GI22407-in]

No Repeatable elements found

Sense Strand Reads

hide 3p reads show mid mismatch reads

	Read # size	Mismatch	Hit Count	Total Norm	Total	M060 embryo	V110 male body	V041 embryo body	V056 head	V049 head
TAGGTGTCACGTGTATGTAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTACCGTTGCTAAATACTTCGAAATTGGTTAAGCGTTTGTGTGCTTATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCCTAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATGGAGTGTGTGT	23	0	1	20.00	20	17	1	1	1	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	22	0	1	2.00	2	0	2	0	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	19	0	1	1.00	1	1	0	0	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	21	0	1	1.00	1	1	0	0	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	22	0	1	1.00	1	1	0	0	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	19	0	1	1.00	1	0	0	1	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	23	1	1	1.00	1	1	0	0	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	24	1	1	1.00	1	1	0	0	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	21	1	1	1.00	1	1	0	0	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	21	0	1	1.00	1	1	0	0	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	21	0	1	1.00	1	1	0	0	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTTTGT	28	1	1	1.00	1	1	0	0	0	0
TCGAAATTGGTTAAGCGTT	19	0	1	1.00	1	1	0	0	0	0

Anti-sense strand reads

	Read # size	Mismatch	Hit Count	Total Norm	Total	M046 female body
ATCCACAGATGCACATACACTCACACACACACAAACACACATGGCAACGATTTATGAGCTTTTAACCAATTTCGCAACACACACGAATAGTTTAACTGTTGCGAATTGACACGAACCTCCATCGGATTAACAAAGTTGTTGGAAGGGCGGCTCAACACGTACACGCTGTACCTCACACACA						

Show Alignment With Reads

Re-alignment of all predicted orthologs

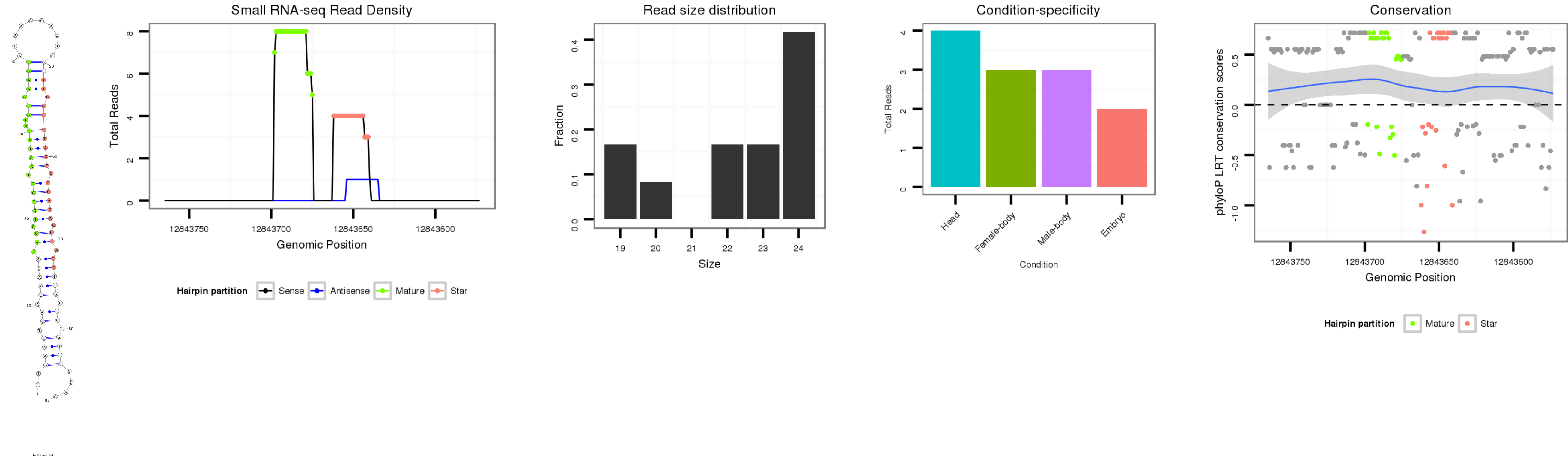
Species	Coordinate	ID	Alignment
droMoJ3	scaffold_6540:25792862-25793043 +	dmo_3123	TAGGTGTCACG-----TGT--A-----TGTGAGTGTGTGT--G-----TGT-----TT-----GT-----GTGTACCGTTGCTAAATACTTCGAAATTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droVir3	scaffold_12855:6808851-6808987 -	dvi_24643	TGTC---CG-----n---GGGTG---G-----G-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droGri2	scaffold_14906:2963104-2963260 -	dgr_468	A-TG-----TGTTGTCGA--G-----G-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droW112	scf71180000396712:683526-683665 +		TGTC---TGTA-----TGCTGTTTC---T-----G-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
dp5	2:21156541-21156731 -	dps_3835	AGTC---TA-----TCTGCATGCTGTCACCGTATC---G-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droPer2	scaffold_133931038-3931234 -	dpe_2496	TGTC---TGATGTA-----TCTGCATGCTGTCACCGTATC---G-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droAna3	scaffold_13340:3669042-3669181 -		TATCTCTTTTCTG---G-----G-----CCATCCGTGTGTGTCTG---TGT-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droBip1	scf7180000396712:683526-683665 +		TATTA---TCTC-----TGCTTTTCTG---G-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droK1k1	scf7180000302639:1624797-1624947 +		TGCGCTTTTCTC-----TGCACTGCTG---G-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droF1c1	scf7180000454055:1329879-1330020 -		GATG-----G-----TCCGATGCTG---G-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droE1e1	scf7180000491280:3121561-3121702 -		TGTC-----TGTTGTCG---G-----TGTATCTGTGTGCA---G-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droRho1	scf7180000779501:512619-512746 +		G-----G-----TATCCGTAC---G-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droB1a1	scf7180000302136:2259480-2259622 -		TG-----G-----TATGCT---G-----TG-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droTak1	scf7180000415257:293365-293501 -		G-TG---nGTG-----nGTGTATGCT---G-----TGTAT-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droEug1	scf7180000409798:1138165-1138315 +		TGCG---CAGCTG-----TATGTATGCT---G-----TG-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
dm3	chr3R:21413247-21413386 -	dme_166	TGCG-----TCTGTATGCT---G-----TG-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droSim2	3r:20925642-20925780 -	dsl_32434	G-CG-----TCTGTATGCT---G-----TG-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droSec2	scaffold_13:201192-201331 -	dse_150	TGCG-----TCTGTATGCT---G-----TG-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droYak3	5R:25065943-25066090 +	dya_62	TGCGTGATGCG-----TGCGTATGCT---G-----TG-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT
droEre2	scaffold_4820:6629149-6629304 +		CAGCTGTGCGCTGTATGCTGTGTGTGCT---G-----TG-----G-----G-----G-----GTGTGCTTTTCTAAATACCTGAATTTGGTTAAGCGTTTGTGTGCT---TATCAAAATTGACAACGCTTAACTGTGCTTGAGGTAGCC--TAATTGTTTCAACAAGCTTCCGCCGAGTTGTGCATGTGCGACATG---GAGTGTGTGT

Generated: 09/08/2015 at 08:00 PM

	PASS/FAIL
crit.star	0
crit.loop	0
crit.mor	0
crit.half	0
crit.total	0
crit.pairing	1
crit.top3	1
crit.top3p3	0
crit.uri	0
crit.back	1
rescue.total	1
rescue.dominant	1
rescue.known	0
rescue.confident	1
rescue.candidate	8

Legend: mature star mismatch in alignment mismatch in read

Predicted structure



Show Alternate Folds

Flybase annotation

intergenic

No Repeatable elements found

Sense Strand Reads

hide 3p reads show mid mismatch reads

[illegible]

Anti-sense strand reads

[illegible]

Show Alignment With Reads

Re-alignment of all predicted orthologs

Species	Coordinate	ID	Alignment
droMoj3	scaffold_6680:12843573-12843765_-	dmo_3130	CCTA-CATATCAGTAAAGAAACAAACAGCCTTATTATATTTCACATGAACTTTGAACCTCAACAAGAAGAGCTGTGGAGCTAGATGCGAAGCATAAGCAC-----TCGCATTGGCCTAGCCTCACACCTATTTCGCTGTGTTCCAGCTCCGTT--TTATTATTAGCTT--CAACTTGTTTACTTTCTGATACAGCCTCAGTAT
droVir3	scaffold_13049:14445189-14445317_+	dvi_65	C-----PATTGAACCTCAACAATAGAGCTGTGGAGCTAGCTGTAAGCATTAGC-TTGGATTGTGCCAGCTGCTTCACACGTTATGTTGACGTTCCAGCTCGTCTTTATGGAATTTGGCCAA-----TTCTTT-----
droGr12	scaffold_15110:15768979-15769127_-		CATATCATATGAGAGGTTAAGCAA-CACTATTAT-----GAGTGAACCTTGAAATTCAGAAATAGCTGAAGCAGTAGCAT-----ATCTGCACAGCTTGCTTCACACGTTATTTGATGTAACCGGCTC-----ACATACCTGCAATTTGAT--GATTCATAT

PASS/FAIL	
Comment: 1.0 crit star	0.15 + 0.000 h m

```
Generated: 09/08/2015 at 08:00 PM
crit.loop      0
crit.mor       0
crit.half      0
crit.total     0
crit.pairing   1
crit.top3      1
crit.tptop3    1
crit.uri       0
crit.back      1
rescue.total   1
rescue.dominant 1
rescue.known   0
rescue.confident 1
rescue.candidate 1
```