dps_22 Complete Alignment

Supplementary Figure S21: Examples of mirtrons with atypical emergence and decay patterns. Expression profiles and mirtron alignments are shown per example to highlight the non-clade specificity of mirtron presence.

Mohamed et al
Supplementary Figure S21

dvi_400 Complete Alignment

Species	Name	Confidence	Read alignment	Confidence Notes
droVir3	dvi_400	confident	CTGCACCTCATCACTCACCAAGTAAGT----AGA----------G---AGAGAT------CTAT----------ATTCGATTAAACTAG---TAGTTTATATGGTTT---CTCTCTGCCAGGTGCCATCAGCTGTTTGTCAACTAT ..((((((....(((.....)))..((----(((----------(---(((((.------((((----------((..(((((.....---))))))..)))))))))---)))))))).)))))).....	
			Size Hits Total Norm Total Norm RPM .....TATATGGTTT---CTCTCTGCCAGG..... 22 1 272.00 1.98 .....TATATGGTTT---CTCTCTGCCAGG..... 22 1 40.00 0.48 .....TATATGGTTT---CTCTCTGCCA..... 20 1 38.00 0.65 .....TATATGGTTT---CTCTCTGCCAG..... 21 1 18.00 0.37 .....GTAAGT---AGA----------G---AGAGAT------CTAT----------AT..... 22 1 4.00 0.33 .....GTAAGT---AGA----------G---AGAGAT------CTAT----------A..... 21 1 3.00 0.35 .....TATATGGTTT---CTCTCTGCCAGG..... 22 1 3.00 0.40 .....TTATATGGTTT---CTCTCTGCCA..... 21 1 2.00 0.33 .....TTATATGGTTT---CTCTCTGCCAG..... 22 1 2.00 0.73 .....TATATGGTTT---CTCTCTGCCAG..... 22 1 2.00 0.56 .....GTAAGT---AGA----------G---AGAGAT------CT..... 18 1 2.00 0.73 .....GTAAGT---AGA----------G---AGAGAT------CTAT----------ATT..... 23 1 2.00 0.36 .....TATATGGTTT---CTCTCTGCCATT..... 22 1 1.00 0.29 .....TATGGTTT---CTCTCTGCCAG..... 20 1 1.00 0.36 .....GT---AGA----------G---AGAGAT------CTAT----------ATTCGA..... 22 1 1.00 0.26 .....TATATGGTTT---CTCTCTGCCAGTA..... 23 1 1.00 0.26 .....TATATGGTTT---CTCTCTGCCACT..... 22 1 1.00 0.36 .....GTAAGT---AGA----------G---AGAGAT------CTAT----------..... 20 1 1.00 0.58 .....ATATGGTTT---CTCTCTGCCA..... 19 1 1.00 0.03 .....GTAAGT---AGA----------G---AGAGAT------CTA..... 19 1 1.00 0.94 Total 396.00 2.81	
droMoj3		FALSE	CTGCACCTCATCACTCACCAAGTAAGT----AGA-CTT----------A---ATCACCATATATACAAT----------ATTTGATT-------CTTGA--CA----AA-TTTG-AGTGACCAGGTGCCATCAGTTGTTGTCAACTAT .....((----((----.----------.---.....((((((----------(.(((((.-------((((.(--(.---(((.....)))..)).))))....)))))).))))))))...)))) No Reads	Size Hits Total Norm Total Norm RPM
droGri2		FALSE	CTGCACCTCATCACTCACAAAGTAAGT----AGA--ACTAATCCTTTACCAAATCATTAAATG---AGA--T---TCGTAAAA-AATCCATCACCAATCATTTAAATGAAATTACCAATAATCCCAATATT-------------------CTGA-CAA-CAGGTGCCATCAGTTGTTTGTCAACTAT ..((((((.....((----((--(.....)))))....((((((((((---(..--.---.....-.....)))))).))))).....	Size Hits Total Norm Total Norm RPM
droWil2		FALSE	TTGCACCTCATCACTCACCAAGTACGT----TCAGCTAAAGTA---C----------C--G---------ATAA-CAAT----------TTCTCT--AATTTACTTGG--CG----A-CTCTTTTTTCTTAGGTGCCATCAGTTGTTTGTCAACTAT .....((((..-----.(((((...(((----(----------(--(-----------(.....((((((--((.....)))))--.)----)----------.))...))))))....)))))).....))))	Size Hits Total Norm Total Norm RPM
			.....TTGGG--CG----A-CTTCTTTTTTCT..... 21 1 1.00 0.04 Total 1.00 0.04	
dp5		FALSE	CTGCACCTCATCACTCACCAAGTAAGT----GAG-AAC----------A---GTAGGCCTATTGTAATCC----------ATCGATT-------CT-TAT-CCATATCGATTCC-TAT-CTTCCAGGTGCCATCAGTTGTTTGTCAACTAT ((((..((..(((((.((...)).)))----)).-.))----------.---))))((((...(((.....----------(((((((.-------.(-(....)).)))))))..---.-.-.))).))))).....(((((.....))))))..	Size Hits Total Norm Total Norm RPM
			No Reads	
droPer2		FALSE	CTGCACCTCATCACTCACAAGTAAGT----GA--- .....((((((.((...)).)))----))----------	Size Hits Total Norm Total Norm RPM
			No Reads	
droAna3		FALSE	CTGCACCTCATCACTCACCAAGTAAAGCTCTTCAG---AC----------GATAATAG------AA----------GTCCTG---------------AACTAACTCTAAAATTCAGGTGCCATCAGTTGTTTGTCAACTAT ..((((((.....(((.((..((.--------((----------(((.....----------.----------))))))----------)..)).))).-.....-....)))))).....(((((.....))))))..	Size Hits Total Norm Total Norm RPM
			No Reads	
dm3		FALSE	CTGCACATCATCACTCACCAAGTGGGT----A-T----------C--G---ATATGCCTGATTATACCT----------A----------CATACTAACCCTCTTATGTCCAGGTGCCATCAGTTGTTTGTCAACTAT .....((((..-----.-.----------.--(---(((.((((((...(((((----------(----------((((.....))))).....)))))...))))..)))))..))))	Size Hits Total Norm Total Norm RPM
			.....TCACCAAGTGGGT----A-T----------C--G---ATATG..... 22 1 1.00 0.68 .....TACTAACTCCTCTTATGTCCAG..... 22 1 1.00 0.28 Total 2.00 0.40	
droSim2		FALSE	CTGCACCTCATCACTCACCAAGTGAGT----GTT----------T--G---ATATGCCTGATTATACCT----------A----------CATACTAACCCTCTTA-TCCCAGGTGCCATCAGTTGTTTGTCAACTAT ..((((((...(((((((...))))))----)..----------.--(---(((((.....)))))).----------.----------.....-....)))))).....(((((.....))))))..	Size Hits Total Norm Total Norm RPM
			.....CATACTAACCCTCTTA-TCCCAG..... 23 1 2.00 0.10 .....A----------CATACTAACCCTCTTA-TCCCAG..... 24 1 2.00 0.14 .....GTGCCATCAGTTGTTTGTC..... 19 1 1.00 0.07 Total 5.00 0.14	
droSec2		FALSE	CTGCACCTCATCACTCACCAAGTGAGT----GCT----------T--G---ATATGCCTGATTATACAT----------AT----------TAACTAATCCTCTTATGTCCAGGTGCCATCAGTTGTTTGTCAACTAT ..((((((.((((..((.(((((...----)))----------)--)---...))..))))...((((----------(.----------.....)))))..)))))).....(((((.....))))))..	Size Hits Total Norm Total Norm RPM
			No Reads	
droYak3	dya_707	candidate-rescued	CTGCACCTCATCACTCACCAAGTGGGT----CCT----------T--G---ATTTGCCTGTTTATACAC----------TTTTGT--------------TGTAATGTTGGTCTTATTCACAGGTGCCATCAGTTGTTTGTCAACTAT ..((((((....((((((...))))))----((.----------.--(---((((((.....----------.))))))..))..)))))).....(((((.....))))))..	Size Hits Total Norm RPM .....TAAATGTTGGTCTTATTCACA..... 21 1 31.00 0.93 .....TAAATGTTGGTCTTATTCACG..... 21 1 2.00 0.34 .....TAAATGTTGGTCTTATTCAC..... 20 1 2.00 0.06 .....TAAATGTTGGTCTTATTCACG..... 21 1 1.00 0.17 Total 36.00 1.08	Candidate because: [MIRTRON STAR OR URI] < 3 star reads, or no loop or uridylated reads Rescued because: [TOTAL-RES] Total reads > 10 [DOM-RES] Dominant reads are conserved in start position (+/- 1nt) [MIRTRON SYNTHENY] At least one other confident or candidate annotation
droEre2		FALSE	CTGCACCTCATCACTCACCAAGTCGGT----CCT----------C--A---GTAGCCTTATTATACAC----------ATTA----------TATACATATTCGCCTTATCCCCAGGTGCCATCAGTTGTTTGTCAACTAT ..((((((.........(((.....)))----...----------.---(---(((.((..((((((((((.----------.))----------)))).))).)..))))...))))))).....(((((.....))))))..	Size Hits Total Norm Total Norm RPM
			No Reads	

Generated: 08/02/2016 at 02:09 AM

dse_121 Complete Alignment

Species	Name	Confidence	Read alignment	Confidence Notes
droSec2	dse_121	confident	GTAACGCCCATGTGGCGCAGCAAACGTGAGTTGAGACTTCC----------TTAGTTAGTATTTATAT--------TCCTAA---GTAA-CCCTCAACGTTGCAGGTTCCGATCTAGTGCCCGGCATCCT Size Hits Total Norm Total Norm RPM .....(((.....(((((((..(((.((.(((((((..((.(----------((((..((((....)))--------).))))---).))-..)))))).....)).)))).....)).)))))).)))..... .....GTGAGTTGAGACTTCC----------TTAGT 21 1 66.00 0.95 .....TAA---GTAA-CCCTCAACGTTGCAGT 23 1 21.00 0.30 .....TAA---GTAA-CCCTCAACGTTGCAG 22 1 6.00 0.12 .....GTGAGTTGAGACTTCC----------TTAG 20 1 3.00 0.16 .....AA---GTAA-CCCTCAACGTTGCAGT 22 1 2.00 0.10 .....GTGAGTTGAGACTTCC----------TTAGT 21 1 2.00 0.11 .....GTGAGTTGAGACTTCC----------TTAGTT 22 1 2.00 0.06 .....TAA---GTAA-CCCTCAACGTTGC 20 1 2.00 0.12 Total 104.00 1.50	
droSim2		FALSE	GTAACGCCCATGTGGCGCAGCAAACGTGAGTTAAGACTTCC----------TTAGTTAGTATTTATAT--------TCCTAT---GTAA-CCCTCAACGTTGCAGGTTCCGATCTAGTGCCCGGCATCCT Size Hits Total Norm Total Norm RPM ....((((.....))))..((((.((((((((((.....)----------))))).....((((((--------....))---))))-..)))..)))))))..(((.(((.....))).)))).. No Reads	
dm3		FALSE	GTAACGCCCATGTGGCGCAGCAAACGTGAGTTGAGACTTCC----------TTGATTAGTATTTATAT--------TCCTAA---GTTA-CCTTCAACGTTGCAGGTTCCGATCTAGTGCCTGGGCATCCT Size Hits Total Norm Total Norm RPM ((..((((.....))))..)).(((((((....(((((..----------..((.((.....)).--------))..))---))).-..))).)))))..((((((.....)))))..... No Reads	
droEre2		FALSE	GTAACGCCCATGTGGCGCAGCAAACGTGAGTTGCGACTTCC----------TTAGCTGTTGTATGCAT--------TCCCAA---GTAA-CCCT---GTTTGCAGGTTCCGATCTAGTGCCCGGAATCCT Size Hits Total Norm Total Norm RPM .((((((.....(((((((((.....)))))))..))).....----------...)).))))..((((.--------.....---.....----.....))))(((((((.....))))))).. No Reads	
droYak3	dya_1168	confident	GTAACGCCCATGTGGCGCAGCAAACGTGAGTTGAGACTTCC----------TTAGCTATTGTATAGCG--------TCCTAA---GTAA-CCCTCAACGCTGCAGGTTCCGATCTAGTGCCCGGAATCCT Size Hits Total Norm Total Norm RPM .....(((.....)))((((((.....((((((..((.(----------((((..((((.....)))--------..))))---).))-..)))))))))))..(((((((.....))))))).. .....GTGAGTTGAGACTTCC----------TTAGC 21 1 66.00 0.79 .....TAA---GTAA-CCCTCAACGCTGCAG 22 1 8.00 0.11 .....TGAGTTGAGACTTCC----------TTAGC 20 1 4.00 0.15 .....GTGAGTTGAGACTTCC----------TTAGCT 22 1 4.00 0.15 .....TAA---GTAA-CCCTCAACGCTGCAGT 23 1 3.00 0.14 .....TAA---GTAA-CCCTCAACGCTGCAGT 23 1 3.00 0.06 .....AA---GTAA-CCCTCAACGCTGCAG 21 1 1.00 0.04 Total 89.00 1.06	
droAna3		FALSE	GTCACGCCCATGTGGCGCAGCAAACGTAAGTCCAGCGCTCCATCGGGAGGGTCTCTAATCAT----------.....GAACTGA----------.....CTATACTTGCTTTTAGGTTCCGATTTAGTACCTGGTATCCT Size Hits Total Norm Total Norm RPM .....((((((.((((.....((....))....)))))))).))).(((..((..((((..----------((..((((----------.....))))..)).))))..)).))..)))..... No Reads	
dp5		FALSE	GTCACGCCCATGTGGCGCAGCAACGTGAGTT----------TTGCGAGTCCTGCTCCATTCCCCGGT----CATAA----GATT------.....CGTCTCAACCTTCCAGCTCCCGATCTAGTGCCTGGGATCCT Size Hits Total Norm Total Norm RPM .....((((((((((....((((...----------)))))....)))).....))----)))))-------)...----------.....((((((((.....))))))))).... No Reads	
droPer2		FALSE	ATCAAGCCCATGTGGCAGCAAAAGTGAGTTCTCTGCA----------TATTTTGGAAACCTTAAAATGTTTATCCT----GTTAA----CCCC------.....CCGTCCTGCCATTAGAAACCGATCTCATTCCCGGGCTGGG Size Hits Total Norm Total Norm RPM .(((.((((..((((((.((((.....)))))..))))(----------(((((((.....)))))))))).....----.....----------...----------.....(((.....)))))).....)))).))). No Reads	
droWil2		FALSE	GTCACGCCCATGTGGCCTAGATAAACGTAAGTTCCGTACTCCAAAGAAATGATTTTGAGTGAT----------.....TTGACCTT----------.....GACTTTATTTATAGCATCCGATTTAGTGCCTGGCATATT Size Hits Total Norm Total Norm RPM ...(((((.....)))))).....(((.(((..(((((.(((((....((((.....)))----------)....)))----------)).(((.....))).....)))))..)))).))). No Reads	
droVir3		FALSE	GTAATACCCATGTGGCACAGCAAACGTGAGTCCCTGGC---AAAGCAGCTAAATCTAATCCT----------TTAGCTGACAAGTGCGC--------TT---------.....TCTTGCAGCTCCGATCTGTGCCTGGGTCTCTT Size Hits Total Norm Total Norm RPM ..(.....(((..(((((((....((.(((((((..((---(...((((((((.....)----------))))))).....)))).---------...----------....)).)))))))..)))).))))..))..) GTAATACCCATGTGGCACAGCA 22 1 1.00 0.03 .....GAGTCGCTGGC---AAAGCAG 18 1 1.00 0.35 Total 2.00 0.06	
droMoj3		FALSE	GTAATACCCATGTGGCGCAGTAAACGTAAGCGAGAGCA---------ATCA----------TTGATTTCCTCTTCTCT--------CCTACTCCAGCA-CTTTCCTCGTTCTAGCCTCTGATCTGTGCCCGGTATTT Size Hits Total Norm Total Norm RPM ..((.....((.(((((((.....(((((.---------....----------.(((.....----------.....-.....)))).....)))))...)))).)))))).....)) No Reads	
droGri2		FALSE	GTGTTGCCCTTGTGGCGCAGCAACGTGAGTTGAAGTCATC----------TATTCCAATAATGCAGTTCTTTAT--TTAC--------AA-TTCTTGAATTTTCAGCTCCCGATCTTGTGCCTGGGCTTCCT Size Hits Total Norm Total Norm RPM .((((((((....)).)))))).((((((((((((.....----------.....((....))).....--....-------..--..)))))))))).((((((.....)))))))))).... .....GTGGCGCAGCAAGCGTGCTG 18 1 1.00 0.03 .....GTGGCGCAGCAAGCGTGCTG 20 12 0.08 0.00 Total 1.08 0.02	

Generated: 08/02/2016 at 02:06 AM

dps_15 Complete Alignment

Species	Name	Confidence	Read alignment	Confidence Notes
dp5	dps_15	confident	ACCTATCATGATCTGGGCCTAAACTGTGAGTACTGTTCTT----------TAAACTGA------AGTAAGCTCCAGTCTTAGAATACGT----------GCTC----------GCACAATGCCACCAGCTTCGCTGGCTTCTT .....(((.....((((((((((((((((.----------...((((.------((....)).))))...))))))).))----------))))----------))))).....)))).((((((..))))).....	Size Hits Total Norm Total Norm RPM 23 1 1524.00 12.39 24 1 440.00 3.49 22 1 425.00 4.71 21 1 288.00 2.58 22 1 239.00 2.33 21 1 138.00 1.35 23 1 84.00 0.82 22 1 78.00 0.66 25 1 70.00 0.79 20 1 38.00 0.42 24 1 34.00 0.43 20 1 30.00 0.38 22 1 25.00 0.29 23 1 23.00 0.26 24 1 22.00 0.25 25 1 20.00 0.24 21 1 18.00 0.17 23 1 17.00 0.19 21 1 16.00 0.24 23 1 13.00 0.15 20 1 13.00 0.14 27 1 10.00 0.13 23 1 8.00 0.11 19 1 7.00 0.10 21 1 7.00 0.10 21 1 6.00 0.09 22 1 6.00 0.08 20 1 5.00 0.06 24 1 5.00 0.07 20 1 5.00 0.07 24 1 5.00 0.07 28 1 4.00 0.05 22 1 4.00 0.06 24 1 4.00 0.05 22 1 4.00 0.05 21 1 4.00 0.06 20 1 3.00 0.04 19 1 3.00 0.04 20 1 3.00 0.04 23 1 3.00 0.04 25 1 3.00 0.04 23 1 2.00 0.03 23 1 2.00 0.03 19 1 2.00 0.03 24 1 2.00 0.03 24 1 2.00 0.03 28 1 2.00 0.03 22 1 2.00 0.03 18 1 2.00 0.03 19 1 1.00 0.02 23 1 1.00 0.02 24 1 1.00 0.16 22 1 1.00 0.02 23 1 1.00 0.13 25 1 1.00 0.02 19 1 1.00 0.02 25 1 1.00 0.02 21 1 1.00 0.02 19 1 1.00 0.02 25 1 1.00 0.16 28 1 1.00 0.02 26 1 1.00 0.08 19 1 1.00 0.02 20 1 1.00 0.02 22 1 1.00 0.11 22 1 1.00 0.02 21 1 1.00 0.08 20 1 1.00 0.02 25 1 1.00 0.08 29 1 1.00 0.02 21 1 1.00 0.02 19 1 1.00 0.02 23 1 1.00 0.02 24 1 1.00 0.02 22 1 1.00 0.02 22 1 1.00 0.02 23 1 1.00 0.02 21 1 1.00 0.02 26 1 1.00 0.28 24 1 1.00 0.02 22 1 1.00 0.02 21 1 1.00 0.13 21 1 1.00 0.02 20 1 1.00 0.28 22 1 1.00 0.02 24 1 1.00 0.02 19 1 1.00 0.02 19 1 1.00 0.02 24 1 1.00 0.02 23 1 1.00 0.02 Total 3711.50 27.33
droPer2	dpo_68	confident	ACCTATCATGATCTGGGCCTAAACTGTGAGTACTGTTCTT----------TAAACTGA------AGTAAGCTCCAGTCTTAGAATACGT----------GCTC----------GCACAATGCCACCAGCTTCGCTGGCTTCTT .....(((.....((((((((((((((((.----------...((((.------((....)).))))...))))))).))----------))))----------))))).....)))).((((((..))))).....	Size Hits Total Norm Total Norm RPM 21 1 453.00 7.00 21 1 145.00 2.24 24 1 128.00 1.98 22 1 113.00 4.19 22 1 83.00 1.28 22 1 56.00 0.87 21 1 40.00 1.01 22 1 28.00 0.76 23 1 27.00 0.54 24 1 25.00 0.78 24 1 25.00 0.46 25 1 10.00 0.22 21 1 10.00 0.44 23 1 7.00 0.18 23 1 6.00 0.15 25 1 6.00 0.20 23 1 6.00 0.17 20 1 6.00 0.22 21 1 4.00 0.20 21 1 4.00 0.20 19 1 4.00 0.10 20 1 3.00 0.11 23 1 3.00 0.15 18 1 3.00 0.09 25 1 3.00 0.15 19 1 3.00 0.11 20 1 3.00 0.24 23 1 3.00 0.17 20 1 3.00 0.06 21 1 3.00 0.62 24 1 2.00 0.06 26 1 2.00 0.09 21 1 2.00 0.10 22 1 2.00 0.10 22 1 2.00 0.08 21 1 2.00 0.42 22 1 1.00 0.05 22 1 1.00 0.05 23 1 1.00 0.05 21 1 1.00 0.08 23 1 1.00 0.05 20 1 1.00 0.05 19 1 1.00 0.05 20 1 1.00 0.05 24 1 1.00 0.05 22 1 1.00 0.05 19 1 1.00 0.05 20 1 1.00 0.08 27 1 1.00 0.05 24 1 1.00 0.05 18 1 1.00 0.05 24 1 1.00 0.08 23 1 1.00 0.08 21 1 1.00 0.04 21 1 1.00 0.21 Total 1240.00 19.15
droWil2		FALSE	ACCTATCATGATCTGGGCCTAAACTGTGAGTACTGTTCTT----------TAAACTGA------AGTAAGCTCCAGTCTTAGAATACGT----------GCTC----------GCACAATGCCACCAGCTTCGCTGGCTTCTT (((((.....)))))....(((((((.....---((.....)).....))))))..))------------------