Table S3. Known miRNA identified in grape inoculation with B.cinerea (TR) and H_2O (CT).

MiR_names are as follows, L-n and R-n means the miRNA_seq (detected) is n base less than the known rep_miRSeq on the left and right side; L+n and R+n means the miRNA_seq (detected) is n base more than known rep_miRSeq in the left and right side; 2ss5TC13TA means 2 substitutions (ss), with T replacing C at position 5 and T replacing A at position 13. The last three letters repesent species of known rep_miRSeq.

family	miR_name	miR_seq	len	genome ID	strand	start	end	pre-miRNA_seq	type	SS	hairpinLen	CG%	dG	mean raw reads (TR)	mean raw reads (CT)
miR156	vvi-miR156b	TGACAGAAGAGAGTGAGCAC	20	chr11	-	7623217	7623319	agagagagacTGACAGAAGAGAGTGAGCACatgcaggcaatttgtataagggtatacctatgccggtgcgTGCTCACCTCTCTTTCTGTCAGCttcaggtgct	5'	.....((..((((((((((((((((((((..((.((((....(((((....)))))...)))).))..))))))).))))).)))))))))..)).......	91	49.50	-47.30	68.00	36.33
	vvi-miR156d-p3	TGCTCACCTCTCTTTCTGTCAGC	23	chr11	-	7623217	7623319	agagagagacTGACAGAAGAGAGTGAGCACatgcaggcaatttgtataagggtatacctatgccggtgcgTGCTCACCTCTCTTTCTGTCAGCttcaggtgct	3'	.....((..((((((((((((((((((((..((.((((....(((((....)))))...)))).))..))))))).))))).)))))))))..)).......	91	49.50	-47.30	177.33	83.00
	vvi-miR156g-p3	GCTCTCTAGACTTCTGTCATC	21	chr17	-	3046324	3046426	ggtgatgttgTTGACAGAAGATAGAGAGCACAgatgatgatgtgcatggagtttgcatctcactcctttgtGCTCTCTAGACTTCTGTCATCacctcagcccc	3'	(((((......((((((((.((((((((((((.(((((..((((.......))))..))).)).)))))))))))))..)))))))))))))........	95	47.60	-49.30	58.00	12.67
	vvi-miR156f	TTGACAGAAGATAGAGAGCAC	21	chr14	+	26463671	26463775	ttatgttctgTTGACAGAAGATAGAGAGCACaactgaacatacccaagagggcttgtgtttgagcagtcttgtCCTCTCTCTTCTCCTGTCAACAgaacttgctg	5'	....((((((((((((.(((.((((((.(((((((..((.((.((((....)))).)).))..))))..))).))))))..))).)))))))))))))......	95	44.80	-45.40	176.00	71.67
	vvi-miR156f-p3	CCTCTCTCTTCTCCTGTCAACA	22	chr14	+	26463671	26463775	ttatgttctgTTGACAGAAGATAGAGAGCACaactgaacatacccaagagggcttgtgtttgagcagtcttgtCCTCTCTCTTCTCCTGTCAACAgaacttgctg	3'	....((((((((((((.(((.((((((.(((((((..((.((.((((....)))).)).))..))))..))).))))))..))).)))))))))))))......	95	44.80	-45.40	21.00	11.33
miR159	vvi-miR159c-p5	AGCTGCTGACTTATGGATCCC	21	chr17	-	2609205	2609394	ttttggagtggagctccttgaagtccaatagagggtcttactgggtagattgAGCTGCTGACTTATGGATCCCacagccctatcccgtcaatggggggcattggataggcttgtggcttgcatatctcaggagctgcattatccaagtttagatccttgTTTGGATTGAAGGGAGCTCTAcacctctctc	5'	....((.((((((((((((..(((((((..((((((((.(((((((((..((((((.((((..((((....(((((..(((((((.(((.......)))...)))))))..)))))....))))..)))).)))).)))))))).)))..))))))))..)))))))..))))))))))))).))......	180	48.90	-89	5246.33	1970.00
	vvi-miR159c	TTTGGATTGAAGGGAGCTCTA	21	chr17	-	2609205	2609394	ttttggagtggagctccttgaagtccaatagagggtcttactgggtagattgAGCTGCTGACTTATGGATCCCacagccctatcccgtcaatggggggcattggataggcttgtggcttgcatatctcaggagctgcattatccaagtttagatccttgTTTGGATTGAAGGGAGCTCTAcacctctctc	3'	....((.((((((((((((..(((((((..((((((((.(((((((((..((((((.((((..((((....(((((..(((((((.(((.......)))...)))))))..)))))....))))..)))).)))).)))))))).)))..))))))))..)))))))..))))))))))))).))......	180	48.90	-89	10279.33	4459.33
miR160	vvi-miR160c_R-2	TGCCTGGCTCCCTGTATGC	19	chr10	+	11745661	11745766	aaatgggttgTGCCTGGCTCCCTGTATGCcacacgtagagaccactccctttcccggattggctatttgcgggtggcgtgcgaggagccaagcatacccaccattc	5'	...((((.(((((.(((((((..(((((((((.((((((..(((.(((.......))).)))...)))))).)))))))))..))))))).)))))))))......	97	57.50	-57.80	12.50	7.00
	vvi-miR160b-p3	GCATGAGGGGAGTCAAGCAGG	21	chr10	+	1222379	1222482	aatattgttctgcctggctccctgaatgccatctaagaagcttgttaaagagtgttgacaaccttcctatttgGCATGAGGGGAGTCAAGCAGGcgaaacactt	3'	....(((.(((((.(((((((((..((((((..((.((((.(((((((......))))))).)))).))..))))))..))))))))).)))))))).......	93	45.20	-46.70	4.00	0.00
	vvi-miR160c_R-2	TGCCTGGCTCCCTGTATGC	19	chr8	+	13017021	13017122	catacttacaTGCCTGGCTCCCTGTATGCcatttgcaaagtccacccgaggattggtagccttcgcggatggcgtgcgaggagccatgcatgcatcttgctt	5'	........(((((.(((((((..(((((((((..((.(((...(((........)))...))).))..)))))))))..))))))).)))))..........	84	54.90	-46.80	12.50	7.00
miR164	vvi-miR164a	TGGAGAAGCAGGGCACGTGCA	21	chr14	-	1414565	1414682	aagctcttgaTGGAGAAGCAGGGCACGTGCAgttcacaaattctaatctgctctgcacgtgcagttcacaaattctaatctgctctgcacgtgctccccttctccaacatgggttcct	5'	.(((((.((.((((((((..((((((((((((..((............((..((((....))))..))............))..))))))))))))..)))))))).)).)))))...	114	49.20	-49.30	35.67	18.33
	vvi-miR164a	TGGAGAAGCAGGGCACGTGCA	21	chr7	-	3287470	3287590	agctccttgtTGGAGAAGCAGGGCACGTGCAgatttgcctcacttttcccccttttttcttctttactcccaccaccgcccacaggcttgcacgtgctccccttctccaacatgggttcct	5'	(((.((.(((((((((((..((((((((((.((......))..................................(((....)))..))))))))))..))))))))))).)))))...	118	54.50	-44.90	35.67	18.33
	vvi-miR164a	TGGAGAAGCAGGGCACGTGCA	21	chr8	+	10080460	10080556	ttgagcaagaTGGAGAAGCAGGGCACGTGCAttactagctcatgcaccacaaaccaataatcttttgctcgagttagactcttgcttgctgctttga	5'	...((((((..((((..(((.......)))....(((((((..(((..................)))..))))))).))))..)))))).......	87	45.40	-24	35.67	18.33
miR166	vvi-miR166h-p5	GGAACGCTGTCTGGTTCGAGA	21	chr5	-	6741188	6741287	aacagttgaggGGAACGCTGTCTGGTTCGAGAccactcgcttcaagtacagacataatctgaatgatcTCGGACCAGGCTTCATTCCCCccaactcaaca	5'	...(((((.((((((....(((((((((((((.((...((.....)).((((.....))))..)).)))))))))))))....)))))).))))).....	92	50.00	-41.40	34.00	7.33
	vvi-miR166a_R+2_1	TCGGACCAGGCTTCATTCCCC	21	chr5	-	6741188	6741287	aacagttgaggGGAACGCTGTCTGGTTCGAGAccactcgcttcaagtacagacataatctgaatgatcTCGGACCAGGCTTCATTCCCCccaactcaaca	3'	...(((((.((((((....(((((((((((((.((...((.....)).((((.....))))..)).)))))))))))))....)))))).))))).....	92	50.00	-41.40	58647.90	41547.86
	vvi-miR166g-p5	GGAATGTTGTCTGGTTCGAGA	21	chr7	-	453858	453957	aacagttgaggGGAATGTTGTCTGGTTCGAGAtccttcgtatgaagctcaagcagcgtttgaatgattTCGGACCAGGCTTCATTCCCCtcaacccaaaa	5'	....(((((((((((((..((((((((((((((((.(((..(((..((....))..)))..))).))))))))))))))))..)))))))))))))......	90	47.00	-55.50	1.67	0.00
	vvi-miR166a_R+2_1	TCGGACCAGGCTTCATTCCCC	21	chr7	-	453858	453957	aacagttgaggGGAATGTTGTCTGGTTCGAGAtccttcgtatgaagctcaagcagcgtttgaatgattTCGGACCAGGCTTCATTCCCCtcaacccaaaa	3'	....(((((((((((((..((((((((((((((((.(((..(((..((....))..)))..))).))))))))))))))))..)))))))))))))......	90	47.00	-55.50	58647.90	41547.86
	vvi-miR166c-p5	GGAATGTTGTCTGGCTCGAGG	21	chr15	-	16978572	16978731	ctattttgaggGGAATGTTGTCTGGCTCGAGGacacttaccttaactttgatccgtttctctagatccatatcacctatatatatgtattattgtatttttatttgtactgagcatgtgttggtgtcgTCGGACCAGGCTTCATTCCCCccaattatcgc	5'	.....(((.((((((((..((((((..(((.((((((............((((..........)))).............(((((((((......((((........))))...))))))))).)))))).)))..))))))..))))))))).)))))).......	148	40.60	-51.60	560.33	370.33
	vvi-miR166a_R+2_1	TCGGACCAGGCTTCATTCCCC	21	chr15	-	16978572	16978731	ctattttgaggGGAATGTTGTCTGGCTCGAGGacacttaccttaactttgatccgtttctctagatccatatcacctatatatatgtattattgtatttttatttgtactgagcatgtgttggtgtcgTCGGACCAGGCTTCATTCCCCccaattatcgc	3'	.....(((.((((((((..((((((..(((.((((((............((((..........)))).............(((((((((......((((........))))...))))))))).)))))).)))..))))))..))))))))).)))))).......	148	40.60	-51.60	58647.90	41547.86
	vvi-miR166d-p5	GGATTGTTGTCTGGCTCGAGG	21	chr16	-	21405216	21405375	ctgctttgaggGGATTGTTGTCTGGCTCGAGGccaccaaccatctttgattgattcaaatactttgatcagcttcaacccatcttctccttcaattcaattccaccctctgattatgtgttagtgcccTCGGACCAGGCTTCATTCCCCtcaatcactgc	5'	.....((((((((.((..((((((..(((((.(((.((((...(((((.....)))))).....(((((((..................................))))))).).))).))).)))))..))))))..)).))))))))).......	148	46.90	-51.07	25.00	17.00
	vvi-miR166a_R+2_1	TCGGACCAGGCTTCATTCCCC	21	chr16	-	21405216	21405375	ctgctttgaggGGATTGTTGTCTGGCTCGAGGccaccaaccatctttgattgattcaaatactttgatcagcttcaacccatcttctccttcaattcaattccaccctctgattatgtgttagtgcccTCGGACCAGGCTTCATTCCCCtcaatcactgc	3'	.....((((((((.((..((((((..(((((.(((.((((...(((((.....)))))).....(((((((..................................))))))).).))).))).)))))..))))))..)).))))))))).......	148	46.90	-51.07	58647.90	41547.86
	vvi-miR166a_L+2	TCTCGGACCAGGCTTCATTCC	21	chr8	-	3302797	3302926	gcgggtgtttggaatgaggtttgatccaagatccttcctttttctccattaattccttcagtactggtcatgatttagttacttcataatcggttgaTCTCGGACCAGGCTTCATTCCtgacaccaagct	3'	((.(((((..(((((((((..((.(((.(((((...........................((((((.((((..........)))).)))))).))))).))).))..)))))))))..)))))..)).	129	43.10	-43.20	1814.65	1443.89
	vvi-miR166e-p5	GGAATGTTGTCTGGCTCGAGG	21	chr2	+	2255722	2255887	gtgttttgaggGGAATGTTGTCTGGCTCGAGGacaccaactagatctatgatctgcgtgtaattgtgaatgggtgatcgtctctcagttttgaaggagagattttgagtgatctttgatcatgggttggtgtcgTCGGACCAGGCTTCATTCCCCccaatttattg	5'	(((..(((.((((((((..((((((..(((.((((((((((.....((((((((.(((......)))........(((((.(((..((((((......))))))..))))))))...)))))))))))))))))).))).))))))..)))))))).)))..)))..	164	45.80	-71.80	560.33	370.33
	vvi-miR166a_R+2_1	TCGGACCAGGCTTCATTCCCC	21	chr2	+	2255722	2255887	gtgttttgaggGGAATGTTGTCTGGCTCGAGGacaccaactagatctatgatctgcgtgtaattgtgaatgggtgatcgtctctcagttttgaaggagagattttgagtgatctttgatcatgggttggtgtcgTCGGACCAGGCTTCATTCCCCccaatttattg	3'	(((..(((.((((((((..((((((..(((.((((((((((.....((((((((.(((......)))........(((((.(((..((((((......))))))..))))))))...)))))))))))))))))).))).))))))..)))))))).)))..)))..	164	45.80	-71.80	58647.90	41547.86
	vvi-miR166b-p5	GGAATGTTGGCTGGCTCGAGG	21	chr12	+	17937398	17937496	gttttttgaggGGAATGTTGGCTGGCTCGAGGcattcacataagaagaagatatataagtgaaggtgTCGGACCAGGCTTCATTCCTCtcaaatataca	5'	((..(((((((((((((..((((((..(((..(.(((((..................))))).)..)))..))).))).)))))))))))))...)).	98	42.40	-38.40	209.50	128.33
	vvi-miR166a_R+2_2	TCGGACCAGGCTTCATTCCTC	21	chr12	+	17937398	17937496	gttttttgaggGGAATGTTGGCTGGCTCGAGGcattcacataagaagaagatatataagtgaaggtgTCGGACCAGGCTTCATTCCTCtcaaatataca	3'	((..(((((((((((((..((((((..(((..(.(((((..................))))).)..)))..))).))).)))))))))))))...)).	98	42.40	-38.40	58647.90	41547.86
	vvi-miR166f-p5	GGAATGTTGGCTGGCTCGAGG	21	chr7	+	19450014	19450113	tgtagttgtggGGAATGTTGGCTGGCTCGAGGctttcttgagtgattttatgtatacctcaaaaagctTCGGACCAGGCTTCATTCCCCtcaacacactt	5'	(((.((((.((((((((..((((((..(((((((((.(((((..((.......))..))))))))))))))..)))).)).)))))))).)))))))...	97	46.00	-47.70	209.50	128.33
	vvi-miR166a_R+2_1	TCGGACCAGGCTTCATTCCCC	21	chr7	+	19450014	19450113	tgtagttgtggGGAATGTTGGCTGGCTCGAGGctttcttgagtgattttatgtatacctcaaaaagctTCGGACCAGGCTTCATTCCCCtcaacacactt	3'	(((.((((.((((((((..((((((..(((((((((.(((((..((.......))..))))))))))))))..)))).)).)))))))).)))))))...	97	46.00	-47.70	58647.90	41547.86
miR167	vvi-miR167b_R-1	TGAAGCTGCCAGCATGATCT	20	chr14	+	7137388	7137486	caatagcagtTGAAGCTGCCAGCATGATCTaagcttttctgttgcccacccttctccaggaaagactAGATCATGTGGCAGTTTCACCtgttgatgga	5'	...((((((.(((((((((((.(((((((((..((((((((................))))))))..)))))))))))))))))))))).)))))).....	91	46.50	-46.30	165.33	113.28
	vvi-miR167b-p3	AGATCATGTGGCAGTTTCACC	21	chr14	+	7137388	7137486	caatagcagtTGAAGCTGCCAGCATGATCTaagcttttctgttgcccacccttctccaggaaagactAGATCATGTGGCAGTTTCACCtgttgatgga	3'	...((((((.(((((((((((.(((((((((..((((((((................))))))))..)))))))))))))))))))))).)))))).....	91	46.50	-46.30	28.83	20.67
	vvi-miR167b_R-1	TGAAGCTGCCAGCATGATCT	20	chr5	+	5845385	5845474	cactatcagtTGAAGCTGCCAGCATGATCTaaacttgcttccctttgtgaacagagatcAGATCATGTGGCAGTTTCACCtgttgttggt	5'	.((...(((.(((((((((((.((((((((............(((((....)))))...)))))))))))))))))))).)))..))....	85	44.40	-34.90	165.33	113.28
	vvi-miR167e-p3	AGATCATGTGGCAGTTTCACC	21	chr5	+	5845385	5845474	cactatcagtTGAAGCTGCCAGCATGATCTaaacttgcttccctttgtgaacagagatcAGATCATGTGGCAGTTTCACCtgttgttggt	3'	.((...(((.(((((((((((.((((((((............(((((....)))))...)))))))))))))))))))).)))..))....	85	44.40	-34.90	28.83	20.67
	vvi-miR167a_R-1	TGAAGCTGCCAGCATGATCT	20	chr1	+	1618504	1618854	tttgagaggtTGAAGCTGCCAGCATGATCTggtgaaacaaacaccatctctttcttctctaaccccatgtctggattcgtccaccgatccattattatagaccaggccgcccgtttcccatgtagtgatcgataattaggctcggggttttcactttttagtgggatctaatccttaggatggatgtttgtatgggtggtatatatcatggtgaggtctgttttctattttaattctaacggggttttgatttagctgagggggtataattcatagcctaattccaaaacctaactccatagagatagggttccatgatcAGGTCATCTTGCAGCTTCAATcactcactca	5'	..((((.(((((((((((((.((.((((((((((.........(((..(((...((..((.((((((.....(((((.((.....)))))))).....(((((((..(((((((((.((((((..((((((((((.........)))).....))))).....))))))....((((.......)))).......)))))))))...(((....))).)))))))..................))))))..))...))..)))..)))........................((((.(((....))).)))).........)))))))))))).))))))))))))).))))....	345	42.50	-111.80	165.33	113.28

	vvi-miR167a-p3	AGGTCATCTTGCAGCTTCAAT	21	chr1	+	1618504	1618854	tttgagaggtTGAAGCTGCCAGCATGATCTggtgaaacaaacaccatctctttcttctctaaccccatgtctggattcgtccaccgatccattattatagaccaggccgcccgtttcccatgtagtgatcgataattaggctcggggttttcactttttagtgggatctaatccttaggatggatgtttgtatgggtggtatatatcatggtgaggtctgttttctattttaattctaacggggttttgatttagctgagggggtataattcatagcctaattccaaaacctaactccatagagatagggttccatgatcAGGTCATCTTGCAGCTTCAATcactcactca	3'	..((((.(((((((((((.((.((((((((((.........(((..(((...((..((.((((((.....(((((.((.....)))))))).....(((((((..(((((((((.((((((..(((((((((.........))))).....)))))).....))))))....((((.......))))......)))))))))...(((....))).)))))))...................))))))..))...))..)))..)))........................((((.(((....))).))))........)))))))))))).))))))))))))).)))))....	345	42.50	-111.80	54.00	42.00
miR168	vvi-miR168	TCGCTTGGTGCAGGTCGGGAA	21	chr2	-	17944801	17944932	ggtctctaatTCGCTTGGTGCAGGTCGGGAAccgacttcgccgctccggcagcgccggaggcacgcggcggcctacgattggttgctgagcgaattccgatCCCGCCTTGCATCAACTGAATcggagacggc	5'	.(((((..((((..(((((((((((.(((((...((.(((((..(((((((...))))))).....((((..((.......))..)))).))))).))...))))).))))))))))..)))).)))))...	128	63.60	-68.50	725.67	472.33
	vvi-miR168-p3	CCCGCCTTGCATCAACTGAAT	21	chr2	-	17944801	17944932	ggtctctaatTCGCTTGGTGCAGGTCGGGAAccgacttcgccgctccggcagcgccggaggcacgcggcggcctacgattggttgctgagcgaattccgatCCCGCCTTGCATCAACTGAATcggagacggc	3'	.(((((..((((..(((((((((((.(((((...((.(((((..(((((((...))))))).....((((..((.......))..)))).))))).))...))))).))))))))))..)))).)))))...	128	63.60	-68.50	151.67	120.67
miR169	vvi-miR169m_L+1R-1	TGAGCCAAGGATGACTTGCCG	21	chr11	+	16361236	16361337	agagtggaagTGAGCCAAGGATGACTTGCCGgcagctgcagcaaggcattaaggtttaactggccataactggcaagcatccgaggctctgtttcaccctct	5'	((.((((((..(((((..(((((.((((((((..((....))..(((....((......)).)))....))))))))))))..)))))..)))))).))..	100	52.90	-43.80	2.25	0.00
	vvi-miR169q-p3	CGGCATGTAATCCTGGCTCTA	21	chr11	+	16384484	16384580	agggtggaatagagccaaggatgacttgccggcatttgcagtaagtctatattaactggaacagcCGGCATGTAATCCTGGCTCTAtttggtcctct	3'	((((..((((((((((.((((.((.(((((((..((.((((.(((....))).)))).))..))))))).)).)))))))))))))))..))))..	95	47.40	-48.90	18.00	10.00
	vvi-miR169t-p3	GGCAAGTTGACTTGACTCAGT	21	chr11	+	16399567	16399676	agggtggaatcgagtcaaggatgacttgccgatatatatttgcggaaggacttgcatgggcctttagctatgtgtaaccGGCAAGTTGACTTGACTCAGTttggccctct	3'	(((((..((..((((((((...(((((((((.(((((((..((..((((.((......))))))..)).)))))))..)))))))))..))))))))..))..)))))..	108	48.20	-50.20	4.00	2.17
	vvi-miR169l_L+1R-1	TGAGCCAAGGATGACTTGCCG	21	chr11	+	16185290	16185392	agggtggaatTGAGCCAAGGATGACTTGCCGtcctttgcatcaagcattgaagctttaactgggcatgcacggctagttattcttggctcatttggcccctct	5'	.((((..((.((((((((((((((((.(((((....(((.((((((......)))......))))))...))))).))))))))))))))))))..))))....	98	49.50	-47.70	2.25	0.00
	vvi-miR169r-p3	GGCAAGTTGACTTGACTCAGT	21	chr11	+	16415131	16415239	agggtggaattgagtcaaggatgacttgccgatatatatttgcagaaggcatgcaggggcttttagctatgtgtaaccGGCAAGTTGACTTGACTCAGTttggccctct	3'	(((((..(((((((((((...(((((((((.(((((((..((..(((((........)))))..)).)))))))..)))))))))..))))))))))))..)))))..	107	46.80	-53.70	4.00	2.17
	vvi-miR169o_L+1R-1	TGAGCCAAGGATGACTTGCCG	21	chr11	+	16190330	16190432	agggtggattTGAGCCAAGGATGACTTGCCGccatcagcagcaagcattgaagctttaactgggcatggacagcgagttattcttggctcatgcggcccctct	5'	.((((.....((((((((((((((((((((..((((...(((.((((......))))...)))...))))...))))))))))))))))))))....))))....	98	53.40	-47.40	2.25	0.00
	vvi-miR169m_L+1R-1	TGAGCCAAGGATGACTTGCCG	21	chr11	+	16347810	16347911	agtgtggaatTGAGCCAAGGATGACTTGCCGgcagctgcagcaaggcattaaggtttaactggctataactggcaagcatccgaggctctgtttcaccctct	5'	((.((((((..(((((..(((((.((((((((.(((..(((..(..(......)..)..)))))))....))))))))))))..)))))..)))))).))..	100	51.00	-42.80	2.25	0.00
	vvi-miR169f_1ss16TC	CAGCCAAGGATGACTCGCCGA	21	chr8	+	21104451	21104571	gaaagtatggtgCAGCCAAGGATGACTTGCCGActctctacttagccatctgcctttctccaaggaggcttgcagtactgatgaagccggcaagttgtctttggctacatgcttctttctg	5'	(((((....(((.(((((((((..((((((((.((.((...((((....((((...((((....))))...))))..)))).)))).))))))))..))))))))).)))....)))))..	119	49.60	-51.50	5.17	0.00
	vvi-miR169f_1ss16TC	CAGCCAAGGATGACTCGCCGA	21	chr1	+	12404208	12404391	gatattatggtgCAGCCAAGGATGACTTGCCGAaaataatttgctcgatcgttaatgtgcttctccagtttctattgcaatttatgcatagggcaatatatatatcctttatagcttgttaattcagatattgactgaggaatcaataatgggcaagttgtgtttggctacatgtttatctcat	5'	((((.....(((.((((((..(..(((((((.........((.((((...((((((((.((..........((((.(((.....))))))).((((..((((.......))))..))))......))))))))))))).)).........)))))))..)..)))))).)))...))))....	180	35.30	-43.20	5.17	0.00
	vvi-miR169x-p3	CAGTCATTCCTTCGGCTAAAC	21	chr17	-	355713	355837	gtctcgtctggtagccaaggatgacttgcctaaatccaccaggtttcaaaacactgaatgtaattatccacaaagcgattccgtggtctttaggCAGTCATTCCTTCGGCTAAACtgaccggctc	3'	(((..(((...(((((((((((((.((((((((.((((((((((....))).)))..(((........)))..........))))..)))))))))))).)))).)))))....))).)))..	123	47.20	-42.40	12.67	0.00
	vvi-miR169n-p3	AAGCATCTGAGGCTCTATTTC	21	chr11	+	16380240	16380340	tgagtggaatagagccaaggatgacttgccggcaactgcagcaaggcatagggtttaactggtcataactggcAAGCATCTGAGGCTCTATTTCaccctct	3'	...((((((((((((..(((((.((((((.((....)).....(((.(((.......))))))......))))))))))..))))))))))))).....	93	49.50	-44.80	1.67	0.00
miR171	vvi-miR171a	TGATTGAGCCGTGCCAATATC	21	chr10	+	962566	962665	tagatacacgagatattgatacggttcaattagaaagctgtgttctaagttaagaactctgttgttTGATTGAGCCGTGCCAATATCacgtcctacttct	3'	.......(((.(((((((..(((((((((((((.(((...(((((......)))))...))).))))))))))))))..))))))).))).........	84	38.00	-38.10	75.89	56.00
	vvi-miR171b-p3	TTGAGCCGCGTCAATATCTCC	21	chr12	-	5542399	5542497	tggggggaggtattggcgtgcctcaatttaaagacatggttagatgaagagatattagccatgtgatttgaTTGAGCCGCGTCAATATCTCCttttgca	3'	.(..(((((((((((((((((.(((((((.....((((((((((((......)).)))))))))).....))))))).)))))))))))))))))..)...	95	43.40	-46.30	2676.33	1831.67
	vvi-miR171a	TGATTGAGCCGTGCCAATATC	21	chr12	-	5487747	5487849	tggtattacgggatattggtgcggttcaataagaaagcagtgctcgcaatctttttgagttctggttttTGATTGAGCCGTGCCAATATCacgtgtcattgct	3'	.((((.((((.((((((((..(((((((((.(((((.(((..((((.((....))))))..))).))))).)))))))))..)))))))).))))....))))	102	42.70	-46.10	75.89	56.00
	vvi-miR171a-p5	TGATGTTGGGACGGCTCAATC	21	chr14	-	25491201	25491299	tggtgggaagcgTGATGTTGGGACGGCTCAATCaaaccaaagatctcaatggttgagtcctttaatcTGATTGAGCCGTGCCAATATCatgttcaatac	5'	..(((...((((((((((((.((((((((((((....((((..(((((...)))))..))))....)))))))))))).)))))))))))))...)))	97	44.40	-47.80	9.33	1.67
	vvi-miR171a	TGATTGAGCCGTGCCAATATC	21	chr14	-	25491201	25491299	tggtgggaagcgTGATGTTGGGACGGCTCAATCaaaccaaagatctcaatggttgagtcctttaatcTGATTGAGCCGTGCCAATATCatgttcaatac	3'	..(((...((((((((((((.((((((((((((....((((..(((((...)))))..))))....)))))))))))).)))))))))))))...)))	97	44.40	-47.80	75.89	56.00
	vvi-miR171f	TTGAGCCGCGCCAATATCACT	21	chr9	+	7012498	7012600	ttgaagaaagcgatgttggtgaggttcaatctgaagattgatttatgcttgaatgtaaaaactgatctcagaTTGAGCCGCGCCAATATCACTtttctgtggc	3'	.....(((((.((((((((((.(((((((((((.((((..(((.(((......))).)))..))))))))))))))).)))))))))).)))))).......	91	39.80	-46.20	1.67	2.67
miR172	vvi-miR172d-p5	AGCATCATCAAGATTCACACC	21	chr8	+	12667173	12667281	gttagctgatgcAGCATCATCAAGATTCACACCcaatggaagggcagtgatgcaatctctgccaaagattttgagaTGAGAATCTTGATGATGCTGCattcgcagtgaa	5'	....((..(((((((((((((((((((.((..(((......(((((.(((...))).))))).......)))...)).)))))))))))))))))))..))......	99	44.00	-50.10	53.67	41.67
	vvi-miR172d_R-2	TGAGAATCTTGATGATGCTGC	21	chr8	+	12667173	12667281	gttagctgatgcAGCATCATCAAGATTCACACCcaatggaagggcagtgatgcaatctctgccaaagattttgagaTGAGAATCTTGATGATGCTGCattcgcagtgaa	3'	....((..(((((((((((((((((((.((..(((......(((((.(((...))).))))).......)))...)).)))))))))))))))))))..))......	99	44.00	-50.10	134.67	114.67
miR319	vvi-miR319b_R-1	TTGGACTGAAGGGAGCTCCC	20	chr6	+	9137255	9137447	agtggtttaagagagcttccttcagtccactcatggatgggttaggggtttggattagctgccgactcattcattcaaacacagtagaatggaaatggagtttactactgtgaatgtgtgaatgatgcgggaggtaaatttcatccttttcttgtctgtgcTTGGACTGAAGGGAGCTCCCttctactgtttt	3'	(((((...(((.((((((((((((((((..((..((..((..((((((.....(((.((.(((..(((((((..((..((((((((................))))))))..))..)))))))..))).)).)))...)..))))))..))..))..))..))))))))))))))))).)))))))).....	188	43.50	-86.80	10.22	2.67
	vvi-miR319g_R-1	TTGGACTGAAGGGAGCTCCC	20	chr17	-	3675978	3676199	gaacagctgaagagctccttttagtccaataaagagggctgaggggcggccagagctgccatctcatgcacttggctatgcttattcttttctcaatcaattcggttcgagtatggctgtggagtgacaaatgctaagtttagcctgatgcatgacatgggagcaactcctccgcacgctttgcccactcaTTGGACTGAAGGGAGCTCCCagggcagatct	3'	.....(((...((((((((((((((((((..((.((((..((..((((..((.(((.((((.(((((((...(((((..((((....(((.(((.((....((((.........))))..)).))).)))...))))..)))))...)))))))).))))).)))..))...))))...))..)))).)).)))))))))))))))))))....)))......	211	50.90	-91.90	10.22	2.67
	vvi-miR319e	TTTGGACTGAAGGGAGCTCCT	21	chr11	+	4317224	4317330	tgcagaaatgggggttcctttgcagcccaaaacaactccatcgctgaagaagatgatgaacttcatgctccttgtTTTGGACTGAAGGGAGCTCCTagttcttctct	3'	...((((.(((((((((((((.(((.(((((((((.......(((((((...........))))).))...))))))))).))))))))))))))))).)))).....	99	46.70	-40.40	431.67	215.00
	vvi-miR319b_R-1	TTGGACTGAAGGGAGCTCCC	20	chr1	+	4189562	4189755	tgtggaagaaggagctctctttagtccagtccgagacagcttcaaggctgatacgtggctgctgactcgttgcttcaagaactcatcacataggcctggaaaagatggatggtttttgatccaacgatgcaggagctgcgttcagttatggctgtcacgtcTTGGACTGAAGGGAGCTCCCttgtattccaca	3'	.((((((...((((((((((((((((((((..((.((((((..((..(((((.(((..(((.(((..((((((..(((((((..((((.(((.............)))))))..)))))))..))))))..))).))).))).))))))))..))))))))).))..)))))))))))))))))))......)))))).	192	49.50	-102.20	10.22	2.67
miR390	vvi-miR390	AAGCTCAGGAGGGATAGCGCC	21	chr6	+	8159519	8159658	agaatctgttAAGCTCAGGAGGGATAGCGCCatgagccatgatgaaaatgattgttgagttgaaaatttttctagcttgtttttgggtcatcatttgtgtgtgtggcgctatctatcctgagtttcacgggttcttc	5'	(((((((((.((((((((((..((((((((((((..((((((((((...........(((((((((....)))).)))))..........))))))...)).)).)..))))))))))))..)))))))))).)))))))))..	138	40.70	-60.90	3.67	2.67
miR393	vvi-miR393a_R+1	TCCAAAGGGATCGCATTGATCC	22	chr13	+	4265132	4265214	ggaggaggcaTCCAAAGGGATCGCATTGATCCcaaactctccatgtctttggatcatgctatccctttggattcctcctttgg	5'	.(((((((.((((((((((((.((((.(((((.((((.......)).)).))))))))).))))))))))))).)))))))...	79	49.40	-45.10	25.33	29.17
	vvi-miR393a_R+1	TCCAAAGGGATCGCATTGATCC	22	chr16	-	17247187	17247312	ggtggacagtTCCAAAGGGATCGCATTGATCCcatggttatcttccacctctcttaccagactatcataacaaagtctggcctttttcccattggATCATGCTATCCCTTAGGAACtctccatcag	5'	((((((.((((((.(((((((.(((.((((((.((((...................(((((((..........)))))))........)))).))))))))).))))))).)))))).))))))..	124	46.00	-53.60	25.33	29.17
	vvi-miR393a-p3	ATCATGCTATCCCTTAGGAAC	21	chr16	-	17247187	17247312	ggtggacagtTCCAAAGGGATCGCATTGATCCcatggttatcttccacctctcttaccagactatcataacaaagtctggcctttttcccattggATCATGCTATCCCTTAGGAACtctccatcag	3'	((((((.((((((.(((((((.(((.((((((.((((...................(((((((..........)))))))........)))).))))))))).))))))).)))))).))))))..	124	46.00	-53.60	75.00	79.33
miR394	vvi-miR394b	TTGGCATTCTGTCCACCTCC	20	chr18	-	1413038	1413130	acagagtttaTTGGCATTCTGTCCACCTCCcatctcttgaaaatctctcttttctctctgtggaggtgggcatactgccaaccaagctctgtt	5'	(((((((((.((((((...(((((((((((((......(((((......)))))....)).)))))))))))...))))))..))))))))).	92	46.20	-42.60	50.00	30.06
	vvi-miR394a_R-2	TTGGCATTCTGTCCACCTCC	20	chr18	-	3551260	3551361	cagagccattTTGGCATTCTGTCCACCTCCatatataccaattcttctgaattggcgcccacaagcgtttggaggcggccaggatgccaaattggctctgta	5'	((((((((.(((((((((((((.((.((((((......(((((((....)))))))(((......)))..)))))).)).))))))))))))).))))))))..	100	50.00	-59.50	50.00	30.06
	vvi-miR394a_R-2	TTGGCATTCTGTCCACCTCC	20	chr12	-	17122004	17122092	cagagccattTTGGCATTCTGTCCACCTCCatgcacatcatgggtctatattcttttggaggtggccagcatgccaaagtggctctgta	5'	((((((((((((((((.(((.((((((((((..........(((.......)))..)))))))))).))).))))))))))))))))))..	87	49.40	-52.70	50.00	30.06
miR395	vvi-miR395k-p5	GTTCCCTTGACCACTTCACTG	21	chr1	+	6505248	6505340	ctcccctagaGTTCCCTTGACCACTTCACTGggaccttctctaattataatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgccatt	5'	....((..(((((((((..(.(((((((.(((((......................))))).))))))).)..)))))))))..))).......	82	48.40	-37.70	1.33	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6505248	6505340	ctcccctagaGTTCCCTTGACCACTTCACTGggaccttctctaattataatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgccatt	3'	....((..(((((((((..(.(((((((.(((((......................))))).))))))).)..)))))))))..))).......	82	48.40	-37.70	0.14	0.00

	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6562642	6562727	gccccctagagttcccctgaccacttcactggggatcttctgtaatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgtcat	3'	....((..(((((((((..(.(((((((.((((((((.........)).)))))).))))))).)..)))))))))..))......	76	52.30	-40.90	0.14	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6553026	6553111	gccccctagagttcccctgaccacttcactggggatcttctttaatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgtcat	3'	....((..(((((((((..(.(((((((.((((((((.........)).)))))).))))))).)..)))))))))..))......	76	51.20	-40.90	0.14	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6559098	6559184	gccccctagagttcccctgaccacttcactgggggatcttctgtaatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgtcat	3'	....((..(((((((((..(.(((((((.(((((..((.........))..))))).))))))).)..)))))))))..))......	77	52.90	-41.20	0.14	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6512763	6512848	gccccctagagttcccctgaccacttcattggggatcttctctaatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgtcat	3'	....((..(((((((((..(.(((((((.((((((((.........)).)))))).))))))).)..)))))))))..))......	76	51.20	-40.90	0.14	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6489542	6489627	gtaccctagagttcccctgaccacttcactggggatcttctctaatgacttcccaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgtcat	3'	..((((..(((((((((..(.(((((((.((((((((.........)).)))))).))))))).)..)))))))))..)).))...	81	51.20	-43.90	0.14	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6482113	6482198	gtcccctagagttcccctgagcacttcattggggatccttagttttcaattcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcccggtgtcat	3'	....((..(((((((((..(((((((((.((((((((...........))))))).)))))))))..)))))))))..))......	76	50.00	-43.50	0.14	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6502664	6502753	gtcccctagagttccccttaccacttcactggggatcttctctaatgaatgcctacgtaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgccat	3'	....((..((((((((((...(((((((...(((...(((......)))..)))......)))))))...))))))))))..))......	80	51.10	-35	0.14	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6557811	6557902	gtcccctagagttcccttgaacacttcactggggaccttctctagttataatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgccat	3'	....((..(((((((((..(((((((((.((((((...((..((....))..)).)))))).)))))))))..)))))))))..))......	82	48.90	-42.10	0.14	0.00
	vvi-miR395h-p5	GTTCCCTTGACCACTTCACTG	21	chr1	+	6566652	6566743	gtcccctagaGTTCCCTTGACCACTTCACTGggaccttctctaattataatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgctat	5'	(..((...(((((((((..(.(((((((.(((((.....................))))).))))))).)..)))))))))..))..)...	89	47.80	-37.80	1.33	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6566652	6566743	gtcccctagaGTTCCCTTGACCACTTCACTGggaccttctctaattataatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgctat	3'	(..((...(((((((((..(.(((((((.(((((.....................))))).))))))).)..)))))))))..))..)...	89	47.80	-37.80	0.14	0.00
	vvi-miR395c-p5	GTTCCCTTGACCACTTCACTG	21	chr1	-	6499914	6500005	gtcccctagaGTTCCCTTGACCACTTCACTGggaccttctctagttataatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgccat	5'	....((..(((((((((..(.(((((((.((((((...((..((....))..)).)))))).))))))).)..)))))))))..))......	82	50.00	-37.90	1.33	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	-	6499914	6500005	gtcccctagaGTTCCCTTGACCACTTCACTGggaccttctctagttataatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtgccat	3'	....((..(((((((((..(.(((((((.((((((...((..((....))..)).)))))).))))))).)..)))))))))..))......	82	50.00	-37.90	0.14	0.00
	vvi-miR395a_R-2	CTGAAGTGTTTGGGGGAAC	19	chr1	+	6527928	6528019	gtcccctagagttcccttgatcacttcactagggagcttcgctagttttaatgacttcctaCTGAAGTGTTTGGGGGAACtcctggtaccga	3'	....((..(((((((((..(.(((((((.(((((((..(((..........)))))))))).))))))).)..)))))))))..))......	82	48.90	-40.40	0.14	0.00
miR396	vvi-miR396b	TTCCACAGCTTTCTTGAACT	20	chr11	-	5253110	5253229	ctttgtattcTTCCACAGCTTTCTTGAACTgcatttttcagactactggtgtgtttttgtatgcactcaaagtcattgtaacagttgcgGTTCAATAAAGCTGTGGGAAGataccaacag	5'	....((((..(((((((((((.((((((((((.....((((((...((((..(......)..))))...))))..)).......)))))))))).)))))))))))..))))......	110	39.20	-47.70	994.50	639.92
	vvi-miR396d-p3	GTTCAATAAAGCTGTGGGAAG	21	chr11	-	5253110	5253229	ctttgtattcTTCCACAGCTTTCTTGAACTgcatttttcagactactggtgtgtttttgtatgcactcaaagtcattgtaacagttgcgGTTCAATAAAGCTGTGGGAAGataccaacag	3'	....((((..(((((((((((.((((((((((.....((((((...((((..(......)..))))...))))..)).......)))))))))).)))))))))))..))))......	110	39.20	-47.70	16.67	9.00
	vvi-miR396b	TTCCACAGCTTTCTTGAACT	20	chr11	+	5246790	5246897	tcctgccatgcttTTCCACAGCTTTCTTGAACTtcttctccctgtttggtggtctcctacgtttacccatccactgaagTTCAAGAAAGCTGTGGGAAAccatggctt	5'	....((((((.(((((((((((((((((((((((...........(((((.................)))))))))))))))))))))))))))).))))))..	102	47.20	-52.70	994.50	639.92
	vvi-miR396b-p3_1ss12TC	TTCAAGAAAGCCGTGGGAAA	20	chr11	+	5246790	5246897	tcctgccatgcttTTCCACAGCTTTCTTGAACTtcttctccctgtttggtggtctcctacgtttacccatccactgaagTTCAAGAAAGCTGTGGGAAAccatggctt	3'	....((((((.(((((((((((((((((((((((...........(((((.................)))))))))))))))))))))))))))).))))))..	102	47.20	-52.70	56.33	22.00
	vvi-miR396a_R-1	TTCCACAGCTTTCTTGAACT	20	chr9	-	7372522	7372637	tcctgtcatgcttTTCCACAGCTTTCTTGAACTacttttccatctacctgtttgatgatcttcttcataaggagtgtgaaatagaagctcaagaaagctgtgggaggacatggcaa	5'	...(((((((..((((((((((((((((((.((.((((((((.((.(((...(((.(.....).)))..))))))).)))).)).)).)))))))))))))))))))..))))))).	112	41.40	-51.30	994.50	639.92
	vvi-miR396b	TTCCACAGCTTTCTTGAACT	20	chr4	-	5119591	5119698	ttctgtgatcTTCCACAGCTTTCTTGAACTgttttggaagccttccacttccatgcaatggaggagttcaaccaacagctcaggaaagttgtggaacattactgagag	5'	(((.(((((.(((((((((((((((((.((((((((((..(((.(((...........))))))..)))))..))))).)))))))))))))))))).))))).))))..	106	44.40	-48	994.50	639.92
miR398	vvi-miR398a-p5	GGAGTGGCACCTGAGAACACCGG	23	chr1	+	731608	731710	acaccccaagGGAGTGGCACCTGAGAACACCGGttgtgttggctgcgccaagctctgctagctaatgcatttTGTGTTCTCAGGTCACCCCTTtggggcacca	5'	...(((((((((.(((..((((((((((((....((..((((((((.((........)))))))))..))....)))))))))))))).)))))))))).....	95	56.30	-55.40	5.67	2.00
	vvi-miR398a	TGTGTTCTCAGGTCACCCCTT	21	chr1	+	731608	731710	acaccccaagGGAGTGGCACCTGAGAACACCGGttgtgttggctgcgccaagctctgctagctaatgcatttTGTGTTCTCAGGTCACCCCTTtggggcacca	3'	...(((((((((.(((..((((((((((((....((..((((((((.((........)))))))))..))....)))))))))))))).)))))))))).....	95	56.30	-55.40	185.33	66.67
	vvi-miR398c-p5	GGAGTGACCTGAGAATCACATG	22	chr6	+	15575581	15575668	gtgtcctacaGGAGTGACCTGAGAATCACATGcccgcatcacccatctttgctctcaTGTGTTCTCAGGTCGCCCCtgctggactccc	5'	..((((..((((.((((((((((((.((((((...(((...........)))...))))))))))))))))).)))))..)))))....	82	56.80	-45.80	13.67	0.00
	vvi-miR398b_R-2	TGTGTTCTCAGGTCGCCCC	19	chr6	+	15575581	15575668	gtgtcctacaGGAGTGACCTGAGAATCACATGcccgcatcacccatctttgctctcaTGTGTTCTCAGGTCGCCCCtgctggactccc	3'	..((((..((((.((((((((((((.((((((...(((...........)))...))))))))))))))))).)))))..)))))....	82	56.80	-45.80	19.00	6.17
	vvi-miR398b_R-2	TGTGTTCTCAGGTCGCCCC	19	chr6	-	16503544	16503631	gtgtcctacaggtgtgacctgagaatcacatgcccgcaccacccatctttgctctcaTGTGTTCTCAGGTCGCCCCtgctggactccc	3'	..((((..((((.((((((((((((.((((((...(((...........)))...))))))))))))))))).)))))..)))))....	82	58.00	-44.70	19.00	6.17
miR399	vvi-miR399h-p5	GTGCAATCCTCCTTTGGCAGA	21	chr10	+	2983545	2983634	aggaataacaGTGCAATCCTCCTTTGGCAGAaagatcatgcacatgcatacttctgttttgccaaaggagaattgccctgccattcgctc	5'	..((((..(((.(((((.((((((((((((((((..((((....))))...))).))))))))))))).))))).)))..)))))....	84	45.60	-41.10	0.00	8.00
miR403	vvi-miR403d-p5	TTTGTGCGCGAATCCAACCCC	21	chr5	+	166482	166567	acaaacctcgagTTTGTGCGCGAATCCAACCCCtcaatcttctttcaaaggggtgTTAGATTCACGCACAAACTCGggatctgtct	5'	......(((((((((((((.(((((..((((((..............))))))....))))).)))))))))))))........	72	47.70	-40.30	535.67	420.50
	vvi-miR403a	TTAGATTCACGCACAAACTCG	21	chr5	+	166482	166567	acaaacctcgagTTTGTGCGCGAATCCAACCCCtcaatcttctttcaaaggggtgTTAGATTCACGCACAAACTCGggatctgtct	3'	......(((((((((((((.(((((..((((((..............))))))....))))).)))))))))))))........	72	47.70	-40.30	363.22	379.33
	vvi-miR403b-p5	CCTCGAGTTTGTGCGCGAATC	21	chr5	+	600181	600266	acaaaCCTCGAGTTTGTGCGCGAATCcaacgcctcgatcttctttcaaaggggtgTTAGATTCACGCACAAACTCGggatctgtct	5'	......(((((((((((((.(((((.((((((((..............)))))))).))))).)))))))))))))........	72	48.80	-43.50	8.00	4.17
	vvi-miR403a	TTAGATTCACGCACAAACTCG	21	chr5	+	600181	600266	acaaaCCTCGAGTTTGTGCGCGAATCcaacgcctcgatcttctttcaaaggggtgTTAGATTCACGCACAAACTCGggatctgtct	3'	......(((((((((((((.(((((.((((((((..............)))))))).))))).)))))))))))))........	72	48.80	-43.50	363.22	379.33
	vvi-miR403a	TTAGATTCACGCACAAACTCG	21	chr5	+	602611	602725	gcacatctcaagtttgtgcgtgaatcaaaccccatcgtagccgtccatatcttcgggtactaatcacggggcgattcgacgccgTTAGATTCACGCACAAACTCGtgatctgtcc	3'	(((.(((...(((((((((((((((..........(((.(((..........))).)))..........((((......))))....)))))))))))))))...))).)))..	113	51.30	-43.60	363.22	379.33
	vvi-miR403a	TTAGATTCACGCACAAACTCG	21	chr5	+	65247	65361	gcacatctcaagtttgtgcgtgaatcaaaccccatcgtagccgtccatatcttcgggtactaatcacggggcgattcgacggcgTTAGATTCACGCACAAACTCGtgagttctga	3'	.((...((((((((((((((((((((.(((.((.(((.(..(((((.((((....)))).........)))))..)))).)).))).)))))))))))))))))..))))...)).	113	50.40	-47.20	363.22	379.33
	vvi-miR403a	TTAGATTCACGCACAAACTCG	21	chr5	+	168099	168213	gcacatctcaagtttgtgcgtgaatcaaaccccatcgtagccgtccatatcttcgtgtactaatcacggggcgattcgacgccgTTAGATTCACGCACAAACTCGcgatctgtcc	3'	(((.(((...(((((((((((((((.(((....(((.(..((((((.......((((.......))))))))))..))))....))).)))))))))))))))...))).)))..	113	51.30	-42.10	363.22	379.33
	vvi-miR403f-p5	AGTTTGTGCGTGACTCTAAAA	21	chr7	-	4179673	4179780	tgagatgaggAGTTTGTGCGTGACTCTAAAAccgcctgatctaaaccttttcccgatgcgataccttttctatggtcTTAGATTCACGCACAAACTCGtaatctgtct	5'	..((((...(((((((((((((.(((((...(((...(((.............))))))..(((........))).))))).)))))))))))))...)))))....	102	43.50	-36.40	66.33	29.67
	vvi-miR403a	TTAGATTCACGCACAAACTCG	21	chr7	-	4179673	4179780	tgagatgaggAGTTTGTGCGTGACTCTAAAAccgcctgatctaaaccttttcccgatgcgataccttttctatggtcTTAGATTCACGCACAAACTCGtaatctgtct	3'	..((((...(((((((((((((.(((((...(((...(((.............))))))..(((........))).))))).)))))))))))))...)))))....	102	43.50	-36.40	363.22	379.33
miR408	vvi-miR408-p5	CGGGGACGAGGTAGTGCATGG	21	chr7	+	5011935	5012041	aagaggaagaCGGGGACGAGGTAGTGCATGGatggaactattaacagaagaatgttaagctgtttttgctctacccATGCACTGCCTCTTCCCTGGCtctgtctctc	5'	.((((..(((((((((.((((((((((((((.((((((..((((((......))))))...))......)))).))))))))))))).))))))..)))..)))).	105	48.60	-52.10	154.33	54.33
	vvi-miR408	ATGCACTGCCTCTTCCCTGGC	21	chr7	+	5011935	5012041	aagaggaagaCGGGGACGAGGTAGTGCATGGatggaactattaacagaagaatgttaagctgtttttgctctacccATGCACTGCCTCTTCCCTGGCtctgtctctc	3'	.((((..(((((((((.((((((((((((((.((((((..((((((......))))))...))......)))).))))))))))))).))))))..)))..)))).	105	48.60	-52.10	254.33	88.00

miR477	vvi-miR477a-p5	TCCCTCAAAGGCTTCCAATTT	21	chr1	+	22740261	22740354	gaagttgtcaatcTCCCTCAAAGGCTTCCAATTTtcctggctgattatcaaggttggaaagttggaagacagtgggggaccttggaagcttacc	5'	.(((((..(((..(((((((....((((((((((((...((........))...))))))))))))....))))))))..)))..)))))...	90	46.80	-39.10	1461.00	577.00
	vvi-miR477b-3p	CGAAGTCTTTGGGGAGAGTGG	21	chr2	+	1237689	1237805	gccaacacgaggcatttctattgctcactctttctcaagggcttctagcattgccagtaacaaaatggcaagctCGAAGTCTTTGGGGAGAGTGGacaaacgttgtctcgaatatgc	3'	.......(((((((......(((..((((((..(.((((((((((.(((.((((((.........))))))))).)))))))))))..))))))..)))....)))))))).......	103	47.00	-52.60	5.67	1.67
miR479	vvi-miR479	TGTGGTATTGGTTCGGCTCATC	22	chr16	+	21573759	21573852	gtagacatggTGTGGTATTGGTTCGGCTCATCttctttcattcattttcatcggctcaaagaCGAGCCGAACCAATATCACTCttgtatgcttc	5'	(((.(((.((.((((((((((((((((((.((((......................)))).)))))))))))))))))).))))).)))...	91	43.60	-38.60	154.33	69.00
	vvi-miR479-p3	CGAGCCGAACCAATATCACTC	21	chr16	+	21573759	21573852	gtagacatggTGTGGTATTGGTTCGGCTCATCttctttcattcattttcatcggctcaaagaCGAGCCGAACCAATATCACTCttgtatgcttc	3'	(((.(((.((.((((((((((((((((((.((((......................)))).)))))))))))))))))).))))).)))...	91	43.60	-38.60	249.33	123.33
miR482	vvi-miR482-p5	AATTGGAGAGTAGGAAAGCTT	21	chr17	+	5523024	5523140	aatgtttgggAATTGGAGAGTAGGAAAGCTTagccatctattcccttcatggtttcctctccatggattgggggtctagagctagTCTTTCCTACTCCTCCCATTCCtattgttttc	5'	......(((((((.((((((((((((((..((((..((((..((((((((((........))))))....))))..))))))))..)))))))))))).))).))))))))........	103	44.40	-50.80	813.33	474.67
	vvi-miR482	TCTTTCCTACTCCTCCCATTCC	22	chr17	+	5523024	5523140	aatgtttgggAATTGGAGAGTAGGAAAGCTTagccatctattcccttcatggtttcctctccatggattgggggtctagagctagTCTTTCCTACTCCTCCCATTCCtattgttttc	3'	......(((((((.((((((((((((((..((((..((((..((((((((((........))))))....))))..))))))))..)))))))))))).))).))))))))........	103	44.40	-50.80	314255.00	202931.67
miR535	vvi-miR535a	TGACAACGAGAGAGAGCACGC	21	chr7	-	433583	433683	tgtaattgctTGACAACGAGAGAGAGCACGCtagtctgcattcatgcgaggaacatgactgtgtacaggcgtgctctctgtcgctgtcatacaatcttctc	5'	....((((..(((((.(((.((((((((((((..((..(((.(((((.......))))).)))..))..))))))))))).))).))))))..))))......	91	48.50	-47.50	33278.67	29118.33
miR2111	vvi-miR2111-5p	TAATCTGCATCCTGAGGTCTA	21	chr8	-	15368653	15368760	gcaatattgggtcaggatcgggTAATCTGCATCCTGAGGTCTAgataagtatatctccgttgcagctagtcctctggttgcagattacttcttcctcactgccaatgc	5'	....((((((((.((((...((((((((((((.((.((((.((((....(((.........)))..)))).)))).)).))))))))))))...)))).))..)))))).	103	47.20	-43.20	243.67	71.67
miR2950	vvi-miR2950-5p_R-1	TTCCATCTCTTGCACACTGG	20	chr7	+	14340407	14340513	tggcttacatgggcttgtgatgtaTTCCATCTCTTGCACACTGGaccagcgctccagctgcagttTGGTGTGCACGGGATGGAATAcatcatggattcatgatgtgg	5'	..((...(((((..(..((((((((((((((((.(((((((..(((((((......))))..)))..))))))).)))))))))))))))))..)..)))))..))..	103	50.50	-59	59.00	14.67
	vvi-miR2950-3p	TGGTGTGCACGGGATGGAATA	21	chr7	+	14340407	14340513	tggcttacatgggcttgtgatgtaTTCCATCTCTTGCACACTGGaccagcgctccagctgcagttTGGTGTGCACGGGATGGAATAcatcatggattcatgatgtgg	3'	..((...(((((..(..((((((((((((((((.(((((((..(((((((......))))..)))..))))))).)))))))))))))))))..)..)))))..))..	103	50.50	-59	6.00	0.00
miR3623	vvi-miR3623-5p	TCACAAGTTCATCCAAGCACCA	22	chr18	+	24650012	24650140	aagaattttgatgatctTCACAAGTTCATCCAAGCACCAtctaaagctcaaacaggcctacggttttcttcaaaactaggcttattcatgaTGGTGCTTGGACGAATTTGCTaagaacattaagttctt	5'	(((((.(((((((.((((..(((((((.(((((((((((((...........((((((..((((((....))))))))))))......)))))))))))))).))))))))..)))).))))))))))))	129	37.20	-50.80	60200.67	35613.00
	vvi-miR3623-3p_R-1	TGGTGCTTGGACGAATTTGCT	21	chr18	+	24650012	24650140	aagaattttgatgatctTCACAAGTTCATCCAAGCACCAtctaaagctcaaacaggcctacggttttcttcaaaactaggcttattcatgaTGGTGCTTGGACGAATTTGCTaagaacattaagttctt	3'	(((((.(((((((.((((..(((((((.(((((((((((((...........((((((..((((((....))))))))))))......)))))))))))))).))))))))..)))).))))))))))))	129	37.20	-50.80	1904.00	1367.67
miR3624	vvi-miR3624-p5	AAGTTTATCTCTGCAAGGTG	20	chr8	+	2139190	2139391	gggtagtatgctgctgtctttagaatatctggatgAAGTTTATCTCTGCAAGGTGgcaagaacatcaagagtactatggtggcttctctgctgggttaaggcttcttctggggtgatttgatatcaatactcttgatggttttgccacctttgcagatcatgagctccattctcagcttcTCAGGGCAGCAGCATACTACTt	5'	.((((((((((((((((((.((((.....(((((.(((((((.((((((((((((((((.((((((((((((...(((((...((.((.(..((...........))..))).)).....))))).))))))))))).))))))))))).))))))))..))))))).)))))......)))).))))))))))))))))))).	200	44.60	-100.20	491.00	287.33
	vvi-miR3624-3p	TCAGGGCAGCAGCATACTACT	21	chr8	+	2139190	2139391	gggtagtatgctgctgtctttagaatatctggatgAAGTTTATCTCTGCAAGGTGgcaagaacatcaagagtactatggtggcttctctgctgggttaaggcttcttctggggtgatttgatatcaatactcttgatggttttgccacctttgcagatcatgagctccattctcagcttcTCAGGGCAGCAGCATACTACTt	3'	.((((((((((((((((((.((((.....(((((.(((((((.((((((((((((((((.((((((((((((...(((((...((.((.(..((...........))..))).)).....))))).))))))))))).))))))))))).))))))))..))))))).)))))......)))).))))))))))))))))))).	200	44.60	-100.20	1508.00	1147.00
miR3625	vvi-miR3625-3p	CGGGAGATGACTACTGGAAGC	21	chr17	-	2378186	2378340	caagaagactataccttatacatcagttttggcttccagcagtcatctccaaggtggagcaaaacttgattgcccttgctgaattgatctgctcctccCGGGAGATGACTACTGGAAGCcaaaactcgtatttgtgtgtgtgtatgctctgtttg	3'	..((.((..(((((..((((((..((((((((((((((((.((((((((((..((.((((((....(..(((((....))..)))..)..)))))).))..)))))))))).)))))))))))))))))......))))))).))))))..)))).....	148	45.20	-68.70	27.00	13.67
miR3627	vvi-miR3627-3p	TCGCCGCTCTCCTGTGACAAG	21	chr14	-	28302547	28302693	gaaggaaagcgagaaagaaagaggggttgggggtttcttgtcgcaggagagacggcacttgctcttgtgtagcaaattgcaagcggcaaTCGCCGCTCTCCTGTGACAAGatacccttcagcttctttcctacattcttcgccctac	3'	..(((...(((((((....((((..(((((((((.(((((((((((((((((.((((..((((((((((..........))))).)))))..)))))))))))))))))))))).))))).)))).))))......))))).)))))))..	143	51.70	-75.10	11.67	6.00
miR3628	vvi-miR3628-p3	CACAGCTCTCGCATCCCTTTC	21	chr13	-	16716055	16716204	gaatgattattgttgttaaagagataatggaaagggatgcgagagccgtgcttagtatgccacctactaagattattgaatatataaaacttcatctgctaagCACAGCTCTCGCATCCCTTTCcattatctctcatggcttcccggttc	3'	((((.......((..(...((((((((((((((((((((((((((.((((((((((......((....)).....((((..........))))..)))))))))).)))))))))))))))))))))))))))).)..))......))))	129	40.70	-68.70	5.00	0.00
miR3629	vvi-miR3629a-3p_L+1R-1	TGGCTGCTGAGAAAATGTAGG	21	chr17	+	822213	822334	tctgttTGGCTGCTGAGAAAATGTAGGaaaagcgatgaagcttgaggacataaaaataggttgggtttgagacggctgttgccctctttccttttcctttcatttctcagtaaccaaaggga	5'	((..(((((.((((((((((.((.((((((((.((..(((((..(...............)..))))).(((.(((....))).))).))))))))))..)))))))))))).))))))..))	122	42.60	-41.80	2.56	2.33
	vvi-miR3629a-3p_L+1R-1	TGGCTGCTGAGAAAATGTAGG	21	chr14	+	3031525	3031629	tttgttttcgtccggtttctcagcaaccaaacagggttcattcgattttgaaattcctacatcggatgctgggtgtTGGCTGCTGAGAAAATGTAGGaagaggga	3'	....(..((.(((..((((((((((.((((((..((..((((((((((..............))))))))))..)).)))).)))))))))))).....))).))..).	100	44.80	-33.50	2.56	2.33
	vvi-miR3629a-3p_L+1R-1	TGGCTGCTGAGAAAATGTAGG	21	chr13	+	18253988	18254169	tttttttttcccgcattttctcagcagccaagcagagtgtggggtttaagagattatcgacttggattgtgctgctagttgctgcacattttctgggtttcaagtggttccaactgggtttggatttgtatctctccgtttatcacttagttTGGCTGCTGAGAAAATGTAGGaaaaagaaa	3'	(((((((((((..((((((((((((((((((((((..((((.........((((((....((((..((.(((((.((.....)).)))))...))..))))..........((((((......)))))).....))))))).......)))))..))))))))))))))))))))))..)))))))))))	182	41.20	-80.40	2.56	2.33
miR3630	vvi-miR3630-5p_L-1	GCAAGTGACGATATCAGACA	20	chr17	+	6897444	6897545	cagtatggttgtGCAAGTGACGATATCAGACAgggacatcagcacctccaatggagaatgatgatttgtctttGGGAATCTCTCTGATGCACaagcatattg	5'	(((((((.(((((((((.((.(((..(((((((...(((((....((((...))))..)))))..))))))...)..))))).))..))))))).))))))))	102	44.10	-34.70	18.00	4.33
	vvi-miR3630-3p_L-3	GGGAATCTCTCTGATGCAC	19	chr17	+	6897444	6897545	cagtatggttgtGCAAGTGACGATATCAGACAgggacatcagcacctccaatggagaatgatgatttgtctttGGGAATCTCTCTGATGCACaagcatattg	3'	(((((((.(((((((((.((.(((..(((((((...(((((....((((...))))..)))))..))))))...)..))))).))..))))))).))))))))	102	44.10	-34.70	61.00	51.00
miR3631	vvi-miR3631a-5p	CATGTTGACATCATCCAATATA	22	chr10	-	8408009	8408231	aggtggtgtttgtttttggcttaatagaaaaagtcaaaatatttggctttttctattcagctaaaagtaaCATGTTGACATCATCCAACATAactaaactgaacctattgataacaagttcatttagctATATTGGATGGTGTCAACAACttacttttagcttaatagaaaaagccaaatattttggctttttctattcagccaaaaaacaaacaccacct	5'	(((((((((((((((((((((.((((((((((((((((((((((((((((((((((((((.(((((((((((..((((((((((((((.(((.(((((.(((((...(((....))))))))).))))).)).)))))))))))))))))..)))))))))))).))))))))))))))))))))))))))))))))))))).))))))))))))))))))))))	223	30.50	-136.30	2.56	1.00
	vvi-miR3631a-3p_L-1R+1	ATATTGGATGATGTCAACAAG	21	chr10	-	8408009	8408231	aggtggtgtttgtttttggcttaatagaaaaagtcaaaatatttggctttttctattcagctaaaagtaaCATGTTGACATCATCCAACATAactaaactgaacctattgataacaagttcatttagctATATTGGATGGTGTCAACAACttacttttagcttaatagaaaaagccaaatattttggctttttctattcagccaaaaaacaaacaccacct	3'	(((((((((((((((((((((.((((((((((((((((((((((((((((((((((((((.(((((((((((..((((((((((((((.(((.(((((.(((((...(((....))))))))).))))).)).)))))))))))))))))..)))))))))))).))))))))))))))))))))))))))))))))))))).))))))))))))))))))))))	223	30.50	-136.30	10.33	4.33
	vvi-miR3631a-5p	CATGTTGACATCATCCAATATA	22	chr5	+	6430141	6430304	gtggtgtttgtttttatttttctattcagctaaaagtaaCATGTTGACATCATCCAATATAactaaactgaacctattgataacaagttcattttagctaTGTTGGATGATGTCAATAAGTtacttttaactaaataaaaaaagccaaaaaacaaacaccac	5'	((((((((((((((.((((((.((((.((.(((((((((.((((((((((((((((((((.(((((.(((((...(((....)))))))).))))).))))))))))))))))))))).)))))))))).)).)))).))))))..)))))))))))))))	164	27.40	-75.30	2.56	1.00
	vvi-miR3631b-3p	TGTTGGATGATGTCAATAAGT	21	chr5	+	6430141	6430304	gtggtgtttgtttttatttttctattcagctaaaagtaaCATGTTGACATCATCCAATATAactaaactgaacctattgataacaagttcattttagctaTGTTGGATGATGTCAATAAGTtacttttaactaaataaaaaaagccaaaaaacaaacaccac	3'	((((((((((((((.((((((.((((.((.(((((((((.((((((((((((((((((((.(((((.(((((...(((....)))))))).))))).))))))))))))))))))))).)))))))))).)).)))).))))))..)))))))))))))))	164	27.40	-75.30	73.00	50.67
	vvi-miR3631a-5p	CATGTTGACATCATCCAATATA	22	chr17	-	3471759	3472008	taaaagtaatctattaatatcaaccaacataattaaaagtgaacttgttattatcaataagtttagtctagttatatttattgatattaataagttacttttaacggaataggaaaaactaaggtgatgtttgtttttagttttttctattcagataaaagtaaCATGTTGACATCATCCAATATAattaaactgaacatataacaagttcattttaattatgttggataatatcaatagattactttta	3'	((((((((((((((.((((...((((((((((.(((((((((((((((((.........((((((.((((((((((...((((.((((((.((((((((((...((((((((((((((((..((((....))))))))))))))))))))))...)))))))))).)))))).))))...))))))))))).))))))))..)))))))))))))))))))))))))))...)))).)))))))))))))))	250	21.20	-97.80	2.56	1.00
miR3632	vvi-miR3632-5p	GGATTGGGGGCCGATGGAAAGG	22	chr14	+	23394870	23395028	gtgtaggagaaagtaaagggagagtgagagaatggggagcgtctGGATTGGGGGCCGATGGAAAGGgtccctaaacatttgaagatgtgtgaagataccTTTCCCAGACCCCCAATACCAAaggcttcccaccttcccatcccttccttctctctgcat	5'	((((((((((....((((((...((.(((..((((((((...(((((((((((.....((((((((((.....(((((....)))))......))).))))))))....))))))))).)))...))))))))..))).))))))))..))))).))))))	159	50.90	-68.40	83.67	41.67
	vvi-miR3632-3p	TTTCCCAGACCCCCAATACCAA	22	chr14	+	23394870	23395028	gtgtaggagaaagtaaagggagagtgagagaatggggagcgtctGGATTGGGGGCCGATGGAAAGGgtccctaaacatttgaagatgtgtgaagataccTTTCCCAGACCCCCAATACCAAaggcttcccaccttcccatcccttccttctctctgcat	3'	((((((((((....((((((...((.(((..((((((((...(((((((((((.....((((((((((.....(((((....)))))......))).))))))))....))))))))).)))...))))))))..))).))))))))..))))).))))))	159	50.90	-68.40	199.00	100.33
miR3633	vvi-miR3633a-5p_R-1	GGAATGGATGGTTAGGAGA	19	chr17	+	5521907	5522061	gaaatgggagatgaatatttcgaaagcaataGGAATGGATGGTTAGGAGAgaactcctcttatatatttcttcatcttctccgccggagatgtggaagtgcagttggTTCCTATACCACCCATTCCCTAcggttttcgaaattttctccctttttc	5'	((((.((((((.....((((((((((..(((((((((.((((((((((..((((.........((((((..(((((((......)))))))..)))))).))))..)))))).)))).))))).))))..))))))))))))..)))))).))))	155	41.90	-64.30	369.00	176.67
	vvi-miR3633a-3p	TTCCTATACCACCCATTCCCTA	22	chr17	+	5521907	5522061	gaaatgggagatgaatatttcgaaagcaataGGAATGGATGGTTAGGAGAgaactcctcttatatatttcttcatcttctccgccggagatgtggaagtgcagttggTTCCTATACCACCCATTCCCTAcggttttcgaaattttctccctttttc	3'	((((.((((((.....((((((((((..(((((((((.((((((((((..((((.........((((((..(((((((......)))))))..)))))).))))..)))))).)))).))))).))))..))))))))))))..)))))).))))	155	41.90	-64.30	12737.33	8597.00
	vvi-miR3633b-5p_R-1	GGAATGGGTGGCTGGGATCT	20	chr17	+	5521567	5521678	tcccggaggcccatgGGAATGGGTGGCTGGGATCTaatgtttcttcacatcatgtagatgtgtcaaaaagctgagttgGTTCCCATGCCATCCATTCCTAtcgttcccggga	5'	((((((..((..(((((((((((((((((((.(((((((((...((((((.....))))))).....))))...))))).))))).)))))))))))))).))..))))))	112	50.90	-60	47.33	27.67
	vvi-miR3633b-3p	GTTCCCATGCCATCCATTCCTA	22	chr17	+	5521567	5521678	tcccggaggcccatgGGAATGGGTGGCTGGGATCTaatgtttcttcacatcatgtagatgtgtcaaaaagctgagttgGTTCCCATGCCATCCATTCCTAtcgttcccggga	3'	((((((..((..(((((((((((((((((((.(((((((((...((((((.....))))))).....))))...))))).))))).)))))))))))))).))..))))))	112	50.90	-60	960.67	558.00
miR3634	vvi-miR3634-5p	GGCATATGTGTGACGGAAAGA	21	chr17	-	5681205	5681313	agggtggagttttgtgaagcttatGGCATATGTGTGACGGAAAGAaaggtgtttaaatcatgtcTTTCCGACTCGCACTCATGCCGTtggtttcagatcactcctccct	5'	((((.(((((....((((((..(((((((..((((((((((((((..(((......)))...))))))))..))))))..)))))))..))))))....))))).))))	109	45.90	-53.20	45.00	26.67
	vvi-miR3634-3p	TTTCCGACTCGCACTCATGCCGT	23	chr17	-	5681205	5681313	agggtggagttttgtgaagcttatGGCATATGTGTGACGGAAAGAaaggtgtttaaatcatgtcTTTCCGACTCGCACTCATGCCGTtggtttcagatcactcctccct	3'	((((.(((((....((((((..(((((((..((((((((((((((..(((......)))...))))))))..))))))..)))))))..))))))....))))).))))	109	45.90	-53.20	6350.00	3698.00
miR3635	vvi-miR3635-3p	ATTATGTCCCACACATGCCTC	21	chr18	+	27357633	27357764	aataacaagaaggcatgtgtggggcataatagagaatgcaaagaaagggttgctattgagtgtgatattgggacaatgacataccatttttttgcattgtctATTATGTCCCACACATGCCTCcttgttatt	3'	((((((((.((((((((((((((((((((((((.((((((((((((.(((((..((((...............))))..)).))).)))))))))))).))))))))))))))))))))))))).)))))))))	132	37.90	-72.60	484.67	345.33

miR3636	vvi-miR3636-5p_R-3	TCGGTTTGCTTCTTTGATAGA	21	chr16	-	5414826	5414966	taatttatttgtcgaatagactctTCGGTTTGCTTCTTTGATAGAttcagtgatatgtcatgtaattttgttcaaaattaaggacatttatttactgtGTCTGTCGGAGAAGCAAGTCGGAGagtctcttcagatgaattg	5'	......(((..(((((.((((((((((..((((((((..((((((..((((((.(((((...(((((((....)))))))..)))))....))))))..))))))..))))))))..)))))))))).))).))..)))..	133	34.00	-65	70.67	52.33
	vvi-miR3636-3p_1ss1GA	ATCTGTCGGAGAAGCAAGTCGGAG	24	chr16	-	5414826	5414966	taatttatttgtcgaatagactctTCGGTTTGCTTCTTTGATAGAttcagtgatatgtcatgtaattttgttcaaaattaaggacatttatttactgtGTCTGTCGGAGAAGCAAGTCGGAGagtctcttcagatgaattg	3'	......(((..(((((.((((((((((..((((((((..((((((..((((((.(((((...(((((((....)))))))..)))))....))))))..))))))..))))))))..)))))))))).))).))..)))..	133	34.00	-65	30.67	16.00
miR3638	vvi-miR3638-5p_R-3	TGTGCCTTTTCGCGCTTGTTG	21	chr17	-	7119929	7120133	atataatgataaataataaactgctgtaactactttatttttttgtttgccttgggtgctttggTGTGCCTTTTCGCGCTTGTTGctaatatatatatatataggcaaaaatatatattagcaacaagcatgaaaaggcacaccaaagcaccgagggcaaacaaaaaataaaggtagttacaacagtttattattcatcattatat	5'	((((((((((.(((((((((((((.((((((((((((((((((((((((((((((.((((((((((((((((((((..((((((((((((((((((((.............))))))))))))))))))))..)))))))))))))))))))))).)))))))))))))))))))))).))))))))).))))))))))))).)))))))))))	205	30.70	-129.50	1.67	0.00
miR3639	vvi-miR3639-5p	ATTGACTTCTGAAAGGCTAAAAGC	24	chr9	+	21823006	21823219	gttcaaaagctcttgttgaataacaatgatacacgatgaagcttcgttataaaaaaacttttaaaacctgtttggATTGACTTCTGAAAGGCTAAAAGCtcttattaagcttaaaTAAGAGCTTTTGGCTTCTcagaagtcaatccaaacaaggtcttaaaattttttttataataaagtttgaaacgttgttattatcatcaacgcttttgtac	5'	((.((((((((..(((.((((((((((((...((......(((((..((((((((((.((((((.(((((((((((((((((((((((((.((((((((((((((((((((.......))))))))))))))))))))).)))))))))))))))))))))).))).)))))))))))))))))..))))))))...))))))))))..))).))).))))))).))	214	29.90	-93.60	18.33	21.33
	vvi-miR3639-p3	TAAGAGCTTTTGGCTTCT	18	chr9	+	21823006	21823219	gttcaaaagctcttgttgaataacaatgatacacgatgaagcttcgttataaaaaaacttttaaaacctgtttggATTGACTTCTGAAAGGCTAAAAGCtcttattaagcttaaaTAAGAGCTTTTGGCTTCTcagaagtcaatccaaacaaggtcttaaaattttttttataataaagtttgaaacgttgttattatcatcaacgcttttgtac	3'	((.((((((((..(((.((((((((((((...((......(((((..((((((((((.((((((.(((((((((((((((((((((((((.((((((((((((((((((((.......))))))))))))))))))))).)))))))))))))))))))))).))).)))))))))))))))))..))))))))...))))))))))..))).))).))))))).))	214	29.90	-93.60	1.67	0.00
miR3640	vvi-miR3640-p5	ACACGTGACACCACCTGATTGG	22	chr16	+	11986826	11987025	gggtataatggaatggcacccgaagctgtACACGTGACACCACCTGATTGGtgatgctttttggtacatattgaaaagggtatctttcgatcctatagtatgatcaaacccggagtatgcttatatcagtatctATCGAAAAGGCATCATCAATCAGGtaatgccacgtgtgcaactcaggtctcattgttttataccc	5'	((((((((...((((..(((.(.((.((((((((((.((..(((((((((((((((((((((((((((.((((((((...(((.(((....))))))..(((((..((.......))..)))))....)))))))).)))))))))))))))))))))))))))))..)).)))))))))).))).)))..))))...))))))))	200	42.00	-89.10	91.00	82.00
	vvi-miR3640-3p	ATCGAAAAGGCATCATCAATCAGG	24	chr16	+	11986826	11987025	gggtataatggaatggcacccgaagctgtACACGTGACACCACCTGATTGGtgatgctttttggtacatattgaaaagggtatctttcgatcctatagtatgatcaaacccggagtatgcttatatcagtatctATCGAAAAGGCATCATCAATCAGGtaatgccacgtgtgcaactcaggtctcattgttttataccc	3'	((((((((...((((..(((.(.((.((((((((((.((..(((((((((((((((((((((((((((.((((((((...(((.(((....))))))..(((((..((.......))..)))))....)))))))).)))))))))))))))))))))))))))))..)).)))))))))).))).)))..))))...))))))))	200	42.00	-89.10	516.33	336.67