

Table 1 Suppl. Specific reverse transcription quantitative PCR primers for microRNAs identified in *Cucumis*.

Number	miRNAs	Primer sequences
1	csa-miR171e-p5-cme	GCTATTGGTCCGGTTCCTCAGA
2	csa-miR171d-p5_cme	AGATGTTGGTCCGGTTCATA
3	csa-miR397-p3_cme	TCAGCGCTTCATTCAATCACG
4	csa-miR171u-p5_gma	CGGTGTTGGAACAGTTCAATC
5	csa-miR156b_cme	CGGTTGACAGAAGATAGAGAGCAC
6	csa-miR156g_ath	CGACAGAAGAGAGTGAGCAC
7	csa-miR156a_cme	GCTTGACAGAAGAGAGTGAGCAC
8	PC-260-3p	CGGCCGTTAAGAATTGTAGTATGAA
9	PC-131-3p	CCCGGCATTTAAGATTTGCAGTAT
Reference	U6snRNA	GTGCAGGGTCCGAGGTTTTGGACCATTTCTCGAT

Table 2 Suppl. MicroRNAs (miRNAs) detected in *Cucumis*. a - 5p/3p indicates that the mature miRNAs are in the same position in the precursor as the reported mature miRNAs; b - new discovered 5p/3p sequence was annotated as p3/p5, which is different with the reported sequences; c - ‘_aly’ indicates that the miRNAs was found in *Arabidopsis lyrata* with ‘aly’ as an abbreviation. aly - *Arabidopsis lyrata*; ata - *Aegilops tauschii*; ath - *Arabidopsis thaliana*; bdi - *Brachypodium distachyon*; bna - *Brassica napus*; cca - *Cynara cardunculus*; cme - *Cucumis melo*; cpa - *Carica papaya*; csi - *Citrus sinensis*; ctr - *Citrus trifoliata*; gma - *Glycine max*; hvu - *Hordeum vulgare*; lus - *Linum usitatissimum*; mdm - *Malus × domestica*; mes - *Manihot esculenta*; mtr - *Medicago truncatula*; nta - *Nicotiana tabacum*; osa - *Oryza sativa*; ppe - *Prunus persica*; ppt - *Physcomitrella patens*; ptc - *Populus trichocarpa*; rco - *Euphorbiaceae plants*; sbi - *Sorghum bicolor*; sly - *Solanum lycopersicum*; stu - *Solanum tuberosum*; tae - *Triticum aestivum*; vvi - *Vitis vinifera*; zma - *Zea mays*. The conserved miRNAs with these abbreviations indicate that the miRNAs were firstly found in tomato in this study. The conserved miRNAs with no abbreviations indicate that the miRNAs had been found in tomato before. d - Sequence in miRbase, new - miRNAs identified in this study and not reported in the miRBase, mainly for a new reported 5p or 3p sequence; diff - confirming miRNA sequences in the miRBase, but different sequences are reported in our study; yes - confirming miRNA sequences in the miRBase; e - expression levels, high - the number of reads in the following reported miRNAs is higher than the average copy of the data set; medium - the number of reads in the following reported miRNAs is higher than 10 and less than the average copy of the data set; low - the number of reads in the following reported miRNAs is less than 10.

Pre-miRNA index	miRNA index	miRNA name ^{abc}	miRNA sequence	Length	Group	Norm Reads								Expression level ^e
						HH_1	MHH_2	M_1	CC_M_2	HHCC_M1	HHCC_M2	HHCC_Y1	HHCC_Y2	
1	1	csa-miR156a_cme	TGACAGAAGAGAGTGAGCA C	20	gp1	147.72	121.33	211.80	21.78	224.41	149.33	58.14	68.04	middle
1	2	csa-miR156i-p3_cme	TAGTATGTGCTCATTCTCTT T	22	gp1	59.15	31.84	1.79	6.94	7.81	65.79	0.23	0.00	middle
2	3	csa-miR156b_cme	TTGACAGAAGATAGAGAGC AC	21	gp1	2062.95	798.68	2125.93	433.81	2194.84	2383.86	168.42	163.24	high
2	4	csa-miR156b-p3_cme	GCTCTCTATGCTTCTGTCA T	21	gp1	207.86	78.58	427.45	45.12	184.41	274.96	36.53	24.19	middle
3	5	csa-miR156a_cme	TTGACAGAAGAGAGTGAGC AC	21	gp1	1105.25	1075.47	1063.43	138.47	1098.64	1184.73	475.64	478.40	high
3	6	csa-miR156j-p3_cme	TGCTCACTTCTCTTCTGTCA GT	23	gp1	178.28	84.00	148.60	52.06	65.86	149.29	136.86	115.83	middle
4	7	csa-miR156g_cme	TGACAGAAGAGAGGGAGCA C	20	gp1	2.88	2.71	1.79	0.00	1.46	0.00	1.69	1.83	low
4	8	csa-miR156h-p3_cme	GCTCTCTATCTCTCTGTCA C	22	gp1	0.00	0.00	2.69	0.00	0.00	0.00	4.73	2.20	low
5	9	csa-miR156g_cme	TGACAGAAGAGAGGGAGCA C	20	gp1	2.88	2.71	1.79	0.00	1.46	0.00	1.69	1.83	low
6	10	csa-miR156a_cme	TGACAGAAGAGAGTGAGCA C	20	gp1	147.72	121.33	211.80	21.78	224.41	149.33	58.14	68.04	middle
6	11	csa-miR156c-p3_cme	TGCTCACTTCTCTTCTGTCA GC	23	gp1	28.75	10.16	39.39	41.65	11.22	21.93	22.55	16.86	middle
7	12	csa-miR156a_cme	TGACAGAAGAGAGTGAGCA C	20	gp1	147.72	121.33	211.80	21.78	224.41	149.33	58.14	68.04	middle
8	13	csa-miR156e_cme	TTGACAGAAGATAGAGGGC AC	21	gp1	13.15	7.45	20.14	0.00	6.34	0.00	10.15	2.20	middle
8	14	csa-miR156e-p3_cme	TTGTGCTCTCTATACTTTT	19	gp1	0.00	0.00	2.24	5.21	0.00	4.22	1.35	0.00	low
9	15	csa-miR156a_cme	TTGACAGAAGAGAGTGAGC AC	21	gp1	1105.25	1075.47	1063.43	138.47	1098.64	1184.73	475.64	478.40	high
9	16	csa-miR156d-p3_cme	GCTCACTTCTCTCTGTCA GA	22	gp1	0.00	1.35	10.74	0.00	1.95	27.83	3.38	0.00	middle
10	17	csa-miR159a-p5_cme	GAGCTCCTTGAAGTCCAATA G	21	gp1	32.04	25.74	55.50	114.53	25.37	27.83	100.11	89.44	middle
10	18	csa-miR159a_cme	TTTGATTGAAGGGAGCTCT	20	gp1	#####	70111.0	#####	9236.6	#####	#####	#####	#####	high

11	19	csa-miR159b-p5_cme	TGCTGCGAGTTCATGAATAC 21 C	gp1	2.46	0.00	2.69	1.74	0.00	0.00	4.06	5.13	low
11	20	csa-miR159b_cme	ATTGGATTGAAGGGAGCTCT 20 me	gp1	39.44	160.55	84.15	26.03	145.38	243.33	164.03	252.92	middle
12	21	csa-miR160d_cme	CTGCCTGGCTCCCTGAATGC 22 CA	gp1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.35	0.73	low
12	22	csa-miR160d-p3_cme	CATCATGGGAGTCATGCAG 21 GC	gp1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.98	0.00	0.00	2.20	low
13	23	csa-miR160a_cme	TGCCTGGCTCCCTGTATGCC 21 A	gp1	13.97	15.81	9.25	0.58	18.21	16.31	30.44	36.66	middle
13	24	csa-miR160c-3p_cpa	GCGTATGAGGAGCCATGCA 21 TA	gp1	0.00	0.68	1.79	1.74	1.95	4.22	4.73	3.67	low
14	25	csa-miR160a_cme	TGCCTGGCTCCCTGTATGCC 21 A	gp1	13.97	15.81	9.25	0.58	18.21	16.31	30.44	36.66	middle
14	26	csa-miR160a-3p_ath	GCGTATGAGGAGCCATGCA 21 TA	gp1	0.00	0.68	1.79	1.74	1.95	4.22	4.73	3.67	low
15	27	csa-miR160a_cme	TGCCTGGCTCCCTGTATGCC 21 A	gp1	13.97	15.81	9.25	0.58	18.21	16.31	30.44	36.66	middle
16	28	csa-miR162-p5_cme	GGAGGCAGCGGTTTCATCGA 21 CC	gp1	9.04	2.71	7.16	19.09	11.71	0.84	11.50	24.93	middle
16	29	csa-miR162_cme	TCGATAAACCTCTGCATCCA 21 G	gp1	95.30	75.87	162.92	67.67	58.54	75.07	130.54	116.56	middle
17	30	csa-miR164_cme	TGGAGAAGCAGGGCACGTG 21 CA	gp1	96.94	69.10	23.72	41.65	120.01	85.19	94.02	100.43	middle
17	31	csa-miR164c-p3_cme	CACGTGCTCCCTTTCTCCAA 21 C	gp1	45.19	50.13	36.70	0.00	60.49	20.24	223.89	128.29	middle
18	32	csa-miR164a_cme	TGGAGAAGCAGGGCACGTG 21 CT	gp1	143.77	100.26	79.22	5.21	206.85	155.19	102.81	105.57	middle
19	33	csa-miR164b_cme	TGGAGAGGCAGGGCACATG 21 CT	gp1	1.64	4.06	8.95	0.00	0.00	0.00	6.09	8.06	low
19	34	csa-miR164b-p3_cme	CATGTGCTCTTCTTCTCCAA 21 C	gp1	2.46	4.06	0.90	0.00	0.98	0.00	0.68	5.13	low
20	35	csa-miR166i-p5_cme	TGGAAACTGGTTCGAGAAC 21 GT	gp1	0.00	1.35	0.00	0.00	0.98	0.00	0.00	0.00	low
20	36	csa-miR166i-p3_cme	TCTCGGACCAGGCTTCATTC 20	gp1	435.87	537.24	237.94	4945.6	334.31	408.51	1156.15	#####	high
21	37	csa-miR166g-p5_cme	GAATGTTGTCTGGCTCGAGG 22 TT	gp1	0.00	0.45	2.09	3.47	2.60	0.00	10.37	4.64	middle
21	38	csa-miR166g_cme	TCTCGGACCAGGCTTCATTC 21 C	gp1	##### ##	10542.44	373.8	8715.8	4747.23	##### ##	##### ##	##### ##	high
22	39	csa-miR166a-p5_cme	GGAATGCTGTCTGGTTCGAG 21 A	gp1	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	0.00	2.93	low
22	40	csa-miR166a_cme	TCGGACCAGGCTTCATTCCC 21 C	gp1	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	high
23	41	csa-miR166f-p5_cme	GGAATGTTGTCTGGCTCGAG 21 G	gp1	512.24	110.19	261.25	268.09	493.38	281.29	838.62	713.18	high
23	42	csa-miR166a_cme	TCGGACCAGGCTTCATTCCC 21 C	gp1	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	high
24	43	csa-miR166b-p5_cme	GGAATGTTGTCTGGCTCGAG 21 G	gp1	512.24	110.19	261.25	268.09	493.38	281.29	838.62	713.18	high

24	44	csa-miR166a_cme	TCGGACCAGGCTTCATTCCC C	21	gp1	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	high
25	45	csa-miR166d-p5_cme	GGAATGTTGTCTGGTGCT	18	gp1	3.29	12.19	3.58	1.74	6.83	0.00	6.09	3.67	middle	
25	46	csa-miR166a_cme	TCGGACCAGGCTTCATTCCC C	21	gp1	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	##### ##	high	
26	47	csa-miR167a_cme	TGAAGCTGCCAGCATGATCT A	21	gp1	84.48	104.10	92.80	90.23	53.01	89.26	108.67	97.50	middle	
26	48	csa-miR167a-p3_cme	GGTCATGCTCTGACAGCCTC ACT	23	gp1	349.99	235.74	347.33	12.15	136.60	227.73	290.17	158.35	middle	
27	49	csa-miR167a_cme	TGAAGCTGCCAGCATGATCT A	21	gp1	84.48	104.10	92.80	90.23	53.01	89.26	108.67	97.50	middle	
27	50	csa-miR167b-p3_cme	GATCATATGGTAGCTTCACC	20	gp1	0.00	1.35	4.48	0.00	0.98	0.00	0.00	2.20	low	
28	51	csa-miR167e_cme	TCAAGCTGCCAGCATGATCT AA	22	gp1	39.85	22.13	60.43	74.61	21.95	29.10	66.29	50.95	middle	
28	52	csa-miR167e-p3_cme	AGATCATATGGCAGTTTTAC C	21	gp1	3.29	0.00	5.37	1.74	1.95	0.00	8.79	4.40	low	
29	53	csa-miR167d_cme	TGAAGCTGCCAGCATGATCT G	21	gp1	2659.68	4181.72	1295.49	180.46	2196.14	2854.08	2745.61	#####	high	
29	54	csa-miR167f-p3_cme	CATTTGGTTAAAGATTGGTT TC	22	gp1	0.00	0.00	0.00	0.00	2.93	0.00	0.00	0.00	low	
30	55	csa-miR168_cme	TCGCTTGGTGCAGGTCGGGA A	21	gp1	325.34	254.71	233.64	558.74	369.79	273.28	215.77	255.12	middle	
30	56	csa-miR168-p3_cme	CCC GCCTGCATCAACTGAA T	21	gp1	75.58	56.90	452.07	260.28	22.44	92.78	119.72	91.64	middle	
31	57	csa-miR169_cme	AAGCCAAGGATGAATTGCC GG	21	gp1	0.00	42.00	38.49	1.74	2.93	0.00	9.47	11.00	middle	
31	58	csa-miR169g-p3_cme	GGCAATTCCATTCTTGGCTA AG	22	gp1	0.00	4.06	3.58	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low	
32	59	csa-miR169r_cme	TGAGCCAAGAATGACTTGCC GGC	23	gp1	37.79	0.68	108.32	32.97	10.73	18.56	34.50	17.59	middle	
32	60	csa-miR169t_cme	CGGCGCGGTCTTCTTCGGCT CTT	23	gp1	0.00	0.00	1.79	15.62	5.85	0.00	9.47	2.20	middle	
33	61	csa-miR169a_cme	TAGCCAAAATGACTTGCCCT GC	22	gp1	23.00	10.84	10.74	17.35	6.83	16.87	37.20	15.40	middle	
34	62	csa-miR169k_cme	TGAGCCAAGGATGACTTGCC T	21	gp1	3.56	0.68	13.43	0.00	2.93	9.28	6.76	0.73	middle	
34	63	csa-miR169k-p_cme	GGAAGTCATCCTGGGCTCAT T	21	gp1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.73	low	
35	64	csa-miR169f_cme	CAGCCAAGGATGACTTGCC GG	21	gp1	9.86	5.42	8.06	1.74	15.61	10.12	3.38	0.00	middle	
35	65	csa-miR169f-p3_cme	GCAAGTCGTCCTTGGCTACC	20	gp1	171.71	28.45	95.79	26.03	140.50	138.33	58.17	30.06	middle	
36	66	csa-miR169e_cme	TAGCCAAGGATGACTTGCCCT G	21	gp1	1.51	0.00	0.45	0.00	6.34	0.00	0.00	0.00	low	
36	67	csa-miR169e-p3_cme	TAGGCAGTCTCCTTGGCTAC	20	gp1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00	low	
37	68	csa-miR169_cme	TAGCCAAAGATGACTTGCCCT GT	22	gp1	38.61	70.45	31.33	0.00	20.49	18.56	40.58	20.53	middle	

37	69	csa-miR169o-p3_cme	ATATTACAGGCAGTTGTCTA 24 AGGC	gp1	1.64	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.03	1.47	low
38	70	csa-miR169e_cme	TAGCCAAGGATGACTTGCCT 21 G	gp1	1.51	0.00	0.45	0.00	6.34	0.00	0.00	0.00	low
39	71	csa-miR171d-p5_cme	AGATGTTGGTCCGGTTCAAT 21 A	gp1	4.93	0.00	17.90	0.00	3.90	0.00	64.93	68.91	middle
39	72	csa-miR171b_cme	TTGAGCCGTGCCAATATCAC 22 GT	gp1	28.62	19.19	40.73	0.58	23.34	51.03	79.14	58.95	middle
40	73	csa-miR171a-p5_cme	CGATATTGGTGAGGTTCAAT 21 C	gp1	1.64	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00	0.68	7.33	low
40	74	csa-miR171a_cme	TGATTGAGCCGCGCCAATAT 21 C	gp1	62.71	36.58	135.80	4.34	47.73	60.19	302.18	211.50	middle
41	75	csa-miR171g-p5_cme	CGATGTTGGGGCAGTTCAAT 21 C	gp1	5.75	6.77	9.85	41.65	19.51	0.84	102.14	70.38	middle
41	76	csa-miR171a_cme	TGATTGAGCCGCGCCAATAT 21 C	gp1	62.71	36.58	135.80	4.34	47.73	60.19	302.18	211.50	middle
42	77	csa-miR171e-p5_cme	TATTGGTCCGGTTCACCTCAG 21 A	gp1	47.65	28.45	84.15	36.44	43.91	9.28	413.28	423.00	middle
42	78	csa-miR171a_cme	TGATTGAGCCGCGCCAATAT 21 C	gp1	62.71	36.58	135.80	4.34	47.73	60.19	302.18	211.50	middle
43	79	csa-miR171i-p5_cme	TGATTGAGCCGTCCCAATAT 21 C	gp1	0.27	0.00	0.00	0.00	0.33	0.00	1.07	0.18	low
43	80	csa-miR171i-p3_cme	GAAGGAATTGAAGGATGG 18	gp1	0.00	2.71	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
44	81	csa-miR171c-p5_cme	TGTTGGAACGGTTCAATC 18	gp1	12.32	0.00	8.95	46.85	9.76	25.30	3.38	0.00	middle
44	82	csa-miR171c_cme	TGATTGAGCCGTGCCAATAT 21 C	gp1	281.52	175.68	314.39	19.67	143.43	189.10	328.45	232.88	middle
45	83	csa-miR171b-p5_cme	GGATATTGGTGCGGTTCAAT 21 A	gp1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	3.38	3.67	low
45	84	csa-miR171b-p3_cme	TGATTGAGCCGTGCCAATAT 21 C	gp1	281.52	175.68	314.39	19.67	143.43	189.10	328.45	232.88	middle
46	85	csa-miR172c-p5_cme	GTAGCATCTTCAAGATTCAC 21 A	gp1	22.18	5.42	34.02	8.68	25.37	75.91	8.79	16.13	middle
46	86	csa-miR172b_cme	AGAATCTTGATGATGCTGCA 21 T	gp1	72.43	65.03	71.47	18.51	60.33	89.83	46.45	41.91	middle
47	87	csa-miR172e-p5_cme	GCTGCATCATCAAGATTC 18	gp1	0.00	0.00	0.00	1.74	0.00	0.00	0.00	0.00	low
47	88	csa-miR172e_cme	GAGAATCTTGATGATGCTGC 21 A	gp1	15.34	18.97	18.20	17.64	17.89	29.10	8.57	18.82	middle
48	89	csa-miR172b-p5_cme	GTAGCATTATCAAGATTCAC 21 A	gp1	25.47	10.84	51.03	8.68	10.73	6.75	24.35	32.26	middle
48	90	csa-miR172b_cme	AGAATCTTGATGATGCTGCA 21 T	gp1	72.43	65.03	71.47	18.51	60.33	89.83	46.45	41.91	middle
49	91	csa-miR319a_cme	TTGGACTGAAGGGAGCTCCC 20	gp1	321.03	461.89	944.35	29.79	778.85	534.11	1037.25	#####	high
50	92	csa-miR319d-p5_cme	TGCTGCTCATTCGTTAGTTC 21 T	gp1	8.22	16.26	99.37	6.94	26.34	19.40	41.94	57.18	middle
50	93	csa-miR319c_cme	TTGGACTGAAGGGAGCTCCT 20	gp1	375.25	805.34	563.15	9.83	817.39	839.44	716.30	955.29	high

51	94	csa-miR319c-p5_cme	AACTGCCGACTCATTCACTC 21 A	gp1	11.50	13.55	8.95	13.88	2.93	19.40	49.38	36.66	middle
51	95	csa-miR319c_cme	TTGGACTGAAGGGAGCTCCT 20	gp1	375.25	805.34	563.15	9.83	817.39	839.44	716.30	955.29	high
52	96	csa-miR319a-p5_cme	AGAGCTTTCTTCAGTCCACT 21 C	gp1	0.00	2.71	5.37	0.00	0.00	0.00	1.35	5.13	low
52	97	csa-miR319a_cme	TTGGACTGAAGGGAGCTCCC 20	gp1	321.03	461.89	944.35	29.79	778.85	534.11	1037.25	#####	high
53	98	csa-miR390a_cme	AAGCTCAGGAGGGATAGCG 21 CC	gp1	16.64	6.44	32.90	0.87	17.07	8.01	193.62	135.44	middle
53	99	csa-miR390a-p3_cme	CGCTATCTATCCTGAGTTTC 21 A	gp1	0.00	0.00	1.34	0.00	2.93	0.00	1.35	2.57	low
54	100	csa-miR390a_cme	AAGCTCAGGAGGGATAGCG 21 CC	gp1	16.64	6.44	32.90	0.87	17.07	8.01	193.62	135.44	middle
54	101	csa-miR390c-p3_cme	CGCTATCCATCCTGAGTTTC 20	gp1	1.23	4.74	2.69	0.87	2.93	1.69	11.16	5.50	middle
55	102	csa-miR390a_cme	AAGCTCAGGAGGGATAGCG 21 CC	gp1	16.64	6.44	32.90	0.87	17.07	8.01	193.62	135.44	middle
55	103	csa-miR390d-p3_cme	CGCTATCCATCCTGAGTTTC 21 C	gp1	66.14	45.39	62.66	0.87	8.78	26.15	130.21	83.21	middle
56	104	csa-miR390a_cme	AAGCTCAGGAGGGATAGCG 21 CC	gp1	16.64	6.44	32.90	0.87	17.07	8.01	193.62	135.44	middle
56	105	csa-miR390b-p3_cme	CGCTATCTATCCTGAGTTTC 21 A	gp1	0.00	0.00	1.34	0.00	2.93	0.00	1.35	2.57	low
57	106	csa-miR393a_cme	TCCAAAGGGATCGCATTGAT 21 C	gp1	27.93	120.58	25.51	416.45	17.07	37.11	11.84	17.23	middle
57	107	csa-miR393b-p3_cme	ATCATGCCATCTCTTTGGAT 21 T	gp1	12.32	4.06	128.01	69.41	4.88	17.71	16.23	13.93	middle
58	108	csa-miR393a_cme	TCCAAAGGGATCGCATTGAT 21 C	gp1	27.93	120.58	25.51	416.45	17.07	37.11	11.84	17.23	middle
58	109	csa-miR393c-p3_cme	ATCGTGCGATCCCTTAGGAA 21 T	gp1	0.82	0.00	3.58	6.94	0.00	0.00	0.00	0.00	low
59	110	csa-miR395a_cme	TGAAGTGTTTGGGGGAACTC 21 T	gp1	11.78	0.00	6.71	3.18	32.69	8.43	18.94	10.63	middle
60	111	csa-miR395b-p5_cme	CCTGAACAACCTTCATCTAGG 21 T	gp1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4.22	0.00	0.00	low
60	112	csa-miR395b_cme	TGAAGTGTTTGGGGGAACTC 21 T	gp1	11.78	0.00	6.71	3.18	32.69	8.43	18.94	10.63	middle
61	113	csa-miR395a_cme	TGAAGTGTTTGGGGGAACTC 21 T	gp1	11.78	0.00	6.71	3.18	32.69	8.43	18.94	10.63	middle
62	114	csa-miR396e_cme	TTCCACGGCTTTCTTGAACT 21 G	gp1	197.18	115.16	671.12	60.73	82.45	113.02	378.78	444.99	middle
62	115	csa-miR396e-p3_cme	GTTCAATAAAGCTGTGGGA 21 AG	gp1	925.90	992.42	745.69	177.86	778.61	1678.88	478.89	434.73	high
63	116	csa-miR396a_cme	TTCCACAGCTTTCTTGAACT 21 T	gp1	123.17	174.10	338.78	129.56	93.10	130.24	180.99	184.62	middle
63	117	csa-miR396d-p3_cme	GTTCAAGAAAGCTGTGGGA 21 GA	gp1	184.85	205.26	637.37	211.70	176.60	189.78	422.07	286.64	middle
64	118	csa-miR396a_cme	TTCCACAGCTTTCTTGAACT 21 T	gp1	123.17	174.10	338.78	129.56	93.10	130.24	180.99	184.62	middle

64	119	csa-miR396c-p3_cme	CTCAAGATAGCTGTGGGAA A	20	gp1	4.11	2.71	7.16	0.00	0.00	12.65	8.79	16.13	middle
65	120	csa-miR396a_cme	TTCCACAGCTTTCTTGAAC T	21	gp1	123.17	174.10	338.78	129.56	93.10	130.24	180.99	184.62	middle
65	121	csa-miR396a-p3_cme	CTCAAGAAAAGCTGTGGGAA ATT	22	gp1	0.00	2.03	0.00	0.00	0.98	0.00	0.00	0.00	low
66	122	csa-miR396b_cme	TTCCACAGCTTTCTTGAAC G	21	gp1	1235.84	1553.37	19.69	163.11	380.77	1647.46	260.92	254.75	high
66	123	csa-miR396b-p3_cme	GTTCAATAAAGCTGTGGGA AG	21	gp1	925.90	992.42	745.69	177.86	778.61	1678.88	478.89	434.73	high
67	124	csa-miR397_cme	TCATTGAGTGCAGCGTTGAT G	21	gp1	585.77	96.19	812.83	294.99	1999.21	195.68	13.53	6.60	high
67	125	csa-miR397-p3_cme	TCAGCGCTTCATTCAATCAC G	21	gp1	9.04	0.00	44.76	53.79	13.66	5.06	0.00	0.00	middle
68	126	csa-miR398b-p5_cme	GGAGTGAACCTGAGAACAC AAG	22	gp1	21.36	0.00	7.16	5.21	4.88	5.06	16.23	12.46	middle
68	127	csa-miR398b_cme	TTGTGTTCTCAGGTCACCCC T	21	gp1	92.84	10.84	92.20	145.76	105.38	60.73	125.81	95.30	middle
69	128	csa-miR399a-p5_cme	GGGCAATGACTCTTTTGGCA GA	22	gp1	0.00	2.71	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
70	129	csa-miR399c-p5_cme	TGGGCAATTACTCCATTGGC AGT	23	gp1	0.82	2.71	0.00	6.94	0.00	5.90	1.35	0.73	low
71	130	csa-miR399e-p5_cme	AGTGCTTCTCTCCATTGGCA GG	22	gp1	0.00	0.68	0.00	0.00	0.00	0.00	0.68	0.00	low
71	131	csa-miR399d_cme	TGCCAAAGGAGAGTTGCCCT TC	22	gp1	0.00	8.13	6.27	0.87	0.00	0.00	2.37	5.50	low
72	132	csa-miR399g_cme	AGGGCTTCTCTCCATTGGCA GG	22	gp1	0.82	8.81	7.16	3.47	8.78	0.00	6.76	4.40	low
72	133	csa-miR399_cme	TGCCAAAGGAGAGTTGCCCT TC	22	gp1	0.00	8.13	6.27	0.87	0.00	0.00	2.37	5.50	low
73	134	csa-miR477b_cme	TTCTCTCCCTCAAAGGCTTC TGG	23	gp1	4.11	2.71	7.16	0.00	3.90	5.06	11.50	9.53	middle
73	135	csa-miR477b-p3_cme	CGAGGCCTTAGGGGAGAGT ACG	22	gp1	18.07	0.00	1.79	0.00	0.00	1.69	3.38	0.73	middle
74	136	csa-miR530b_cme	TGCATTTGCACCTACACCTT C	21	gp1	9.86	4.06	2.69	0.00	4.88	6.75	58.85	51.32	middle
75	137	csa-miR858_cme	TCTCGTTGTCTGTTGACCTT G	22	gp1	155.28	342.77	248.86	468.51	93.67	298.58	403.81	402.47	middle
76	138	csa-miR2111a_cme	TAATCTGCATCCTGAGGTTT A	21	gp1	24.24	23.03	21.93	0.00	23.90	15.60	52.42	40.32	middle
76	139	csa-miR2111a_cme	GCCCTCGGGTCGCAGATTAC C	21	gp1	2.46	0.00	0.00	0.00	3.90	5.90	11.50	8.06	middle
77	140	csa-miR2111a_cme	TAATCTGCATCCTGAGGTTT A	21	gp1	24.24	23.03	21.93	0.00	23.90	15.60	52.42	40.32	middle
77	141	csa-miR2111b-p3_cme	GTCCTTGGGATGCAGATTAT C	21	gp1	0.00	0.00	3.58	0.00	0.00	0.00	4.73	0.73	low
78	142	csa-miR2916_pu	TGGGGGCTCGAAGACGATC	19	gp1	1192.09	1081.16	1470.80	3652.66	1460.62	908.39	1289.21	#####	high
78	143	csa-miR2916-p3_peu	AAACGATGCCGACCAGGGA TTG	22	gp1	5434.64	10459.7	33898.55	#####	9025.22	5491.68	6544.81	#####	high

79	144	csa-miR5141-p5_rgl	ATCAAGGTCTGACCCAAATT24 GAGC	gp1	0.00	0.00	2.69	0.00	0.00	0.00	4.06	0.00	low
80	145	csa-miR7129_cme	CAAATCTAAACGATCGTGTA22 CC	gp1	41.08	62.32	13.43	79.82	53.66	44.70	71.02	70.38	middle
80	146	csa-miR7129-p3_cme	ATCTTGAAAAGAAATCGTTG21 A	gp1	3.29	1.35	0.90	0.00	4.88	12.65	10.15	5.13	middle
81	147	csa-miR7130-p5_cme	CGAGATGTGTGCGAGATGA 20 G	gp1	2.46	1.35	0.00	0.00	0.98	0.00	4.73	1.47	low
1	1	csa-miR156b_cme	TTGACAGAAGATAGAGAGC 22 ACT	gp2a	265.37	147.68	227.38	50.32	209.78	330.63	32.13	24.93	middle
1	2	csa-miR157c-3p_ath	GCTCTCTATGCTTCTGTCAT 23 CAT	gp2a	1.64	1.35	1.79	0.00	1.95	0.00	0.00	0.00	low
2	3	csa-miR156j_mt	AAGTTGACAGAAGAGAGTG 24 AGCAC	gp2a	2.05	0.68	3.58	0.00	1.95	0.00	3.38	2.20	low
2	4	csa-miR156f-3p_osa	GCTCACTTCTCTCTGTCA 22 GT	gp2a	0.00	0.00	0.45	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
3	5	csa-miR156b-p5_cme	TATATGTTGTTGACAGAAGA 24 TAGA	gp2a	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.69	0.00	low
3	6	csa-miR157c-p3_ath	CTCTTTTGTGCTCTCTATACT 24 TCT	gp2a	0.82	0.00	3.58	5.21	0.00	0.00	3.38	3.67	low
4	7	csa-miR156b-5p_mtr	TGACAGAAGAGAGTGAGCA 21 CT	gp2a	55.87	75.19	38.94	7.81	79.03	55.67	28.41	39.95	middle
4	8	csa-miR156a-3p_zma	GCTCACTTCTCTCTGTCA 22 GT	gp2a	0.00	0.00	0.45	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
5	7	csa-miR156b-5p_mtr	TGACAGAAGAGAGTGAGCA 21 CT	gp2a	55.87	75.19	38.94	7.81	79.03	55.67	28.41	39.95	middle
6	9	csa-miR156g_at	CGACAGAAGAGAGTGAGCA 20 C	gp2a	0.00	3.39	1.34	0.00	1.95	2.11	0.00	0.37	low
7	10	csa-miR159a-5p_gma	AGCTCCTTGAAGTCCAATT 19	gp2a	0.00	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00	0.00	3.67	low
7	11	csa-miR159a_cp	TTTGGATTGAAGGGAGCTCT 21 T	gp2a	994.09	1187.52	1407.2	225.58	819.10	2071.92	1836.42	#####	high
8	12	csa-miR159b_cp	TTTGGATTGAAGGGAGCTCC 20 a	gp2a	52.58	98.23	55.50	45.12	72.69	129.47	63.24	67.45	middle
9	13	csa-miR160e-5p_ptc	CATCTGCCTGGCTCCCTGAA 24 TGCC	gp2a	2.46	1.35	0.00	0.00	4.88	0.00	1.35	2.93	low
10	14	csa-miR164a_mt	CTTGAGAAGCAGGGCACGT 22 GCA	gp2a	0.00	0.00	0.00	3.47	0.00	0.00	0.00	0.00	low
10	15	csa-miR164a-p3_mtr	CACGTGCTCCCTTCTCCAA 22 CT	gp2a	3.29	4.06	3.58	0.00	1.95	5.90	10.15	5.13	middle
11	16	csa-miR164d-p5_cme	CAGGATGGAGAAGCAGGGC 21 AC	gp2a	2.46	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.03	0.00	low
11	17	csa-miR164b-3p_ath	CATGTGCCCTCTCTCCAT 21 C	gp2a	25.47	17.61	12.98	0.00	40.98	40.49	31.79	21.26	middle
12	16	csa-miR164d-p5_cme	CAGGATGGAGAAGCAGGGC 21 AC	gp2a	2.46	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.03	0.00	low
12	17	csa-miR164b-3p_ath	CATGTGCCCTCTCTCCAT 21 C	gp2a	25.47	17.61	12.98	0.00	40.98	40.49	31.79	21.26	middle
13	18	csa-miR164a_mt	TGGAGAAGCAGGGCACGTG 21 CG	gp2a	0.82	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	0.00	0.73	low

13	19	csa-miR164a-p3_mtr	CACGTGCTCCCCTTCTCCAA 22 CT	gp2a	0.00	0.00	0.00	3.47	6.83	0.00	2.03	0.00	low
14	20	csa-miR166g-5p_mtr	GGAATGTTGGCTGGCTCGAG21 G	gp2a	834.71	102.97	569.34	648.98	740.56	295.21	4809.18	#####	high
14	21	csa-miR166a_cme	GCGGACCAGGCTTCATTCCC 21 C	gp2a	7258.52	7942.085	1273.8	728.80	4684.33	4720.77	5201.49	#####	high
15	22	csa-miR166f-p3_bna	TCTCGGACCAGGCTTCATCC 20	gp2a	0.00	0.00	0.00	3.47	0.00	0.84	9.47	5.13	low
16	23	csa-miR166m-p3_gma	TCGCGGACCAGGCTTCATTC 21 C	gp2a	35.33	136.84	221.11	314.08	94.64	178.81	294.23	249.99	middle
17	24	csa-miR166a_cme	TTTGGACCAGGCTTCATTC 22 CC	gp2a	46.83	50.13	6.27	26.03	15.61	17.71	26.38	21.99	middle
18	25	csa-miR167d_cme	TGAAGCTGCCAGCATGATCT 22 GT	gp2a	31.22	38.61	29.54	6.07	14.64	39.22	32.47	29.69	middle
18	26	csa-miR167d-p3_cme	TCAGGTCATTCTAGCAGCTT 21 C	gp2a	20.54	23.03	11.64	6.94	4.88	9.28	5.41	16.13	middle
19	27	csa-miR167d_cme	AAGCTGCCAGCATGATCTGA 21 T	gp2a	7.39	0.00	1.79	0.00	1.46	1.69	0.00	3.30	low
19	28	csa-miR167c-p3_cpa	AGATCAGATCATATGGCAGT 21 T	gp2a	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.20	low
20	29	csa-miR167a_cp	TGAAGCTGCCAGCATGATCT 22 AG	gp2a	18.90	2.71	0.90	30.37	27.81	11.81	8.45	9.53	middle
20	30	csa-miR167b-p3_ttc	CAGCCTCACTCCTTCCTACT 20	gp2a	0.00	4.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
21	31	csa-miR167c_cme	TGAAGCTGCCAGCATGATCT 21 T	gp2a	376.28	282.48	388.51	37.31	171.72	319.67	464.35	381.95	middle
22	32	csa-miR167b-5p_mtr	TGAAGCTGCCAGCATGATCT 22 GT	gp2a	31.22	38.61	29.54	6.07	14.64	39.22	32.47	29.69	middle
23	33	csa-miR167d_cme	TGAAGCTGCCAGCATGATCT 24 GATT	gp2a	13.15	11.52	8.06	6.94	6.83	12.65	20.63	12.83	middle
24	34	csa-miR168a-5p_ptc	TCGCTTGGTGCAGGTCGGGA 21 C	gp2a	0.00	0.00	0.45	6.07	3.41	0.42	0.00	0.37	low
24	35	csa-miR168a-3p_ptc	CCCGCCTTGCATCAACTGAA 22 TT	gp2a	8.22	4.06	22.38	5.21	3.90	0.00	7.44	8.06	middle
25	36	csa-miR168b-p5_ptc	TGGTGCAGGTCGGAACTGT 21 T	gp2a	4.93	0.00	0.45	9.54	7.32	1.27	3.38	2.57	low
25	37	csa-miR168c-3p_mtr	CCCGCCTTGCATCAACTGAA 22 TT	gp2a	8.22	4.06	22.38	5.21	3.90	0.00	7.44	8.06	middle
26	38	csa-miR169_cpa	CAGCCAAGGATGACTTGCCT 20	gp2a	4.93	6.77	9.85	0.00	0.98	15.18	0.68	3.67	middle
26	39	csa-miR169-p3_cpa	GCAAGTCGTCCTTGGCTACA 20	gp2a	0.00	0.00	0.00	0.00	0.98	0.00	0.00	0.00	low
27	40	csa-miR171u-p5_gma	TGTTGGAACAGTTCAATC 18	gp2a	9.04	17.61	0.00	0.00	30.25	26.99	3.38	1.47	middle
27	41	csa-miR171a_mtr	AGATTGAGCCGTGCCAATAT 21 C	gp2a	4.11	2.03	1.34	0.00	0.00	0.42	1.69	1.47	low
28	42	csa-miR171j-5p_gma	TATTGGCCCCGGTTCACTCAG 21 A	gp2a	20.54	12.19	36.70	5.21	13.17	27.83	67.98	91.27	middle
28	43	csa-miR171m_gma	TTGAGCCCGTCAATATCTC 20	gp2a	5.34	3.39	10.74	1.74	3.90	7.59	12.51	12.10	middle

29	42	csa-miR171j-5p_gma	TATTGGCCCCGGTTCACTCAG 21	gp2a	20.54	12.19	36.70	5.21	13.17	27.83	67.98	91.27	middle
29	44	csa-miR171c-p3_mtr	TTGAGCCCGTGCCAATATTT 19	gp2a	9.45	4.74	4.03	6.94	0.00	2.11	10.15	4.77	middle
30	45	csa-miR171h-p5_cme	AGGTATTGACGTGTCTCAAT 21	gp2a	0.00	0.00	7.16	0.00	5.85	0.00	1.35	7.33	low
30	46	csa-miR171m_gma	TTGAGCCCGGTCAATATCTC 21	gp2a	61.21	67.06	37.15	10.41	50.74	103.32	84.55	70.38	middle
31	47	csa-miR171e-3p_mtr	TGGTTGAGCCGCGCCAATAT 21	gp2a	1.23	2.03	5.82	1.74	1.95	2.95	6.76	5.50	low
32	48	csa-miR171a_smo	TTGAGCCCGTGCCAATATCAC 21	gp2a	0.00	0.68	0.00	1.74	0.00	0.00	2.03	0.37	low
33	49	csa-miR172a_gra	CGGCATCATCAAGATTCACA 21	gp2a	41.90	48.77	27.75	12.15	21.47	40.49	12.18	27.12	middle
33	50	csa-miR172d_cme	AGAATCTTGATGATGCTGCA 22	gp2a	3.70	2.71	7.61	0.87	2.44	3.80	3.72	0.73	low
34	51	csa-miR172d_vivi	AGAATCTTGATGATGCTGCA 22	gp2a	3.70	2.71	7.61	0.87	2.44	3.80	3.72	0.73	low
35	52	csa-miR172g-p3_lus	CTGCATCGGCAATCAATGAC 21	gp2a	58.33	83.32	11.64	3.47	47.81	29.52	42.27	34.46	middle
36	53	csa-miR319p_gma	TTTGGACTGAAGGGAGCTCC 21	gp2a	3.70	2.71	6.27	1.74	5.85	2.11	5.07	7.33	low
37	54	csa-miR390d-p5_cme	TCAGGATGGATAGCGCCGC 20	gp2a	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.53	0.00	0.00	low
37	55	csa-miR390-p3_pde	CGGCGCTATCCCTCCTGAGC 21	gp2a	0.41	0.00	3.58	0.87	10.73	6.33	0.00	1.47	middle
38	54	csa-miR390d-p5_cme	TCAGGATGGATAGCGCCGC 20	gp2a	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.53	0.00	0.00	low
38	55	csa-miR390-p3_pde	CGGCGCTATCCCTCCTGAGC 21	gp2a	0.41	0.00	3.58	0.87	10.73	6.33	0.00	1.47	middle
39	56	csa-miR390a-5p_gma	AAGCTCAGGAGGGATAGCG 22	gp2a	6.57	1.35	4.48	0.00	2.44	1.27	12.85	7.33	middle
39	57	csa-miR390d-3p_ptc	CGCTATCCATCCTGAGTTTT 20	gp2a	0.00	0.68	1.34	3.47	0.00	0.00	2.03	0.00	low
40	58	csa-miR390b-p3_lus	CGCTATCCATCCTGAGTTTC 22	gp2a	0.41	0.68	3.13	3.47	0.98	0.00	10.48	1.83	low
41	59	csa-miR390d-3p_ptc	CGCTATCCATCCTGAGTTTC 22	gp2a	0.41	0.68	3.13	3.47	0.98	0.00	10.48	1.83	middle
42	60	csa-miR390-5p_osa	AAGCTCAGGAGGGATAGCG 22	gp2a	6.57	1.35	4.48	0.00	2.44	1.27	12.85	7.33	middle
43	61	csa-miR393a_cme	TCCAAAGGGATCGCATTGAT 22	gp2a	0.00	1.35	0.00	8.68	0.00	5.90	0.00	0.73	low
43	62	csa-miR393a-3p_ptc	TCATGCTATCCCTTCGGATT 20	gp2a	128.99	56.90	203.21	13.88	61.47	110.49	271.91	351.89	middle
44	63	csa-miR393a_gma	TCCAAAGGGATCGCATTGAT 22	gp2a	0.00	1.35	0.00	8.68	0.00	5.90	0.00	0.73	low
45	64	csa-miR396i-p5_gma	CTGTTTGTATTCTTCCACAG 21	gp2a	10.27	1.35	20.59	0.00	2.93	1.69	1.69	0.00	middle
45	65	csa-miR396a-3p_gma	TTCAATAAAGCTGTGGGAA 24	gp2a	0.00	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
46	66	csa-miR396a_dm	TTCCACAGCTTTCTTGA ACT 21	gp2a	1.23	0.68	0.90	2.60	0.98	0.84	2.03	0.37	low

46	67	csa-miR396j_gma	TTCAAGATAGCTGTGGGAA A	20	gp2a	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.84	0.00	0.00	low
47	68	csa-miR396a-5p_mtr	TTCCACGGCTTTCTTGAACT T	21	gp2a	3.29	0.68	1.34	5.21	4.88	0.84	6.76	9.53	low
47	69	csa-miR396a-3p_mtr	CTCAAGAAAGCTGTGGGAG A	20	gp2a	1.64	0.00	2.69	0.00	0.00	0.00	0.68	0.00	low
48	70	csa-miR396a-5p_mtr	TTCCACAGCTTTCTTGAACT GT	22	gp2a	0.41	0.68	4.92	0.87	2.93	0.00	3.04	0.00	low
48	71	csa-miR396a-3p_mtr	TCAAGAAAGCTGTGGGAGA C	20	gp2a	0.00	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	2.71	0.00	low
49	72	csa-miR396a-5p_gma	TTCCACGGCTTTCTTGAACT T	21	gp2a	3.29	0.68	1.34	5.21	4.88	0.84	6.76	9.53	low
49	73	csa-miR396a-3p_gma	GTTCAATAAGGCTGTGGGA AG	21	gp2a	0.00	2.71	2.69	0.00	2.93	5.06	0.00	0.00	low
50	74	csa-miR397b_ptc	TCATTGAGTGCATCGTTGAT G	21	gp2a	0.82	0.00	4.48	0.00	7.81	0.00	0.00	0.00	low
51	75	csa-miR398a-p5_cme	TGGTCGTCCTGAGAACACAT G	21	gp2a	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.84	0.00	0.00	low
51	76	csa-miR398a_cme	TGTGTTCTCAGGTCGCCCCCT G	21	gp2a	6420.93	659.13	3822.01	2881.35	7024.06	1064.01	225.92	136.72	high
52	77	csa-miR398a-5p_mtr	GGAGTGAACCTGAGAACAC AA	21	gp2a	2.46	0.00	3.58	0.00	0.00	3.37	2.03	0.73	low
52	78	csa-miR398a_cme	TGTGTTCTCAGGTCGCCCCCT	20	gp2a	165.55	23.71	139.20	779.99	197.09	19.82	24.35	6.96	middle
53	79	csa-miR408-5p_ptc	CGGGGAACAGACAGAGCAT GA	21	gp2a	483.08	78.58	691.09	1771.67	858.62	161.94	4.73	2.20	high
53	80	csa-miR408_cme	ATGCACTGCCTCTCCCTGG C	21	gp2a	7371.89	673.36	7587.62	2790.25	3781.81	1032.38	73.05	19.06	high
54	81	csa-miR827_ptc	TTAGATGACCATCAACGAAC	21	gp2a	140.49	0.00	27.75	107.58	80.01	129.05	26.38	11.73	middle
55	82	csa-miR211a-5p_mtr	TAATCTGCATCCTGAGGTTT AT	22	gp2a	0.00	2.71	3.58	0.00	0.00	0.00	0.00	2.93	low
56	83	csa-miR2950-5p_vvi	TTCCATCTCTGCACACTGG A	21	gp2a	8.22	18.97	40.28	0.00	13.66	6.75	29.09	30.79	middle
57	84	csa-miR3627b_ptc	TGTCGCAGGAGAGATGGCC CT	21	gp2a	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	8.43	0.00	0.00	low
58	85	csa-miR4414a-5p_mtr	AGCTGCTGACTCGTTGGTTC	20	gp2a	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.71	0.00	low
58	86	csa-miR319a-3p_mtr	CTTGGACTGAAGGGAGCTCC TT	22	gp2a	15.20	28.45	34.91	0.00	45.86	18.13	35.17	63.41	middle
1	1	csa-miR156c-p3_smo	AGAAAGAAAGCACATTTG	18	gp2b	1.64	0.00	10.29	0.00	0.00	0.00	0.34	0.37	middle
2	1	csa-miR156c-p3_smo	AGAAAGAAAGCACATTTG	18	gp2b	1.64	0.00	10.29	0.00	0.00	0.00	0.34	0.37	middle
3	2	csa-miR156a_mtr	ATGACAGAAGAGAGTGAGC AC	21	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	2.93	3.37	0.68	1.47	low
4	3	csa-miR156f_cme	TGACAGAAGATAGAGAGCA CT	21	gp2b	85.03	23.03	18.80	0.00	68.30	122.72	1.69	2.57	middle
5	3	csa-miR156f_cme	TGACAGAAGATAGAGAGCA CT	21	gp2b	85.03	23.03	18.80	0.00	68.30	122.72	1.69	2.57	middle

6	4	csa-miR156b_gma	TTGACAGAAGAGAGGGAGC AC	21	gp2b	2.46	2.03	0.00	2.60	4.39	2.11	2.03	1.10	low
7	4	csa-miR156b_gma	TTGACAGAAGAGAGGGAGC AC	21	gp2b	2.46	2.03	0.00	2.60	4.39	2.11	2.03	1.10	low
8	5	csa-miR159c_bdi	TTTGGTTTGAAGGGAGCTCT	20	gp2b	2.46	1.35	2.69	2.60	4.39	10.12	7.44	6.60	low
9	6	csa-miR159_csi	TTTGGTTTGAAGGGAGCTCT	20	gp2b	2.46	1.35	2.69	2.60	4.39	10.12	7.44	6.60	middle
10	7	csa-miR159b-3p_ath	TTTGGATTGAAGGGAGCTCT GT	22	gp2b	0.82	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.71	0.73	low
11	8	csa-miR160g_ptc	TGCCTGGCTCCCTGTATGCC T	21	gp2b	0.41	0.00	1.34	0.00	6.34	0.00	2.37	0.37	low
12	8	csa-miR160g_ptc	TGCCTGGCTCCCTGTATGCC T	21	gp2b	0.41	0.00	1.34	0.00	6.34	0.00	2.37	0.37	low
13	9	csa-miR162a-5p_ath	GGAGGCAGCGTTCATCGA TC	21	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.68	0.00	low
13	10	csa-miR162a_cp	TCGATAAACCTCTGCATCCA GT	22	gp2b	0.00	0.00	12.53	0.00	0.98	0.00	0.00	0.73	middle
14	11	csa-miR166e-p5_cme	AGGAGAAGAAATGAAACTA	19	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.68	0.00	low
14	12	csa-miR166e_cme	TCGGACCAGGCTTCATTCCT C	21	gp2b	116.25	100.26	59.53	479.79	68.79	105.01	255.68	131.59	middle
15	12	csa-miR166e_cme	TCGGACCAGGCTTCATTCCT C	21	gp2b	116.25	100.26	59.53	479.79	68.79	105.01	255.68	131.59	middle
16	13	csa-miR166e-5p_mtr	AATGTTGGCTGGCTCGAGGC T	21	gp2b	188.14	32.52	132.49	126.67	82.93	56.51	817.09	631.93	high
16	14	csa-miR166a_cme	CGGACCAGGCTTCATTCCTC A	21	gp2b	3.29	10.16	2.69	13.88	3.90	2.95	7.10	6.96	middle
17	15	csa-miR166g-5p_mtr	GGAATGTTGGCTGGCTCGAG GT	22	gp2b	3.29	0.00	4.48	0.00	6.83	0.84	2.71	8.80	low
17	16	csa-miR166c-p3_cme	AAAGTGTCTGGACCAGG CT	21	gp2b	0.00	0.00	0.00	10.41	0.98	0.00	0.00	0.00	middle
18	17	csa-miR166c-p3_ath	GAAGAACAGATTAAGAAA	18	gp2b	3.29	0.00	0.90	0.00	3.90	0.00	3.38	0.00	low
19	18	csa-miR166i-5p_osa	AATGAAGTTTGATCCAAGAT C	21	gp2b	5.75	0.00	2.69	27.76	0.00	3.37	19.62	6.60	middle
20	19	csa-miR166g-p5_mtr	TTGAGGGGAATGTTGTCTG G	21	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	3.90	0.00	0.00	0.00	low
21	20	csa-miR166m-p3_gma	TCGCGGACCAGGCTTCATTC	20	gp2b	35.33	136.84	221.11	314.08	94.64	178.81	294.23	249.99	middle
22	21	csa-miR167c-p5_cme	TCAGATCATGCGGCAGTTTC A	21	gp2b	3.29	2.71	1.79	22.56	6.83	6.75	2.71	5.13	middle
22	22	csa-miR167c-p3_cme	GATCATGCGGCAGTTTCACC	20	gp2b	82.98	85.35	75.20	17.35	80.01	166.16	77.79	96.04	middle
23	23	csa-miR167c_cme	TGAAGCTGCCAGCATGATCT TT	22	gp2b	21.36	37.94	65.35	12.15	8.78	19.40	33.82	39.59	middle
24	24	csa-miR172d-p5_egu	AACATGATTGAGAGGTCC	18	gp2b	0.00	0.68	2.24	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00	low
24	25	csa-miR172d-p3_egu	CTTCTTGAGGCTCTTGA CT	19	gp2b	1.64	2.71	2.69	14.75	1.95	0.00	4.73	3.30	middle

25	24	csa-miR172d-p5_egu	AACATGATTGAGAGGTCC	18	gp2b	0.00	0.68	2.24	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00	low
25	25	csa-miR172d-p3_egu	CTTCTTGAGGCTCTTGACT	19	gp2b	1.64	2.71	2.69	14.75	1.95	0.00	4.73	3.30	middle
26	26	csa-miR172d-p3_ath	CCTTTATTTTTTGATTTG	18	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4.22	2.71	1.47	low
27	27	csa-miR319b_v	TTGGACTGAAGGGAGCTCCT23 TTT		gp2b	0.82	1.35	1.79	1.74	0.00	0.00	0.00	4.40	low
28	28	csa-miR394a_c	TTGGCATTCTGTCCACCTCC	20	gp2b	38.20	22.35	91.76	4.34	22.93	70.43	85.56	110.33	middle
28	29	csa-miR394b-3p_gma	AGGTGGGCATACTGCCAACT21 G		gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.37	low
29	28	csa-miR394a_c	TTGGCATTCTGTCCACCTCC	20	gp2b	38.20	22.35	91.76	4.34	22.93	70.43	85.56	110.33	middle
29	30	csa-miR394b-3p_mdm	AGTTCTGTTGGATTCTCTTT G	21	gp2b	0.00	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.37	low
30	31	csa-miR394a_c	TTGGCATTCTGTCCACCTCC T	21	gp2b	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	3.72	1.47	low
31	32	csa-miR407-p5_ath	TCGTGATCAACAAAACCTT	18	gp2b	0.00	0.00	0.00	6.94	0.00	2.53	0.00	2.93	low
32	33	csa-miR408_cm	TTGCACTGCCTCTCCCT e	18	gp2b	0.00	0.00	0.90	3.47	0.98	0.00	0.00	0.00	low
33	34	csa-miR482-p3_gra	AAAGATTTTGGATTTTCTC	19	gp2b	0.82	0.00	0.00	0.00	0.00	2.11	2.03	0.00	low
34	35	csa-miR482-p5_gra	AAAGATTTTGGATTTTCTC	19	gp2b	0.82	0.00	0.00	0.00	0.00	2.11	2.03	0.00	low
35	36	csa-miR529-p5_bcy	GAAGGATTGAAGAAGAAG	18	gp2b	0.00	6.77	0.00	0.00	0.00	0.00	1.35	7.33	low
36	37	csa-miR854-p5_cme	GAGATGAGGATAGTGAGGA AG	21	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6.76	0.00	low
36	38	csa-miR854-p3_cme	CTGAGTAATGATTGTTGTAG G	21	gp2b	0.00	0.00	0.00	6.94	2.93	0.00	2.03	5.13	low
37	39	csa-miR858b_at	TCGTTGTCTGTTCGACCTT h	21	gp2b	19.72	4.06	0.00	69.41	74.15	11.81	26.38	7.33	middle
38	40	csa-miR894_ppt	CGTTTCACGTCAGGTTTAC	19	gp2b	5.75	0.00	6.71	2.60	2.93	0.00	0.00	0.00	low
39	41	csa-miR894_ppt	CGATTCACGTCGGGTTTACC	20	gp2b	11.50	6.77	19.69	49.45	13.66	12.65	2.03	4.40	middle
40	42	csa-miR894_ppt	GTTTCACGTCAGGTTTACC	19	gp2b	0.00	5.42	19.25	0.00	9.76	0.00	2.03	2.93	middle
41	43	csa-miR1113-p5_smo	GAAGTAGAAGAAGAAGCTT	19	gp2b	0.00	0.00	0.45	5.21	6.34	0.00	0.00	0.00	low
41	44	csa-miR1113-p3_smo	AAGTAGAAGAAGAAGCTT	18	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	1.46	0.00	0.00	0.00	low
42	43	csa-miR1113-p5_smo	GAAGTAGAAGAAGAAGCTT	19	gp2b	0.00	0.00	0.45	5.21	6.34	0.00	0.00	0.00	low
43	45	csa-miR1134-p5_tae	ATTTGGAGGAGGAGTAGGA GG	21	gp2b	0.00	0.68	0.00	0.00	0.00	4.64	0.00	0.00	low
44	46	csa-miR1134-p3_tae	ATTTGGAGGAGGAGTAGGA GG	21	gp2b	0.00	0.68	0.00	0.00	0.00	4.64	0.00	0.00	low
45	47	csa-miR1448_pt	TCTTTCCAACACCTCCCATA c	22	gp2b	5.75	0.00	0.00	13.88	0.00	5.06	4.06	0.00	middle
46	48	csa-miR1511-3p_ppe	CTGGCTCTGATACCAGAAC	19	gp2b	0.00	0.00	4.48	0.00	5.85	0.00	3.38	0.00	low
47	49	csa-miR1511-3p_ppe	TACCTGGCTCTGATACCA	18	gp2b	1.64	14.90	13.43	0.00	28.30	15.18	9.47	27.12	middle

48	50	csa-miR1515_cs i	CATTTTTGCGTGCAATGATT	20	gp2b	8.63	0.00	19.69	12.15	0.00	10.12	2.37	2.20	middle
49	51	csa-miR1515_cs i	TCATTTTTGCGTGCAATG	18	gp2b	1.23	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	1.69	0.73	low
50	52	csa-miR2111b- p3_ptc	CAGGATTGGGTAATTTGC	18	gp2b	0.00	0.00	0.00	3.47	1.46	0.00	5.07	0.73	low
51	52	csa-miR2111b- p3_ptc	CAGGATTGGGTAATTTGC	18	gp2b	0.00	0.00	0.00	3.47	1.46	0.00	5.07	0.73	low
52	53	csa-miR2602a- p5_mtr	CGTCATCTAATTAGTGAC	18	gp2b	1.23	4.74	4.48	5.21	0.49	2.11	2.71	0.73	low
52	54	csa-miR2592bj- p3_mtr	ATCCCACTGTCCCTGTC	18	gp2b	61.62	85.35	97.58	128.41	91.72	37.11	114.31	178.14	middle
53	53	csa-miR2602a- p5_mtr	CGTCATCTAATTAGTGAC	18	gp2b	1.23	4.74	4.48	5.21	0.49	2.11	2.71	0.73	low
54	55	csa-miR2652k- p5_mtr	AATGATTTTGGAGTGTA	20	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	9.28	0.00	0.00	low
55	56	csa-miR2918- p3_osa	GGATGGATTGTTGGCAAGCC	21	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7.59	2.71	1.47	low
56	57	csa-miR3630- 3p_vvi	ATGGGAATCTCTCTGATGCA	21	gp2b	109.27	139.55	46.55	246.40	61.47	134.95	164.36	198.67	middle
56	58	csa-miR8717- p3_gra	AAAAATTAGTATTGGATC	18	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.20	low
57	59	csa-miR3630- 3p_vvi	GGGAATCTCTCTGATGCAC	19	gp2b	34.51	23.03	9.85	57.26	29.27	17.71	52.76	62.31	middle
58	60	csa-miR4995- p5_gma	ATAGGCAGTGGCTTGGTTA	19	gp2b	15.61	47.42	32.23	105.85	37.08	18.56	0.68	7.33	middle
59	61	csa-miR4995- p3_gma	TCATAGGCAGTGGCTTGG	18	gp2b	3.29	8.13	5.37	5.21	1.95	0.84	0.00	0.00	low
60	62	csa-miR4995_g ma	GCAGTGGCTTGGTTAAGG	18	gp2b	3.29	2.71	1.34	4.34	6.83	6.75	1.01	0.00	low
61	63	csa-miR4995_g ma	GGCAGTGGCTTGGTTAAG	18	gp2b	11.50	20.32	9.40	40.78	31.22	27.83	4.40	0.73	middle
62	64	csa-miR5012- p5_ath	AATGGCCTGTGGAGGAAA	18	gp2b	0.00	0.00	17.90	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	middle
63	65	csa-miR5065- p3_bdi	TAAAATTAGGACTAAATT	18	gp2b	1.64	0.00	2.69	0.00	3.90	0.00	5.41	0.00	low
64	66	csa-miR5072_os a	TCCCCAGCGGAGTCGCCA	18	gp2b	3.29	6.10	3.13	11.28	9.27	2.11	0.68	5.13	middle
65	66	csa-miR5072_os a	TCCCCAGCGGAGTCGCCA	18	gp2b	3.29	6.10	3.13	11.28	9.27	2.11	0.68	5.13	middle
66	67	csa-miR5072_os a	ATCCCCAGCGGAGTCGCCA	19	gp2b	1.64	2.71	0.90	2.60	1.46	2.11	0.00	1.47	low
67	68	csa-miR5072_os a	TCCCCAGTGGAGTCGCCA	18	gp2b	9.04	16.94	8.50	44.25	11.71	2.53	6.43	9.90	middle
68	68	csa-miR5072_os a	TCCCCAGTGGAGTCGCCA	18	gp2b	9.04	16.94	8.50	44.25	11.71	2.53	6.43	9.90	middle
69	69	csa-miR5072_os a	TTCCCCAGTGGAGTCGCCA	19	gp2b	5.34	8.81	34.46	0.00	9.76	0.00	5.07	8.43	middle
70	70	csa-miR5083- p5_osa	ACCAATTGATCCTTCTGAGC	21	gp2b	3.29	0.00	0.00	0.00	0.00	5.06	3.38	2.93	low

70	71	csa-miR5083_osa	AGACTACAATTATCTGATCA	20	gp2b	41.90	6.77	2.69	17.35	51.71	3.37	88.61	76.98	middle
71	72	csa-miR5139-p3_rgl	CGAAACCTGGCTCTGATA	18	gp2b	2.05	0.00	0.90	0.00	0.49	1.27	0.68	0.00	low
72	72	csa-miR5139-p3_rgl	CGAAACCTGGCTCTGATA	18	gp2b	2.05	0.00	0.90	0.00	0.49	1.27	0.68	0.00	low
73	73	csa-miR5139_rgl	CGAAACCTGGCTCTGATAACC	20	gp2b	4.52	4.74	125.77	0.00	6.83	4.22	8.45	4.40	middle
74	73	csa-miR5139_rgl	CGAAACCTGGCTCTGATAACC	20	gp2b	4.52	4.74	125.77	0.00	6.83	4.22	8.45	4.40	middle
75	74	csa-miR5139-p3_rgl	CGAAACCTGGCTCTGATAAC	19	gp2b	2.05	0.00	0.90	0.00	0.49	1.27	0.68	0.00	low
76	75	csa-miR5139-p5_rgl	ATCGAAACCTGGCTCTGATA	21	gp2b	0.00	0.00	6.27	0.00	0.00	0.00	0.00	0.73	low
77	76	csa-miR5139_rgl	AAACTTGGCTCTGATACCA	19	gp2b	20.95	4.06	38.49	0.00	16.10	16.87	12.18	9.90	middle
78	76	csa-miR5139_rgl	AAACTTGGCTCTGATACCA	19	gp2b	20.95	4.06	38.49	0.00	16.10	16.87	12.18	9.90	middle
79	77	csa-miR5368-p5_gma	GAGCTAGAATTCTAACCT	18	gp2b	1021.6	550.74	731.37	1592.9	696.65	639.75	376.41	303.50	high
79	78	csa-miR5368-p3_gma	TCTAACCTTGTGTCAGGAC	19	gp2b	2739.9	5663.9	1430.14	6005.6	1599.66	4055.29	601.99	678.12	high
80	79	csa-miR5368-p5_gma	GATACCACTCTGGAAGAGC	19	gp2b	#####	12889.2	#####	#####	#####	#####	5159.22	#####	high
80	78	csa-miR5368-p3_gma	TCTAACCTTGTGTCAGGAC	19	gp2b	2739.9	5663.9	1430.14	6005.6	1599.66	4055.29	601.99	678.12	high
81	80	csa-miR5368-p5_gma	TAACCTTGTGTCAGGACC	18	gp2b	413.66	260.13	140.10	414.72	345.89	228.15	224.56	353.72	middle
82	81	csa-miR5368-p5_gma	CTTGGATTGGCTTTGGGC	18	gp2b	2.46	29.81	9.85	45.12	34.15	20.24	12.85	16.86	middle
83	82	csa-miR5368-p5_gma	TGGAAGAGCTAGAATTCT	18	gp2b	225.52	191.71	107.87	361.80	144.40	476.13	61.21	86.51	middle
84	83	csa-miR5368-p3_gma	GACCTAGAATTCTAACCT	18	gp2b	0.41	1.35	2.24	6.07	1.46	1.69	0.68	0.37	low
85	84	csa-miR5368-p3_gma	GATACCACTCTGGAAGAGC	19	gp2b	#####	12889.2	#####	#####	#####	#####	5159.22	#####	high
86	85	csa-miR5368-p5_gma	TAGCTAGAATTCTAACCT	18	gp2b	4.93	2.03	0.90	0.00	1.46	1.27	1.01	1.47	low
87	86	csa-miR5368-p5_gma	CTGGAAGAGCTAGAATTC	18	gp2b	316.71	264.87	154.42	562.21	231.73	581.13	90.30	118.76	middle
88	87	csa-miR5720-p5_bra	AAACTTTAAATGAATTAA	18	gp2b	0.00	0.00	2.69	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
88	88	csa-miR824-p3_bna	AAGAACTTGAATCTTGCCC	19	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	2.93	0.00	0.00	4.40	low
89	89	csa-miR6140a_pgi	GTTTGTAGAATTGTTTGT	18	gp2b	4.11	9.48	12.53	3.47	2.93	0.00	0.00	0.00	middle
90	90	csa-miR6167-p3_hbr	CAGGTGGAAGCTTTGACCC	19	gp2b	2.46	8.13	8.50	0.00	14.15	3.37	3.04	5.86	middle
91	90	csa-miR6167-p3_hbr	CAGGTGGAAGCTTTGACCC	19	gp2b	2.46	8.13	8.50	0.00	14.15	3.37	3.04	5.86	middle

92	91	csa-miR6173-p5_hbr	GAATGGGATTAGATACCC	18	gp2b	0.82	6.77	7.16	3.47	4.39	0.84	0.00	2.20	low
92	92	csa-miR6173_hbr	TAGCCGTAACGATGGAT	18	gp2b	46.01	65.03	68.93	45.12	75.13	40.49	8.79	13.93	middle
93	93	csa-miR6173-p5_hbr	CGAATGGGATTAGATACC	18	gp2b	22.18	46.06	21.48	69.41	25.86	41.33	3.38	10.26	middle
94	94	csa-miR6300_gma	GTCNTTGTAGTATAGTGGTA AGT	23	gp2b	1.23	0.68	0.45	0.87	0.98	0.84	1.69	0.73	low
94	95	csa-miR8175-p3_ath	TTCGGTCCCCGGCAACGG	18	gp2b	0.41	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
95	94	csa-miR6300_gma	GTCNTTGTAGTATAGTGGTA AGT	23	gp2b	1.23	0.68	0.45	0.87	0.98	0.84	1.69	0.73	low
95	96	csa-miR8175-p3_ath	GGGTTCGGTCCCCGGCAACG22 GC	22	gp2b	0.82	0.00	2.69	0.00	3.90	3.37	1.01	1.83	low
96	97	csa-miR6300_gma	GTCGTTGTAGTATAGTGGTA AGT	23	gp2b	28.75	14.90	41.63	59.00	42.44	24.46	17.59	23.09	middle
96	98	csa-miR6300-p3_gma	TATAGTGGTGAGTATTCC	18	gp2b	0.00	0.68	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
97	97	csa-miR6300_gma	GTCGTTGTAGTATAGTGGTA AGT	23	gp2b	28.75	14.90	41.63	59.00	42.44	24.46	17.59	23.09	middle
98	99	csa-miR6300_gma	GTGGTTGTAGTATAGTGGT	19	gp2b	1.23	0.00	0.45	0.00	2.93	0.42	0.34	0.00	low
98	100	csa-miR8175-p3_ath	TCGTTCCCCGGCAACGGC	18	gp2b	0.00	0.00	0.90	0.00	3.41	0.00	0.68	1.10	low
99	99	csa-miR6300_gma	GTGGTTGTAGTATAGTGGT	19	gp2b	1.23	0.00	0.45	0.00	2.93	0.42	0.34	0.00	low
99	101	csa-miR8175-p3_ath	GTTCGGTCCCCGGCAACG	18	gp2b	0.41	0.00	0.45	0.00	0.98	0.00	0.34	0.73	low
100	102	csa-miR6300_gma	TTCGTTGTAGTATAGTGG	18	gp2b	0.41	1.35	2.24	2.60	1.46	0.42	1.35	1.47	low
100	103	csa-miR6300-p3_gma	GTAGTATAGTGGTAAGTATT CCT	23	gp2b	0.41	1.35	0.90	2.60	0.98	0.84	0.68	0.73	low
101	102	csa-miR6300_gma	TTCGTTGTAGTATAGTGG	18	gp2b	0.41	1.35	2.24	2.60	1.46	0.42	1.35	1.47	low
101	104	csa-miR8175-p3_ath	GTTCGTTCCCCGGCAACGGC	20	gp2b	0.00	1.35	2.24	0.00	0.00	0.00	0.68	2.20	low
102	105	csa-miR6300_gma	GTCGTTGTAGTATAGTGG	18	gp2b	21.77	71.81	32.67	33.84	52.69	30.79	19.62	25.29	middle
102	106	csa-miR8175-p3_ath	GTTCGATCCCCGGCAACGGC	20	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.73	low
103	107	csa-miR6300_gma	GTCGTTGTAGTATAGTGTT	19	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.98	0.00	0.00	1.47	low
103	96	csa-miR8175-p3_ath	GGGTTCGGTCCCCGGCAACG22 GC	22	gp2b	0.82	0.00	2.69	0.00	3.90	3.37	1.01	1.83	low
104	108	csa-miR6300-p5_gma	NTCGTTGTAGTATAGTGG	18	gp2b	0.00	1.35	0.45	1.74	0.49	0.84	1.01	0.00	low
104	109	csa-miR6300_gma	GTCNTTGTAGTATAGTGGT	19	gp2b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.34	0.00	low
105	110	csa-miR6300_gma	NTCGTTGTAGTATAGTGG	18	gp2b	0.00	1.35	0.45	1.74	0.49	0.84	1.01	0.00	low

105	111	csa-miR8175-p3_ath	GTTCGTTCCCCGGCAACG	18	gp2b	0.00	1.35	2.24	0.00	0.00	0.00	0.68	2.20	low
106	112	csa-miR6300_gma	TTCGTTGTAGTATAGTGGTA AGT	23	gp2b	1.64	1.35	3.58	1.74	4.39	1.27	0.00	1.83	low
106	104	csa-miR8175-p3_ath	GTTCGTTCCCCGGCAACGGC	20	gp2b	0.00	1.35	2.24	0.00	0.00	0.00	0.68	2.20	low
107	112	csa-miR6300_gma	TTCGTTGTAGTATAGTGGTA AGT	23	gp2b	1.64	1.35	3.58	1.74	4.39	1.27	0.00	1.83	low
108	113	csa-miR6300-p5_gma	GTAGTATAGTGGTAAGTATT CCT	23	gp2b	0.41	1.35	0.90	2.60	0.98	0.84	0.68	0.73	low
108	114	csa-miR8175_at	CGATCCCCGGCAACGGCGC CA	21	gp2b	88.32	201.19	113.69	1430.7	173.19	128.63	90.30	75.51	high
109	115	csa-miR6300_gma	GTCGTTGTAGTATAGTGGTA	20	gp2b	20.54	27.77	26.41	6.07	28.78	11.39	20.29	24.56	middle
110	115	csa-miR6300_gma	GTCGTTGTAGTATAGTGGTA	20	gp2b	20.54	27.77	26.41	6.07	28.78	11.39	20.29	24.56	middle
111	116	csa-miR6300_gma	GTCGTTGTAGTATAGTGGTG AGT	23	gp2b	28.75	14.90	41.63	59.00	42.44	24.46	17.59	23.09	middle
112	117	csa-miR6300_gma	GTCGTTGTAGTATAGTGGT	19	gp2b	34.09	21.68	53.71	49.45	68.79	31.21	23.67	32.99	middle
113	118	csa-miR6300_gma	GTCGTTGTAGTATAGTGGTA AGTA	24	gp2b	12.73	72.48	14.77	45.12	51.22	22.77	12.51	12.46	middle
114	119	csa-miR6300_gma	GTCNTTGTAGTATAGTGG	18	gp2b	0.82	2.71	1.79	5.21	2.93	0.00	1.35	1.83	low
115	120	csa-miR6300-p5_gma	GTGGTAAGTATTCCCGCC	18	gp2b	11.09	34.55	9.85	26.90	39.03	13.07	5.41	4.03	middle
116	121	csa-miR6300_gma	GTCTTTGTAGTATAGTGG	18	gp2b	1.64	0.00	3.58	0.00	1.95	0.84	0.34	2.57	low
117	122	csa-miR6478-p5_ptc	CCGACCTTAGCTCAGTGG	18	gp2b	0.00	0.68	0.00	0.87	0.00	0.00	0.00	0.00	low
117	123	csa-miR6478_ptc	CCTACCTTAGCTCAGTTGG	19	gp2b	0.82	6.77	16.11	0.87	8.29	5.90	4.06	3.30	middle
118	123	csa-miR6478_ptc	CCTACCTTAGCTCAGTTGG	19	gp2b	0.82	6.77	16.11	0.87	8.29	5.90	4.06	3.30	middle
119	124	csa-miR6478_ptc	CCGACCTTAGCTCAGTTGGT AGA	23	gp2b	20.13	14.23	90.41	57.26	21.47	16.03	16.91	11.36	middle
120	124	csa-miR6478_ptc	CCGACCTTAGCTCAGTTGGT AGA	23	gp2b	20.13	14.23	90.41	57.26	21.47	16.03	16.91	11.36	middle
121	125	csa-miR6478_ptc	CCGACCTTAGCTCAGTTGG	19	gp2b	25.88	39.97	97.13	4.34	44.88	39.22	27.39	19.79	middle
122	126	csa-miR6478_ptc	CCGATCTTAGCTCAGTTGG	19	gp2b	0.82	13.55	7.61	0.00	2.44	5.48	1.01	1.83	middle
123	126	csa-miR6478_ptc	CCGATCTTAGCTCAGTTGG	19	gp2b	0.82	13.55	7.61	0.00	2.44	5.48	1.01	1.83	middle
124	127	csa-miR6478_ptc	CCGACCTTAGCTCAGTTGGT	20	gp2b	21.77	27.10	124.43	3.47	17.56	40.06	20.97	28.22	middle
125	127	csa-miR6478_ptc	CCGACCTTAGCTCAGTTGGT	20	gp2b	21.77	27.10	124.43	3.47	17.56	40.06	20.97	28.22	middle
126	128	csa-miR6478_ptc	CCGACCTTAAGTACAGTTGG	19	gp2b	0.82	2.71	8.50	0.00	1.95	1.69	0.68	0.73	low

127	129	csa-miR6478_pt AG	CCGACCTTAGCTCAGTTGGT	22	gp2b	7.39	9.48	59.98	8.68	10.24	13.50	13.87	8.80	middle
128	130	csa-miR6478_pt c	CCGACCTTAGCTCAGTTG	18	gp2b	0.00	0.00	0.90	1.74	0.98	0.00	0.34	1.10	low
129	131	csa-miR6478_pt c	CCTACCTTAGCTCAGTTGGT	20	gp2b	0.41	10.84	11.64	0.87	3.41	2.11	2.03	2.57	middle
130	132	csa-miR6483-p5_hbr	CTAATTTTATTGTAGAAATT	20	gp2b	13.56	0.68	0.45	0.87	0.49	1.69	6.76	1.47	low
131	133	csa-miR6483-p5_hbr	AATTTTATTGTAGAAATT	18	gp2b	1.64	0.00	0.45	0.00	1.46	0.00	1.01	0.00	low
132	133	csa-miR6483-p5_hbr	AATTTTATTGTAGAAATT	18	gp2b	1.64	0.00	0.45	0.00	1.46	0.00	1.01	0.00	low
133	134	csa-miR6483-p3_hbr	TAATTTTATTGTAGAAATT	19	gp2b	13.56	0.68	0.45	0.87	0.49	1.69	6.76	1.47	middle
134	135	csa-miR6483-p3_hbr	ATCATGGATAGGGA ACTAT ACTA	23	gp2b	2.46	1.35	4.48	8.68	4.88	0.00	4.73	1.47	low
135	136	csa-miR6483-p3_hbr	CTAATTTTATTGTAGAAATT	20	gp2b	13.56	0.68	0.45	0.87	0.49	1.69	6.76	1.47	middle
136	137	csa-miR6485-p5_hbr	ATTCGGCAGATTTGGATTCC T	21	gp2b	5.75	0.00	0.90	0.00	2.93	2.53	1.35	5.86	low
137	138	csa-miR7528_lj a	AAATGCTAATCTGAAGCTC	19	gp2b	14.79	0.68	3.58	51.19	6.83	12.23	9.13	26.03	middle
138	138	csa-miR7528_lj a	AAATGCTAATCTGAAGCTC	19	gp2b	14.79	0.68	3.58	51.19	6.83	12.23	9.13	26.03	middle
139	139	csa-miR8155_cp a	AACTGGCTCTGATACCA	18	gp2b	79.28	69.10	272.14	4.34	115.62	91.94	61.89	79.17	middle
140	139	csa-miR8155_cp a	AACTGGCTCTGATACCA	18	gp2b	79.28	69.10	272.14	4.34	115.62	91.94	61.89	79.17	middle
141	140	csa-miR8155_cp a	AACCTCGCTCTGATACCA	18	gp2b	1.23	0.00	7.16	0.00	5.37	4.64	2.37	1.47	low
142	140	csa-miR8155_cp a	AACCTCGCTCTGATACCA	18	gp2b	1.23	0.00	7.16	0.00	5.37	4.64	2.37	1.47	low
143	141	csa-miR8155_cp a	AAACCTGGCTCTGATACCA	19	gp2b	158.97	116.52	922.04	6.94	276.61	120.61	184.99	150.65	high
144	141	csa-miR8155_cp a	AAACCTGGCTCTGATACCA	19	gp2b	158.97	116.52	922.04	6.94	276.61	120.61	184.99	150.65	high
145	142	csa-miR8155_cp a	AAACTGGCTCTGATACCA	18	gp2b	7.80	15.58	32.67	0.00	37.56	8.01	12.51	19.43	middle
146	143	csa-miR8155_cp a	AACCTGGCTCTGATACCA	18	gp2b	585.36	615.10	1745.1	20.82	1362.08	491.31	640.21	793.95	high
147	143	csa-miR8155_cp a	AACCTGGCTCTGATACCA	18	gp2b	585.36	615.10	1745.1	20.82	1362.08	491.31	640.21	793.95	high
148	144	csa-miR8155_cp a	TTAACCTGGCTCTGATACCA	20	gp2b	0.82	1.35	2.69	0.00	0.98	0.84	0.00	2.20	low
149	145	csa-miR8155_cp a	CAACCTGGCTCTGATACCA	19	gp2b	2.05	6.77	53.71	0.87	4.39	0.00	2.71	0.37	middle
150	146	csa-miR8155_cp a	TAAACCTGGCTCTGATACCA	20	gp2b	3.70	2.03	6.27	0.00	2.44	1.69	3.38	4.03	low
151	147	csa-miR8170-p3_ath	AAAAGATGTTGTGAGTGA	18	gp2b	0.00	0.68	0.00	0.87	6.83	0.00	0.34	0.00	low

152	147	csa-miR8170-p3_ath	AAAAGATGTTGTGAGTGA	18	gp2b	0.00	0.68	0.00	0.87	6.83	0.00	0.34	0.00	low
153	148	csa-miR8175-p5_ath	CGCTCCCCGGCAACGGCGC	19	gp2b	0.00	0.68	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
153	149	csa-miR8175_at h	TCCCCGGCAACGGCGCCA	18	gp2b	50.53	157.84	127.12	308.00	170.26	46.39	63.58	98.24	middle
154	149	csa-miR8175_at h	TCCCCGGCAACGGCGCCA	18	gp2b	50.53	157.84	127.12	308.00	170.26	46.39	63.58	98.24	middle
155	150	csa-miR8175_at h	ATCCCCGGCAACGGCGCCA	19	gp2b	5.34	23.03	21.48	23.43	36.10	3.80	9.13	15.76	middle
156	151	csa-miR8757b-p5_gra	ATTTTGGGTTGGGTTCGAC	18	gp2b	0.00	0.00	0.00	6.94	5.37	0.00	0.00	0.00	low
157	151	csa-miR8757b-p5_gra	ATTTTGGGTTGGGTTCGAC	18	gp2b	0.00	0.00	0.00	6.94	5.37	0.00	0.00	0.00	low
158	152	csa-miR8757b-p5_gra	TTTTGGGTTGGGTTCGACC	18	gp2b	0.00	2.03	0.00	4.34	2.93	0.00	0.00	0.00	low
159	153	csa-miR9410-p5_bol	TTTCAGACGACTTAAATA	18	gp2b	0.82	2.71	12.53	0.00	6.83	6.75	9.47	4.40	middle
1	1	csa-miR156b_bna	TTTACAGAAGATAGAGAGC ACT	22	gp3	13.97	10.84	51.47	6.94	27.81	40.49	1.01	1.47	middle
2	2	csa-miR156g-5p_aly	CGACCGAAGAGAGTGAGCA C	20	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.98	0.00	0.00	1.47	low
3	3	csa-miR156j_mtr	TGACAGAAGAGGTTGAGCA C	20	gp3	0.00	2.71	1.79	0.00	0.00	0.00	0.00	1.47	low
4	4	csa-miR156a_hci	TGANAGAAGAGAGTGAGT	18	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.84	0.00	0.00	low
5	5	csa-miR156c_ghr	TTTCAGAAGAGAGTGAGCA C	20	gp3	0.00	1.35	0.00	0.00	1.95	0.00	0.00	0.00	low
6	6	csa-miR158a-3p_aly	TCCCAAATGTAGACAAAGC	19	gp3	0.00	0.00	0.00	1.74	1.46	4.22	0.00	0.00	low
7	6	csa-miR158a-3p_aly	TCCCAAATGTAGACAAAGC	19	gp3	0.00	0.00	0.00	1.74	1.46	4.22	0.00	0.00	low
8	7	csa-miR159b_lus	TTTGGATTGAAGGGAGCTCT TT	22	gp3	262.63	393.36	248.71	1472.9	180.83	658.87	375.85	322.93	high
9	8	csa-miR159b-3p_aly	TTTGGATTGAAGGGAGCTCT TT	22	gp3	262.63	393.36	248.71	1472.9	180.83	658.87	375.85	322.93	high
10	9	csa-miR159c_pta	TTTGGATTGAAGGGAGCTCC C	21	gp3	0.82	1.81	0.00	7.52	0.33	5.62	2.03	3.18	low
11	10	csa-miR159a-3p_zma	TTTGGATTGAAGGGAGCTCT GG	22	gp3	4.66	0.00	1.19	0.00	1.95	3.80	3.16	4.52	low
12	11	csa-miR159a_lus	ATTGGATTGAAGGGAGCTC GA	21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.37	low
13	12	csa-miR159a_cp	TTTGGATTGAAGGGAGCTCT GG	22	gp3	4.66	0.00	1.19	0.00	1.95	3.80	3.16	4.52	low
14	13	csa-miR159e-3p_zma	ATTGGTTTGAAGGGAGCTCT A	21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.98	0.00	0.68	0.00	low
15	14	csa-miR160_tae	TGCCTGGCTCCCTGGATGCC A	21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.68	0.73	low
16	15	csa-miR162_pde	TCGATAAACCTCTGCATCCA TAT	23	gp3	1.64	0.00	1.79	1.74	0.00	5.90	0.00	0.00	low

17	16	csa-miR166a-5p_gma	GAATGTTGTCTGGCTCGAGG 24 ACGT	gp3	0.00	0.00	0.45	1.74	0.49	0.42	0.34	0.00	low
17	17	csa-miR166m_gC	GCTGACCAGGCTTCATTCCC 21 ma	gp3	80.24	1516.52	158.90	123.20	843.33	1269.95	1651.31	#####	high
18	17	csa-miR166m_gC	GCTGACCAGGCTTCATTCCC 21 ma	gp3	80.24	1516.52	158.90	123.20	843.33	1269.95	1651.31	#####	high
19	18	csa-miR167a-5p_aly	TGAAGCTGCCAGCATGATCT 23 TTT	gp3	4.11	5.42	9.85	0.00	1.95	5.06	5.75	2.93	low
19	19	csa-miR167a-3p_aly	GATCATGTTTCGCAGTTTCAC 21 C	gp3	0.82	0.00	0.00	0.00	8.78	0.00	0.00	0.00	low
20	20	csa-miR167d_cme	TGAAGCTGCCAGCATGATCT 23 TTT	gp3	4.11	5.42	9.85	0.00	1.95	5.06	5.75	2.93	low
21	21	csa-miR168-5p_ata	TCGCTTGGTGCAGATCGGGA 21 C	gp3	0.00	1.35	15.22	0.00	0.00	0.00	0.68	0.00	middle
21	22	csa-miR168-3p_ata	CCC GCCTTGCACCAAGTGAA 21 T	gp3	0.41	2.71	6.71	1.74	0.00	0.84	0.68	0.37	low
22	23	csa-miR168_aauAC	TCAGTTGATGCAAGGCGGG 21 AC	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	2.93	0.00	2.71	0.00	low
23	24	csa-miR169u-5p_ptc	TAGCCAAGGACGACTTGCC 19 ma	gp3	0.00	0.00	0.00	2.60	2.93	0.00	0.00	0.00	low
24	25	csa-miR169ac_ptc	TAGCCAAGGACGACTTGCC 19 tc	gp3	0.00	0.00	0.00	2.60	2.93	0.00	0.00	0.00	low
25	26	csa-miR171b-3p_aly	TTGAGCCGTGCCAATATCAC 22 TC	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.49	0.00	2.03	1.83	low
26	26	csa-miR171b-3p_aly	TTGAGCCGTGCCAATATCAC 22 TC	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.49	0.00	2.03	1.83	low
27	27	csa-miR171n_gma	TTGAGCCGCGTCAATATTTT 22 AT	gp3	0.00	0.68	0.00	0.00	0.00	0.42	3.38	0.00	low
28	28	csa-miR319f_gma	TTGACTGAAGGGCCTCTT 21 C	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.69	0.00	low
29	28	csa-miR319f_gma	TTGACTGAAGGGCCTCTT 21 C	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.69	0.00	low
30	29	csa-miR393c_mes	TCCAAAGGGATCGCATTGAT 22 TT	gp3	5.75	12.19	5.37	576.10	1.95	9.28	2.71	3.67	middle
31	30	csa-miR394a-5p_gma	CATTCTGTCCACCTCCAT 18 ma	gp3	1.64	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00	low
32	31	csa-miR395a_md	TGAAGTGTGGGGGAACTT 20 dm	gp3	0.82	0.00	3.58	0.00	2.93	0.00	0.00	2.20	low
33	32	csa-miR396b_cca	CACAGCTTTATTGCACTG 18 a	gp3	0.00	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
33	33	csa-miR396g-3p_zma	GTTCAATAAAGCTGTGGAA 20 G	gp3	0.00	0.00	0.45	0.00	1.46	0.00	0.00	0.00	low
34	34	csa-miR396c_sb	TTCCACGGCTTTCTTGAAC 23 TTT	gp3	0.00	0.00	0.90	0.00	1.46	0.00	0.68	0.00	low
35	35	csa-miR396c-3p_bdi	GTTCAATAAAGCTGTGGGA 22 ATT	gp3	3.29	6.77	2.24	6.94	5.37	16.87	0.00	0.00	middle
36	36	csa-miR397-5p_sbi	CATTGAGTGCAGCGTTGATT 22 AG	gp3	0.00	0.68	0.00	1.74	0.00	0.00	0.00	0.00	low
37	37	csa-miR398a_bdi	TGTGTTCTCAGTTCGCCCC 23 GTT	gp3	10.68	2.71	33.12	148.94	25.69	5.90	1.35	0.73	middle
38	38	csa-miR399i_osa	TGCCAAAGGAGAGTTGCCCT 21 A	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.47	low

39	39	csa-miR399b_p	pe	pe	TTGCCAAAGGAGAATTGCCCT21	gp3	0.00	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
40	40	csa-miR403a_ht	u	u	TTAGATTCACGCACAAACTC 21	gp3	3.29	0.00	0.00	0.00	0.00	17.71	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	middle
41	41	csa-miR408a-3p_gma			ATTCACTGCCTCTTCCCT 18	gp3	5.48	1.02	12.91	31.52	3.66	0.63	0.17	0.18	0.00	0.00	0.00	0.00	middle
42	42	csa-miR408a_md			ATTCACTGCCTCTTCCCT 18	gp3	5.48	1.02	12.91	31.52	3.66	0.63	0.17	0.18	0.00	0.00	0.00	0.00	middle
43	43	csa-miR482_me	s	s	TCTTCCCTACTCCACCCATG 22	gp3	4.11	4.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
44	44	csa-miR482c_md			TCTTTCCTAGCCCTCCCATTC22	gp3	1.64	0.00	0.00	8.68	5.85	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
45	45	csa-miR528-5p_ata			TGGAAGGGGCATGCAGTGG 21	gp3	4.93	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
46	46	csa-miR530a_lu	s	s	TGCATTTACACCTGCACCTT 21	gp3	0.82	0.00	0.00	5.21	0.00	0.42	0.00	2.93	0.00	0.00	0.00	0.00	low
47	47	csa-miR535_aqc			TGACAACGAGAGAGAGCAC 21	gp3	6.57	0.00	0.00	13.88	26.34	0.00	6.09	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	middle
48	48	csa-miR827-5p_stu			TTTGTTGATGGTCATCTATT 20	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4.22	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
48	49	csa-miR827_nta			TTAGATGAACATCAACAAA 21	gp3	0.00	0.00	0.00	8.68	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
49	50	csa-miR845_cm	e	e	CGCTCTGATACCAATTTGA 19	gp3	0.00	0.00	0.90	0.00	3.90	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
50	51	csa-miR858a_at	h	h	TTCNTTGCTGTTCGACCTT 21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	1.95	0.00	2.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
51	52	csa-miR894_ppt			CGTTTCACGTCGGGTTACCC 21	gp3	2887.80	5458.9	664952.19	16497.56	6367.42	2733.19	2651.81	#####	0.00	0.00	0.00	0.00	high
52	53	csa-miR947_pab			TATCGGAATCTTTTACTGTT 22	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.73	0.00	0.00	0.00	0.00	low
53	54	csa-miR1123_ta	e	e	TCCGTGAGACCTGGGCTC 18	gp3	0.00	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
54	55	csa-miR1314_pt	a	a	TCGGCCTTGAATGTTAGGAG 22	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.47	0.00	0.00	0.00	0.00	low
55	56	csa-miR1426_os	a	a	AGAATCTTGATGATGATTT 19	gp3	0.82	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
56	57	csa-miR1432_ss	p	p	TCAGGAAAGATGACACCGA 19	gp3	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
57	58	csa-miR1507a_g	ma	ma	TCTCATCCATACATCGTCT 22	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	12.85	0.00	0.00	0.00	0.00	middle	
58	59	csa-miR1508a_g	ma	ma	TAGAAAGGGAAATAGCAGT 21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	low	
59	60	csa-miR1510b-5p_gma			AGGGATAGGTAAAACAAC 21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7.44	0.00	0.00	0.00	0.00	low	
59	61	csa-miR1510b-3p_gma			TGTTGTTTTACCTATTCCACC21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	4.88	0.00	2.71	0.00	0.00	0.00	0.00	low	
60	62	csa-miR1511_g	ma	ma	AACCAGGCTCTGATACCATG 21	gp3	0.00	0.45	0.60	0.00	1.63	0.28	13.75	0.00	0.00	0.00	0.00	middle	
61	63	csa-miR1513a-5p_gma			TGAGAGAAAGCCATGACTT 21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.03	0.00	0.00	0.00	0.00	low	
62	64	csa-miR1515a_g	ma	ma	TCATTTTGCGTGCAATGATC 21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.68	0.00	0.00	0.00	0.00	low	
63	65	csa-miR1523a_g	ma	ma	TATGGGATAAATGTGAGCTC 21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4.06	0.00	0.00	0.00	0.00	low	

89	91	csa-miR5568g-5p_sbi	AAATTATAAGACGTTTTGGC T	21	gp3	0.82	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
90	92	csa-miR5653_at_h	TGAGTTAAGTTGAGTTGGC	19	gp3	0.00	0.00	3.58	5.21	0.00	1.69	0.68	0.00	0.00	low
91	93	csa-miR5660_at_h	CAGGAGGTTAGTGCAATG	18	gp3	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
92	94	csa-miR5816_osa	CTAGGAGTGTGTGTAGGAG	19	gp3	0.00	4.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
93	95	csa-miR6019a_nta	TACAGGTGACTTGTA AATT	19	gp3	0.82	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
94	96	csa-miR6024_sly	TTTAGCAAGAGTTGTTTTAC C	21	gp3	0.00	0.00	0.00	1.74	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
95	97	csa-miR6027-3p_sly	TGAATCCTTCGGCTATCCAT A	21	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	8.43	0.00	0.00	0.00	low
96	98	csa-miR6104_cca	AAAATAGAACAAATAAAC	18	gp3	0.00	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
97	99	csa-miR6113_cca	CTAAA AACTCAAGAACACGTT	20	gp3	1.64	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
98	100	csa-miR6146b_nta	TTTGCCAATGAAATACTTA TC	22	gp3	0.82	0.00	0.00	0.00	7.81	0.00	2.03	0.00	0.00	low
99	101	csa-miR6149a_nta	TTGATACGCACCTGAATCGG C	21	gp3	0.82	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
100	102	csa-miR6173_hbr	TAGCCGTAAACGATGGATA CT	21	gp3	967.80	1591.94	730.47	3225.79	1208.89	1284.57	412.60	487.51	0.00	high
101	103	csa-miR6196_hvu	AGGATGAGGAGATGGAGA	18	gp3	0.00	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
102	104	csa-miR7507_ghr	AGTGAAGTAGGCAATTGT	18	gp3	0.00	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
103	105	csa-miR7746-3p_bdi	TATTAGAACTCTTAATCT	18	gp3	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
104	106	csa-miR7767-5p_bdi	CAAGCTGAGAGCTCTCCT	18	gp3	0.00	4.06	0.90	0.00	0.98	1.69	0.00	0.00	0.00	low
105	107	csa-miR7782-3p_bdi	CCTGCTCTGATACCATGTT	19	gp3	0.00	0.00	0.90	1.74	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
106	108	csa-miR8051-5p_stu	TAGTATGGTAGAAGGATTCA	20	gp3	0.00	4.06	0.00	1.74	3.90	0.00	0.00	0.73	0.00	low
107	109	csa-miR8175_at_h	CGTTCCCCGGCAACGGCGCC A	21	gp3	143.77	375.29	472.66	135.35	254.66	134.95	104.84	104.10	0.00	middle
108	110	csa-miR8701_gra	GGGGCTTAGAAAAATGGGA	19	gp3	1.64	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
109	111	csa-miR9773_tae	GTTTTTATGTTATTTTCGT	18	gp3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00	0.00	low
1	1	PC-1-5p	TCTAACTCTCTTAACACCAT C	21	gp4	1.23	0.00	27.75	1.74	1.46	0.00	5.41	1.47	0.00	middle
1	2	PC-1-3p	TGGTGCTAAGAGAGTTAGA AG	21	gp4	0.41	0.00	4.48	0.00	0.00	0.00	0.00	0.37	0.00	low
2	1	PC-2-5p	TCTAACTCTCTTAACACCAT C	21	gp4	1.23	0.00	27.75	1.74	1.46	0.00	5.41	1.47	0.00	middle
2	2	PC-2-3p	TGGTGCTAAGAGAGTTAGA AG	21	gp4	0.41	0.00	4.48	0.00	0.00	0.00	0.00	0.37	0.00	low
3	3	PC-3-5p	GTGCGAGTCTCTATTGGCAG A	21	gp4	0.00	0.00	4.48	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
3	4	PC-3-3p	TGCCAAAAGAGACTTGCCCT G	21	gp4	13.15	14.90	26.86	2.60	3.41	8.86	15.56	6.96	0.00	middle

4	4	PC-4-3p	TGCCAAAAGAGACTTGCCCT21 G	gp4	13.15	14.90	26.86	2.60	3.41	8.86	15.56	6.96	middle
5	5	PC-5-5p	ATATATATTATACGAGGACC 24 CTAC	gp4	0.82	0.00	2.69	4.34	0.00	0.00	0.00	0.37	low
5	6	PC-5-3p	AATGTAGGGTCCTCGTATAA 24 TATA	gp4	0.00	0.00	5.82	0.00	0.00	0.00	4.06	1.83	low
6	6	PC-6-3p	AATGTAGGGTCCTCGTATAA 24 TATA	gp4	0.00	0.00	5.82	0.00	0.00	0.00	4.06	1.83	low
7	7	PC-7-5p	AGAAAGAAAGAACTTTAAA 21 CT	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	3.80	3.38	3.67	low
7	8	PC-7-3p	TTTATAGTTCTTTCTTTCTTT 21	gp4	0.82	0.00	4.48	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
8	7	PC-8-5p	AGAAAGAAAGAACTTTAAA 21 CT	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	3.80	3.38	3.67	low
9	9	PC-9-5p	TAAACGATCGTATACTAATA 22 TC	gp4	0.00	0.00	3.58	12.15	0.00	2.53	4.73	6.60	middle
9	10	PC-9-3p	ATAAGTATAAGATCGTTTAG 23 ACT	gp4	0.82	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	8.79	0.73	low
10	11	PC-10-5p	ACATACATGTATATAGAACG 21 T	gp4	0.82	0.00	0.00	0.00	1.95	0.00	3.38	0.00	low
10	12	PC-10-3p	GTTCTATATACATGTATGTA 21 C	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4.73	0.00	low
11	13	PC-11-5p	ATCGAACTAAAGGTATTGTA 24 ACTT	gp4	0.00	0.00	1.34	0.00	0.00	4.64	5.75	1.47	low
11	14	PC-11-3p	AATACCTTTAGTTCGATTTCG 24 ATTT	gp4	0.00	2.71	3.58	0.00	0.00	0.00	1.35	0.73	low
12	15	PC-12-5p	TTGCTTCAAACAGAAACGAC 21 C	gp4	0.00	4.06	0.00	3.47	0.00	0.00	4.06	0.00	low
12	16	PC-12-3p	TCGTTTCTGTTTGAAGCAAC 21 C	gp4	0.00	0.00	5.37	0.00	0.00	0.00	3.38	0.00	low
13	17	PC-13-5p	AAATATAGCAAAAATCTGTCA 24 AAGC	gp4	0.82	0.00	1.79	0.00	0.00	0.84	8.79	4.40	low
13	18	PC-13-3p	CAGATTTTGCTATATTTACA 23 ATT	gp4	4.93	0.00	0.00	0.00	0.98	0.00	6.09	0.73	low
14	19	PC-14-5p	AATAAAATATTTACAAGCTA 24 TAGC	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4.73	0.00	low
14	20	PC-14-3p	ATTTGTTGTAGTTGTAAAT 23 ATT	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	5.41	1.47	low
15	21	PC-15-5p	ATGCAGTCAAACATAAAGA 21 CC	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.01	4.40	low
16	21	PC-16-5p	ATGCAGTCAAACATAAAGA 21 CC	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.01	4.40	low
17	22	PC-17-3p	CAGAGAGATTGTAACCGAA 21 TT	gp4	3.70	0.00	2.69	1.74	0.98	6.33	0.34	0.00	low
18	22	PC-18-3p	CAGAGAGATTGTAACCGAA 21 TT	gp4	3.70	0.00	2.69	1.74	0.98	6.33	0.34	0.00	low
19	23	PC-19-5p	CAAGTCTGTCTTCGCCGATC 21 G	gp4	2.88	0.00	3.58	3.47	0.00	18.13	6.09	3.67	middle
19	24	PC-19-3p	CGATCGGCGAAGACAGACT 22 TGG	gp4	4.11	0.00	0.00	0.00	7.81	8.86	2.03	4.03	low
20	25	PC-20-5p	AATAATCAAGTATGTAGCA 24 ACATT	gp4	2.88	2.71	0.00	0.00	4.88	2.95	2.03	6.23	low
20	26	PC-20-3p	AATGTAGTTGTATTCTTAAT 24 TATT	gp4	0.82	1.35	8.06	8.68	0.00	0.00	7.44	0.73	low
21	27	PC-21-5p	CAAATGGACAGAGATAGAC 23 CACT	gp4	6.57	1.35	2.69	12.15	8.78	0.84	14.20	11.00	middle
21	28	PC-21-3p	GTGGTCTATCTCTGTCCATT 20	gp4	0.00	1.35	9.85	0.00	0.98	10.12	10.15	11.73	middle
22	29	PC-22-3p	CCGAGCTAAAGAACATAAG 20 T	gp4	0.82	0.00	1.79	0.00	0.00	4.22	4.06	0.00	low
23	29	PC-23-3p	CCGAGCTAAAGAACATAAG 20 T	gp4	0.82	0.00	1.79	0.00	0.00	4.22	4.06	0.00	low
24	30	PC-24-5p	ATTTGAATTCTAAGCCAAAT 21 T	gp4	9.86	4.06	12.53	46.85	0.00	7.59	11.50	8.06	middle
24	31	PC-24-3p	TTTGGCTTAGACTTTAAATA 21 T	gp4	37.79	20.32	13.43	88.50	22.44	64.10	35.17	21.26	middle
25	32	PC-25-5p	TAGGTAGAGACGTTAGAGTT 21 G	gp4	5.75	10.84	6.27	5.21	7.81	0.00	12.18	11.00	middle
25	33	PC-25-3p	ATCAACTCTAACATCTCTAC 21 T	gp4	0.00	0.00	3.58	5.21	4.88	2.53	0.00	1.47	low
26	34	PC-26-5p	AAATGCAGATGATTAATGTC 24 GGTT	gp4	0.00	6.10	0.00	0.00	0.00	6.75	3.72	4.03	low
27	34	PC-27-5p	AAATGCAGATGATTAATGTC 24 GGTT	gp4	0.00	6.10	0.00	0.00	0.00	6.75	3.72	4.03	low
28	35	PC-28-5p	AAAAGTGAGCATAGTTCAG 24 TTGGC	gp4	53.40	12.19	44.76	15.62	18.54	66.63	75.08	57.18	middle

28	36	PC-28-3p	ATTGAGCTATGCTCGCTTTG 24 GCAA	gp4	10.68	6.77	24.17	3.47	1.95	16.87	31.11	16.13	middle
29	37	PC-29-5p	ATTCTGAATTTTATCAATGA 24 TAGT	gp4	1.64	0.00	3.13	0.00	0.00	0.00	5.41	5.13	low
29	38	PC-29-3p	CAGTGATAGAATCTAAAAA 21 TT	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.03	7.33	low
30	39	PC-30-5p	CTCTCTTGACGTTTTTAAAC 23 TGT	gp4	0.00	0.00	2.69	3.47	0.00	0.00	0.00	0.00	low
30	40	PC-30-3p	TTTAAAAACGTCAAGAGAG 21 CC	gp4	0.00	0.00	3.58	0.00	0.00	0.00	2.03	0.00	low
31	41	PC-31-5p	AGCTCCTGCATTGTCGTTTC 24 CTCT	gp4	0.00	0.00	3.58	0.00	0.00	0.00	0.00	2.93	low
31	42	PC-31-3p	AAACGACAATGCAGGGGCT 25 TGAACT	gp4	0.00	0.00	0.90	3.47	0.00	0.00	0.68	1.47	low
32	43	PC-32-3p	TTGGAGTCATCATAAGATTG 21 G	gp4	4.11	2.03	0.90	0.00	0.00	8.43	2.71	0.00	low
33	43	PC-33-3p	TTGGAGTCATCATAAGATTG 21 G	gp4	4.11	2.03	0.90	0.00	0.00	8.43	2.71	0.00	low
34	44	PC-34-5p	ACACAAGGGCCTAATAAAC 24 TACT	gp4	0.82	0.00	0.00	0.00	1.95	0.00	4.73	5.86	low
34	45	PC-34-3p	GTTTATTAGGTCTTATGTT 19	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	5.06	0.00	0.00	low
35	46	PC-35-5p	AACGATCGTGTACCAAATCT 24 AATT	gp4	0.82	0.00	2.69	0.00	0.00	0.00	3.38	5.86	low
35	47	PC-35-3p	TAGATGTTGGTACATGATTG 23 TTT	gp4	4.93	0.00	0.90	0.00	0.00	0.84	2.03	1.47	low
36	48	PC-36-5p	GTCAAGGCTGGTTGTGAAG 24 GCTCT	gp4	3.29	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00	0.00	0.73	low
36	49	PC-36-3p	CCTTCACAGCCAGTCTTGAC 21 T	gp4	0.00	0.00	0.00	5.21	0.00	0.00	0.68	0.00	low
37	50	PC-37-5p	CTCTTGATAGTTTTTAACTG 21 T	gp4	0.00	1.35	0.90	0.00	0.00	6.75	1.35	1.47	low
37	51	PC-37-3p	CAGTTAAAAAATGTGAAGA 22 TAG	gp4	0.00	0.00	0.00	3.47	0.00	0.00	0.00	0.00	low
38	52	PC-38-5p	AATCCGAACTACTCAACTCA 24 TATT	gp4	6.57	0.00	6.27	0.00	0.00	0.00	4.06	0.73	low
38	53	PC-38-3p	AAAATATGGGTTGGGTTGG 23 GTCT	gp4	0.00	0.00	1.79	5.21	0.00	0.00	1.35	2.93	low
39	54	PC-39-5p	GTAATGTTCTTGAAGTTGGA 24 GTCT	gp4	0.82	5.42	0.00	0.00	0.00	0.00	7.44	2.93	low
39	55	PC-39-3p	CAAGACTCCAACCTCAAGA 24 ACATT	gp4	1.64	6.77	2.69	6.94	2.93	5.90	6.09	7.33	low
40	56	PC-40-5p	AGGCCTCCTAGTAGTTATC 19	gp4	13.15	0.00	92.20	3.47	10.24	5.48	17.92	15.76	middle
40	57	PC-40-3p	GATAACTACTAGGAGCCTC 23 ACT	gp4	25.88	0.00	72.51	41.65	2.93	18.56	29.42	32.26	middle
41	58	PC-41-3p	AGCGTTGGGACAAGTCTATA 20	gp4	1.64	0.00	0.00	1.74	0.00	0.00	2.71	3.67	low
42	59	PC-42-5p	ATCAGAGCTCTAGGGTTTTC 24 GCCT	gp4	0.82	0.00	2.69	0.00	0.00	7.59	0.68	5.13	low
43	60	PC-43-5p	TTAGAAAAGATTGTAAATTT 20	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	7.59	0.00	0.00	low
44	61	PC-44-5p	ACTTTTATTTGGTTGTTTAA 24 GATC	gp4	1.64	1.35	4.03	10.41	2.93	0.00	11.50	4.03	middle
45	62	PC-45-5p	TGAATTTGATTGTTATAACT 20	gp4	0.82	0.00	0.00	0.00	0.98	0.00	5.41	0.00	low
46	63	PC-46-3p	ATTTTGTATGGTCTGTAAA 24 TATT	gp4	0.00	2.71	6.27	0.00	0.00	0.00	2.03	3.67	low
47	64	PC-47-5p	TTTACAAGTGTATCCATTTA 23 GAC	gp4	0.00	1.35	1.79	0.00	0.00	0.00	2.71	6.60	low
48	65	PC-48-3p	CTTTGACAGATTTTGCTATA 20	gp4	0.00	0.00	0.00	3.47	3.90	5.06	0.68	0.00	low
49	66	PC-49-5p	TTTTAAGAATTGAGTAGACT 24 TGTT	gp4	6.57	9.48	0.00	1.74	6.83	10.12	30.44	6.60	middle
50	67	PC-50-3p	CTAAAATGAACTAAAGTCA 24 AGAGT	gp4	5.75	0.00	3.58	6.94	5.85	0.00	10.15	2.20	middle
51	68	PC-51-5p	ATTTGTGTACTATAGACTTA 22 AT	gp4	2.46	2.71	1.79	1.74	0.00	3.37	0.00	2.20	low
52	69	PC-52-3p	CGATGTTCTAATTTCTTAGG 23 ATT	gp4	0.00	1.35	1.79	0.00	0.98	0.00	3.38	0.00	low
53	70	PC-53-5p	AAGACCGAGTGAGGAGCTG 24 AGAAC	gp4	6.57	1.35	3.58	1.74	0.00	0.00	16.23	1.47	middle
54	71	PC-54-5p	TAATTAAGGACATAGCAAC 23 ATTT	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	1.95	1.69	2.03	4.40	low
55	72	PC-55-5p	CCGGCTCTGATAGCATTGTT 21 T	gp4	0.00	0.00	3.58	5.21	0.00	0.00	6.76	0.00	low
56	73	PC-56-5p	AACACGTATAGATTGTCATA 24 TTTG	gp4	0.82	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	6.76	0.00	low
57	74	PC-57-3p	AATGACTATCGGTGATAGA 22 ATT	gp4	6.57	4.06	8.95	10.41	1.95	25.30	10.15	6.60	middle

58	75	PC-58-3p	ACTAGGTACATGATTGTTTA 24 GACT	gp4	6.57	0.00	8.95	0.00	0.00	0.84	11.50	8.06	middle
59	76	PC-59-3p	TTGATGAAATCTGAAAATTT 20	gp4	4.93	0.00	1.79	6.94	2.93	0.00	1.35	3.67	low
60	77	PC-60-3p	ACGATTGTTTAGATTTGTCT 23 ACA	gp4	0.41	0.00	0.00	3.47	0.00	3.37	1.35	1.83	low
61	78	PC-61-3p	ATCCAAAATTTTGTATGAC 24 TTGT	gp4	0.00	0.00	1.79	0.00	0.00	0.42	4.73	1.47	low
62	79	PC-62-5p	ACAAAACCTGGCTTTACTTGA 24 CACT	gp4	1.23	0.00	0.00	0.00	0.00	0.42	1.01	4.03	low
63	80	PC-63-3p	CTAAAAAGATACATTTTGAA 24 AACT	gp4	7.39	2.71	0.00	0.00	0.98	5.90	7.44	2.93	low
64	81	PC-64-5p	ATTTTATGTGTACTTGTA 23 GTG	gp4	2.46	2.71	0.00	5.21	0.00	0.00	1.35	1.47	low
65	82	PC-65-5p	CAAGTGTATCGATTTAGACC 20	gp4	2.88	0.00	0.90	0.00	0.00	4.22	0.00	0.00	low
66	83	PC-66-3p	AAGTAAACCAATTTCTGTAG 24 TAGT	gp4	0.82	5.42	0.90	0.00	1.95	2.11	2.03	3.67	low
67	84	PC-67-3p	AAACGTGGATTGAAAAATG 24 AGATT	gp4	1.64	2.71	0.00	0.00	0.00	0.00	0.68	3.67	low
68	85	PC-68-5p	CAAGATTTTAGATTCTATT 19	gp4	0.00	0.00	0.00	3.47	0.00	0.00	1.35	5.86	low
69	86	PC-69-3p	TTTGAATTTAAGAACATGCG 24 AGAT	gp4	0.41	0.00	4.92	0.00	0.00	3.37	8.79	2.93	low
70	87	PC-70-5p	ATAGACTTGTAACACTGATA 24 GACT	gp4	0.82	0.00	0.45	0.00	0.00	0.00	5.41	0.00	low
71	88	PC-71-5p	ATTGATTGGAAAAAGCGAA 24 GTAGA	gp4	0.82	0.00	2.69	3.47	0.00	5.06	1.35	0.73	low
72	89	PC-72-3p	AGTAATGGGACTATACTTGA 24 CAGT	gp4	0.82	5.42	4.48	0.00	0.00	0.00	0.00	0.73	low
73	90	PC-73-3p	ATTTTGTGTAACTTGTA 24 TATT	gp4	4.11	0.00	2.69	5.21	0.00	0.00	4.73	1.47	low
74	91	PC-74-3p	TAGGTTGTAAATATTCTTTT 21 T	gp4	2.46	6.77	1.79	0.00	0.00	0.00	1.35	11.00	middle
75	92	PC-75-5p	AACACGTCGCGGAACTCG 24 AAACG	gp4	0.00	2.71	0.00	0.00	0.00	17.71	2.71	0.73	middle
76	93	PC-76-5p	AATTAATCACTTGAAAATG 19	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	5.41	1.47	low
77	94	PC-77-3p	TATAACCGATGACTGTATCA 22 CA	gp4	0.00	1.35	1.79	0.00	1.95	0.00	6.09	2.93	low
78	95	PC-78-5p	AACTTCAAGAGTCACTGGG 24 ACACT	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	3.80	0.00	0.00	low
79	96	PC-79-5p	CAATAGGTTGTTTTATGACA 22 TG	gp4	3.29	0.00	5.37	10.41	0.00	7.59	1.35	0.00	middle
80	97	PC-80-3p	AGATGTCTAGGAACTCTCGA 24 CACT	gp4	0.82	3.39	0.90	0.00	1.95	0.00	6.76	0.73	low
81	98	PC-81-3p	AAAATCGTTTACCAAGATCT 24 GAAC	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6.09	0.73	low
82	99	PC-82-5p	AACTTCTTCGACGTGCAAC 24 CTGC	gp4	3.29	0.00	6.27	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
83	100	PC-83-3p	AATGTTGTTATGTATTTAAT 24 TATT	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	10.12	2.71	0.00	middle
84	101	PC-84-5p	CAAAAATGACTTGCCACTA 23 TGC	gp4	0.00	0.00	1.79	27.76	0.00	0.00	2.71	2.93	middle
85	102	PC-85-5p	TAGCTGTTATCGATTGTTAT 24 CACT	gp4	0.00	0.00	5.37	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	low
86	103	PC-86-5p	AATATTTACAGACTATAGCA 24 AATT	gp4	0.82	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	3.38	2.93	low
87	104	PC-87-5p	CGAATAAAGTCTATGACAGT 21 T	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	0.98	5.90	1.01	1.47	low
88	105	PC-88-5p	TTTGGACCACAACTCTGAT 20	gp4	3.29	10.84	1.79	0.00	6.83	11.81	4.06	3.67	middle
89	106	PC-89-3p	AGATTCATTATGACCGTTGG 24 GTGT	gp4	0.00	0.00	1.79	5.21	0.00	0.00	1.35	2.93	low
90	107	PC-90-5p	AGTAGAACAAAGCGCGAAA 24 ATATT	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	5.41	1.47	low
91	108	PC-91-5p	CTAGAAAAATTCTCAGGAT 19	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.71	4.40	low
92	109	PC-92-5p	AATATTTACAAGCTATAACA 24 AGAT	gp4	0.00	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00	4.06	3.67	low
93	110	PC-93-3p	TAAAATATATTTAACTTGTT 20	gp4	1.64	0.00	0.90	0.00	0.00	10.12	0.00	0.00	middle
94	111	PC-94-5p	TTAAAATCTGTCAATGTTT 19	gp4	4.11	0.00	1.79	5.21	0.00	0.00	0.00	1.47	low
95	112	PC-95-3p	AAATAACTGACGTCGTAGA 21 CC	gp4	0.00	1.35	0.90	2.60	0.00	0.00	3.38	0.73	low
96	113	PC-96-5p	CGATTGTTTAGATTTGAGTT 21 T	gp4	4.93	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	3.38	0.00	low
97	114	PC-97-3p	CAATCATTAATAGAATCTGA 24 AATT	gp4	2.46	0.00	2.69	0.00	0.00	0.00	5.41	1.83	low
98	115	PC-98-5p	TTTGAATCTGATTGTTACA 23 TTT	gp4	0.00	4.06	4.48	0.00	0.00	0.00	2.03	1.47	low

99	116	PC-99-5p	AAAATTTTCAGATTCTATCAA 24 TGAT	gp4	0.00	0.00	3.58	0.00	0.00	0.00	1.35	1.47	low
100	117	PC-100-3p	TTAAGAACTAAAATGAACC 19	gp4	3.29	0.00	2.69	0.00	0.00	0.00	0.00	4.40	low
101	118	PC-101-5p	AAGGTTATGGTAACCCAACC21 C	gp4	3.29	0.00	4.48	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00	low
102	119	PC-102-3p	ACTGATAGAATCTAAAATTT 24 TGCT	gp4	6.98	0.00	5.37	0.00	0.00	0.00	10.82	6.60	middle
103	120	PC-103-5p	TGTCGCAGGAGAGATGGCC 21 CG	gp4	1.64	1.35	0.00	0.00	9.76	0.00	0.00	0.00	low
104	121	PC-104-5p	TGTGATAGATTAAGATAGAC21 T	gp4	1.64	0.00	3.58	6.94	0.98	0.00	5.41	3.67	low
105	122	PC-105-3p	CAAATTTAGAAAATGTTGGG22 AT	gp4	9.86	1.35	1.79	0.00	0.00	15.18	12.85	6.60	middle
106	123	PC-106-3p	TAGAATCTGAAATTTTGCTA 24 TGTT	gp4	0.00	4.06	1.79	0.00	0.00	1.27	1.35	2.20	low
107	124	PC-107-3p	CTAGTAAACAATGATATTTT 20	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7.59	0.00	0.00	low
108	125	PC-108-5p	ATAGACTTGTATCGCTGATG 24 GACT	gp4	19.72	0.00	29.99	0.00	2.93	7.59	30.44	40.32	middle
109	126	PC-109-3p	TTGGTACACGATCGTTTAGA 21 C	gp4	0.82	0.00	2.69	6.94	0.00	0.00	0.68	1.47	low
110	127	PC-110-5p	CAATTAAGGATGTAGCAAC 23 ATTT	gp4	6.57	6.10	2.69	1.74	1.46	1.27	7.10	0.00	low
111	128	PC-111-5p	CGAAAATAAGTTCTCTGTAT 23 CTT	gp4	3.29	0.00	3.58	0.00	1.95	0.00	4.73	3.67	low
112	129	PC-112-3p	CTATAGATTGTCAATATTT 19	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.95	4.06	1.10	low
113	130	PC-113-5p	CATGTAGCTCATACACCCCA 24 TGGT	gp4	0.00	0.00	4.48	0.00	0.00	0.00	0.00	2.93	low
114	131	PC-114-3p	TTATTGTCGATAGATTTTT 19	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6.75	0.00	0.00	low
115	132	PC-115-5p	GTTGAACTCGAATAACCCAG23 ACT	gp4	9.04	1.35	8.95	1.74	4.88	0.00	6.09	10.26	middle
116	133	PC-116-5p	TCTTGACTTGAGCTGGATC 21 T	gp4	0.41	0.00	3.13	13.01	1.46	0.00	1.35	3.30	middle
117	134	PC-117-5p	TAGAAATTGATAGAAATC 18	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	10.12	1.35	0.00	middle
118	135	PC-118-3p	CAGGTAAAAAGCGTCAAGT 21 AT	gp4	2.46	0.00	0.00	0.00	0.00	3.37	2.03	1.47	low
119	136	PC-119-3p	TGCTGGGCTCATGGGCTGCC 21 T	gp4	0.82	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	6.76	5.13	low
120	137	PC-120-5p	TAAGTGAAACGTCGAGATT 19	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	1.95	2.53	0.00	5.13	low
121	138	PC-121-3p	TTTCGGTATGGTAAAGCCTT 24 GGCC	gp4	12.73	0.00	40.73	10.41	13.17	11.39	16.91	4.77	middle
122	139	PC-122-5p	TAATGACGAGTTGGAAC TTC 24 AAGA	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	2.95	8.79	10.26	middle
123	140	PC-123-3p	AATGAGATTGCATAAGATC 24 GGACT	gp4	2.46	8.13	6.27	0.00	2.93	0.00	10.15	3.67	middle
124	141	PC-124-3p	AGTACGTAGACTAAAATGA 24 ATATT	gp4	5.75	0.00	16.11	24.29	13.66	11.81	52.08	33.72	middle
125	142	PC-125-3p	TAGAAGATTATCAGTGATAG24 AATC	gp4	3.29	0.00	0.00	0.00	0.00	5.90	4.73	6.23	low
126	143	PC-126-5p	TTTTAAACTGTCAAGAATCA 22 CT	gp4	4.11	0.00	2.69	0.00	0.00	0.00	3.38	0.00	low
127	144	PC-127-3p	TTTAGATAAATTAGATTTGA 22 TT	gp4	4.93	0.00	1.79	0.00	5.85	0.00	6.09	0.00	low
128	145	PC-128-3p	ATTGGTAGAATCTGAAATTT 24 TGTT	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6.76	0.00	low
129	146	PC-129-5p	ATTTTGGATTCTGTCACTAA 20	gp4	3.29	0.00	1.79	3.47	0.00	3.37	3.38	0.00	low
130	147	PC-130-3p	AAAGGCAGGACAAAATACG 24 GTATC	gp4	0.82	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00	4.73	6.60	low
131	148	PC-131-3p	ATTTAAGATTTGCAGTATGA 24 ACTT	gp4	37.79	46.06	8.95	0.00	54.64	65.79	119.05	78.44	middle
132	149	PC-132-5p	TAAAGAAAGAACTTCAAGG 21 AA	gp4	22.59	20.32	2.24	0.00	6.83	5.90	21.31	12.10	middle
133	150	PC-133-5p	ACTCTAAACTTATATAAATG 24 CATC	gp4	1.64	0.00	8.06	0.00	0.00	0.00	1.35	1.47	low
134	151	PC-134-3p	ATTTTAACTATTTCAAATC 24 GTTC	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	3.37	4.73	2.93	low
135	152	PC-135-3p	TTGTGTTCTCAGGTTCACTC 22 CT	gp4	2.46	0.00	6.27	0.00	0.00	0.00	4.06	2.93	low
136	153	PC-136-5p	AAATATAGTCAAATCTGTCA 24 AAGT	gp4	6.57	0.00	6.27	5.21	0.00	0.00	7.44	1.47	low
137	154	PC-137-5p	CAATTCGGTTACAATCTGTC 24 TGTT	gp4	2.46	0.00	5.37	0.00	0.00	0.00	1.35	4.40	low
138	155	PC-138-5p	ATAAAATTTGCTGTAGATCG 25 TAAAT	gp4	0.82	0.00	0.00	0.00	0.00	3.80	0.68	0.00	low
139	156	PC-139-3p	TATCATTATTAGTTTAAAGGT 20	gp4	0.00	0.00	1.79	0.00	0.00	11.81	2.03	0.00	middle
140	157	PC-140-3p	CGTGGAAAGTAAACGCATT 19	gp4	1.64	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	0.00	5.13	low

141	158	PC-141-3p	AATTCTATCACTGATAGTCA 24 CTGA	gp4	2.88	2.71	5.82	5.21	1.46	10.96	11.16	21.63	middle
142	159	PC-142-5p	CTGTGATGATTATTGATTTA 21 G	gp4	20.13	0.68	18.35	102.38	5.85	9.70	27.06	30.79	middle
143	160	PC-143-5p	CAATTTTGTGTCTAATAGGT 21 C	gp4	0.00	4.06	2.69	1.74	0.00	13.50	5.41	0.00	middle
144	161	PC-144-3p	TGAAGTCCTGTACCCGGTAC 24 ACGA	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	5.85	0.00	11.50	0.73	middle
145	162	PC-145-3p	CTTTGTTATATTTGTAACCT 20	gp4	0.00	0.00	1.79	0.00	0.00	5.06	0.00	0.00	low
146	163	PC-146-5p	CCAAGCTAAGCACGTTTGAC21 T	gp4	1.64	2.71	3.58	0.00	0.00	0.00	10.15	2.20	middle
147	164	PC-147-5p	TTTGAATCTAATCGTTATAT 22 TT	gp4	0.82	2.71	8.95	5.21	0.00	0.00	4.73	8.80	low
148	165	PC-148-3p	ACAACGATCTGATATTAATT 24 GGCT	gp4	6.57	0.00	5.37	3.47	6.83	0.00	0.68	8.06	low
149	166	PC-149-3p	TTATCACTGATAGATACTAT 21 C	gp4	3.70	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00	low
150	167	PC-150-5p	TTAATAATATAGCAACATTC 21 T	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	4.88	0.00	9.47	0.00	low
151	168	PC-151-5p	TTTTAACTTTTCCCGACGT 23 CTC	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	3.38	0.00	low
152	169	PC-152-3p	TGGTCGAGTGATGTAGAGCC21 T	gp4	0.00	5.42	0.00	0.00	3.90	0.00	0.00	3.67	low
153	170	PC-153-5p	TGATTGTATCAATTTAGACT 22 CT	gp4	0.00	0.00	4.48	1.74	0.00	2.95	2.71	0.73	low
154	171	PC-154-5p	GTTTGGATTGACTTTCTAAG 24 TGTT	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	2.37	3.30	low
155	172	PC-155-5p	CCGCGACGTATAGGAACAA 24 GACGT	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	10.15	0.00	middle
156	173	PC-156-3p	AAACATCTGGTAGACATCTC 21 G	gp4	3.29	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	1.35	3.67	low
157	174	PC-157-5p	TTTAGATCACGCAGAAGAG 21 AC	gp4	0.41	0.00	4.48	3.47	0.00	0.00	11.16	4.03	middle
158	175	PC-158-3p	CTATCCTGACGATTGTTGTA 22 CT	gp4	0.82	0.00	2.69	12.15	0.00	0.00	0.00	1.47	middle
159	176	PC-159-3p	AGTATAGGGACCAAAATGA 24 ACATT	gp4	35.33	56.90	8.95	0.00	13.66	26.99	45.32	49.12	middle
160	177	PC-160-5p	TATTTGTGAACCGTAAAACA 23 ATA	gp4	0.82	0.00	4.48	0.00	0.00	0.00	4.06	0.73	low
161	178	PC-161-5p	AACACGCCTTGACAAGTAT24 GACC	gp4	2.46	0.00	0.90	0.00	1.95	0.00	3.38	1.47	low
162	179	PC-162-5p	CAAAGTCTATCGGTGATAAA22 TT	gp4	0.82	6.77	0.90	5.21	0.00	0.00	2.03	1.47	low
163	180	PC-163-5p	TTTGAAAACAATCGTTTAG 23 ATT	gp4	0.00	0.00	3.58	0.00	0.00	0.00	3.38	4.40	low
164	181	PC-164-3p	GTTGATAGAATCTGAAATT 19	gp4	2.46	0.00	0.90	0.00	0.00	5.06	0.00	0.00	low
165	182	PC-165-3p	TCTCGCACATTTCAAACCTTT 24 CACT	gp4	0.00	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	6.09	0.00	low
166	183	PC-166-5p	TAAGTAAACAATGAACTG 24 AGCCA	gp4	0.00	0.00	0.90	5.21	2.93	0.00	3.38	0.00	low
167	184	PC-167-3p	CGTTGATAGAATATGATAT 19	gp4	0.41	0.00	4.48	3.47	1.95	0.00	4.06	0.73	low
168	185	PC-168-5p	ATTTCATAATCTATCAATGG 21 C	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	3.38	0.00	low
169	186	PC-169-5p	TCGGGAATAGCCACACAAC 21 TC	gp4	2523.0	5466.786	2.7	0.00	842.03	884.77	1015.27	421.53	high
170	187	PC-170-5p	ATAGTGAAAGTTTGAAACGT20	gp4	0.00	6.77	1.79	0.00	6.83	2.53	0.68	2.93	low
171	188	PC-171-5p	AAACATGAGGACCTAATAA 23 ACTT	gp4	9.04	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	10.15	10.26	middle
172	189	PC-172-5p	TAATTAAGAATGTAGTAACA24 TTTT	gp4	3.29	1.35	1.79	3.47	0.98	0.00	6.76	2.93	low
173	190	PC-173-5p	CAATGATAGAAATCGATAG 22 ACT	gp4	21.36	8.13	0.90	17.35	3.90	27.83	12.85	12.83	middle
174	191	PC-174-3p	ATTTCCAAAGTAAATTTGAA 24 CACT	gp4	4.11	0.00	0.00	0.00	1.95	0.00	3.38	4.40	low
175	192	PC-175-3p	CAACCGTTGTACACCACGAA21 C	gp4	0.00	1.35	0.90	6.94	0.00	0.00	2.03	3.67	low
176	193	PC-176-5p	CTTAAATATGGGTTGGATT 21 G	gp4	5.75	2.71	1.79	1.74	0.00	0.00	2.71	1.47	low
177	194	PC-177-5p	CGAGTTGGAACCTCAAGAAT24 CACT	gp4	4.93	0.00	8.06	1.74	1.95	19.40	7.44	3.67	middle
178	195	PC-178-3p	TAGAATCTGAAAATTTTGCT 21 T	gp4	6.57	0.00	1.79	0.00	5.37	5.48	16.91	4.77	middle
179	196	PC-179-3p	ACAAAATATCGTTGATAGA24 CTTT	gp4	10.68	1.35	14.32	1.74	5.85	5.90	16.91	3.67	middle

180	197	PC-180-3p	CTGAGTGTAGTATTATGATA 24 ATAT	gp4	1.64	1.35	0.00	1.74	0.00	0.00	8.12	0.00	low
181	198	PC-181-5p	TGATAGATTGTGATAGACT 19	gp4	1.64	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.68	5.86	low
182	199	PC-182-5p	CACTGCGCTCCAAATTACCC 21 T	gp4	1.64	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	9.47	9.53	low
183	200	PC-183-5p	TTTAATGTGAATGAGATACA 20	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	3.67	low
184	201	PC-184-5p	AAGGATATAGCAACATTTA 25 ACAAAA	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	0.98	0.00	3.38	3.67	low
185	202	PC-185-3p	TAGATTGTGATATTTTGCTT 21 T	gp4	4.11	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	1.69	0.73	low
186	203	PC-186-3p	AGATGTCTAAGATCTTCTGA 24 CGCT	gp4	3.70	4.74	0.00	0.00	0.00	0.00	2.37	1.47	low
187	204	PC-187-5p	TTTTGAATCTGATTGTAAAA 23 TTT	gp4	7.39	0.00	1.79	8.68	0.00	0.00	4.06	2.93	low
188	205	PC-188-3p	TCGGAAGATGTCTATGATCT 20	gp4	3.29	2.71	0.00	0.00	1.95	0.00	5.41	0.73	low
189	206	PC-189-3p	CAAAAGTAGCAAATTTAAA 23 AGTT	gp4	13.97	0.00	4.48	1.74	0.00	9.28	6.09	5.86	middle
190	207	PC-190-5p	ATTGATTTGTTTGCTAGACG 20	gp4	2.46	0.00	0.00	3.47	0.00	10.12	0.68	0.00	middle
191	208	PC-191-3p	TTGAAAGTTTGAGAGTGTA 24 TTGC	gp4	1.64	0.00	0.90	6.94	0.00	0.00	0.00	2.20	low
192	209	PC-192-3p	AGTGATTTTGAATATGACAA 24 AAGT	gp4	4.11	1.35	0.00	0.00	0.00	0.00	4.06	0.73	low
193	210	PC-193-5p	CACTACTACAAAAACAGGC 19	gp4	1.64	0.00	2.69	1.74	0.00	0.00	6.09	1.47	low
194	211	PC-194-3p	CATGTGAGAAACGTCCCGA 21 AA	gp4	0.41	0.00	7.61	0.00	0.00	0.00	0.00	4.03	low
195	212	PC-195-3p	CAAGAAAAAGAAAACACAC 21 GT	gp4	2.46	4.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.68	2.20	low
196	213	PC-196-3p	ATAGAGACTAAAATTGAAC 24 AAACT	gp4	9.86	0.00	11.64	5.21	0.98	3.37	23.00	14.66	middle
197	214	PC-197-3p	CGGAAAGTGAACGCATTAA 23 ATTT	gp4	1.64	0.00	0.00	0.00	0.00	8.43	0.00	1.47	low
198	215	PC-198-3p	CATGTAGAAATCGAATGAG 21 TT	gp4	3.29	0.00	8.95	19.09	5.85	2.53	4.73	11.00	middle
199	216	PC-199-5p	ATCAAAATTGTGGATTCTAT 24 CAAT	gp4	0.00	0.00	5.37	0.00	0.00	8.43	6.09	2.93	low
200	217	PC-200-3p	CACTGATAGACAATAACATT 20	gp4	0.82	2.71	0.90	13.88	0.00	5.06	9.47	10.26	middle
201	218	PC-201-5p	TTTCTGTTTCCGTTTCTTT 20	gp4	1.64	0.00	2.69	0.00	0.00	7.59	0.00	0.73	low
202	219	PC-202-5p	TAAACTGACTTTACTTGACG 23 CCT	gp4	0.00	1.35	6.27	0.00	0.98	3.37	2.71	5.86	low
203	220	PC-203-3p	ATTTTGTTCTCAATTCGATC 21 C	gp4	0.00	0.00	1.79	5.21	0.00	8.43	2.71	3.67	low
204	221	PC-204-5p	GAGTTTGATTTC AATTTAGT 24 CTGT	gp4	0.00	1.35	1.79	0.00	0.00	0.00	4.73	0.00	low
205	222	PC-205-5p	ATTAATTAAGGACAAAGAA 24 GGTTC	gp4	0.82	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4.06	3.67	low
206	223	PC-206-3p	TTGCTATATGTTATAAATAT 23 GTC	gp4	12.32	0.00	2.69	1.74	0.98	0.00	0.68	1.47	middle
207	224	PC-207-5p	CAGAAAATGACGAGACTGA 24 GAACT	gp4	33.68	9.48	17.90	22.56	12.68	8.43	43.97	32.26	middle
208	225	PC-208-5p	AATAGATTGTTTAGATTT 18	gp4	4.93	0.00	0.90	8.68	0.00	6.75	1.35	2.93	low
209	226	PC-209-5p	GCAGCGGAATAATTTAAAG 23 AACT	gp4	0.00	0.00	2.69	6.94	0.00	0.00	4.06	0.73	low
210	227	PC-210-5p	CAAACAGGTAAGCCATAGA 23 AAGT	gp4	0.82	0.00	0.90	0.00	0.00	6.75	0.00	3.67	low
211	228	PC-211-3p	TATAAATAGATTGTGATTT 19	gp4	0.82	0.00	2.69	3.47	0.98	5.90	1.35	2.20	low
212	229	PC-212-5p	ATATAGGATTAGATTCAAAA 22 TA	gp4	0.82	0.00	0.00	0.00	0.00	3.37	1.35	2.93	low
213	230	PC-213-3p	AGATTGTGATATTTTGTTAT 23 GTT	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.98	8.43	2.71	0.00	low
214	231	PC-214-5p	TTTGTTTGGATTGAAGAAAT 21 T	gp4	0.00	4.06	0.00	0.00	0.00	0.00	2.71	3.67	low
215	232	PC-215-3p	TTATTGATAGATTCTAAAAG 23 TTT	gp4	6.57	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6.09	3.67	low
216	233	PC-216-5p	TTCGGGTTGGGTTGTGTTGA 22 AC	gp4	4.93	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	6.76	4.40	low
217	234	PC-217-3p	TCAATGATTATCATGGATAG 24 AATT	gp4	2.46	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4.73	3.67	low
218	235	PC-218-5p	GTACAAGATCTAAATGACAT 21 T	gp4	4.93	0.00	0.00	0.00	0.00	4.22	2.71	1.47	low
219	236	PC-219-5p	ATTTTTAAAATCGTTATTT 19	gp4	0.00	0.00	0.00	1.74	0.00	7.59	0.00	0.00	low
220	237	PC-220-5p	AATAATTAGGTATGTAGCAA 24 CATT	gp4	0.00	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00	5.75	2.57	low
221	238	PC-221-3p	TATACGTTTACTTGACACTG 20	gp4	0.00	0.00	6.27	6.94	0.00	2.11	1.35	3.67	low
222	239	PC-222-5p	CGGAATCATCGTCACCTTCA 24 CCCA	gp4	4.11	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00	low

223	240	PC-223-3p	CTCGTACGTTTCAAACCTTTC 23 ACT	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	0.00	6.09	0.00	low
224	241	PC-224-3p	TTTAAACATTTAGAAAAGTCA 24 ATCC	gp4	0.00	0.00	9.85	1.74	1.95	0.00	5.41	3.67	low
225	242	PC-225-3p	CTTGATGGACAAAGACTACT21 T	gp4	0.00	0.00	1.79	0.00	0.00	7.59	4.06	2.20	low
226	243	PC-226-3p	AAATAACTGTCATCGTAGAC24 CACT	gp4	5.75	0.00	0.00	8.68	2.93	14.34	7.44	13.56	middle
227	244	PC-227-5p	TAAAAGTTGATAAGTTAAG 23 GATT	gp4	0.00	0.00	0.00	5.21	2.93	0.00	2.71	0.00	low
228	245	PC-228-5p	AATATAAAGTTGGTCAAAG 19	gp4	0.00	1.35	1.79	1.74	0.00	0.00	2.03	3.67	low
229	246	PC-229-5p	AAATCTTATAGAATTGTAGA 20	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	7.59	0.00	0.73	low
230	247	PC-230-5p	CAATAATAGATACTGATAG 21 AC	gp4	1.64	0.00	3.58	0.00	0.00	8.43	8.12	5.86	low
231	248	PC-231-5p	CTTAAATTGAAAGTTGTCAC 21 T	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	4.73	2.20	low
232	249	PC-232-5p	TAGAGTGACTCAATTTAGAA25 CAAGA	gp4	0.82	1.35	2.69	5.21	0.00	0.00	0.00	0.00	low
233	250	PC-233-3p	TGATAGAATTTAGAATTTTG 22 CT	gp4	3.29	0.00	4.48	1.74	0.00	0.00	16.23	2.93	middle
234	251	PC-234-3p	CACTTTGGCTTGTAACCT 20	gp4	8.63	0.68	23.72	0.87	2.93	12.23	32.47	16.86	middle
235	252	PC-235-5p	AGAACTCGTTTGATAACTAT 21 T	gp4	0.00	1.35	6.27	0.00	1.95	0.00	9.47	2.93	low
236	253	PC-236-3p	TTTTGTTGTATTTGTAATAT21	gp4	0.00	0.00	4.48	0.00	0.00	0.00	4.40	0.00	low
237	254	PC-237-5p	CAAAAATAGAATATTTGAC 24 AAACT	gp4	3.29	2.71	5.37	1.74	0.00	7.59	11.50	4.40	middle
238	255	PC-238-5p	TAATTAAGGACATAGCAAT 19	gp4	2.46	1.35	4.48	5.21	5.85	0.00	3.38	2.93	low
239	256	PC-239-3p	TATGCGACTGTTATTTAAT 21 T	gp4	0.00	0.00	0.00	12.15	0.00	0.00	1.35	0.73	middle
240	257	PC-240-5p	TCACTACTAGAAAATGGG 23 CTTT	gp4	0.00	0.00	0.90	0.00	0.00	6.75	0.00	0.00	low
241	258	PC-241-5p	AATGTTTTAGAGTGATAGAA24 GACT	gp4	0.00	0.00	3.58	0.00	0.00	0.00	10.15	3.67	middle
242	259	PC-242-5p	AAGAGTTGAGATTGAGTTA 24 GGAGT	gp4	0.00	2.71	0.45	0.00	0.00	0.00	3.72	5.13	low
243	260	PC-243-5p	ATTAAGTATGTAGCAATATT 20	gp4	1.23	0.00	3.58	0.00	0.98	13.50	6.76	1.47	middle
244	261	PC-244-3p	GTTGATTTAAGATTGTTTA 24 GAGA	gp4	2.46	0.00	8.06	1.74	0.98	3.37	3.38	6.60	low
245	262	PC-245-3p	CTTTGGACTTAAAAAGTTA 19	gp4	3.29	0.00	0.00	10.41	0.00	0.00	2.71	0.00	middle
246	263	PC-246-5p	CAAAATGTAGCGTCAGGAG 24 ATCCT	gp4	0.82	0.00	1.34	0.00	0.98	0.00	10.82	1.10	middle
247	264	PC-247-5p	AACAATAATAATTAAGGAT 24 ATAGC	gp4	0.82	0.00	2.69	0.00	0.00	3.37	3.38	0.00	low
248	265	PC-248-5p	CATAGAAGCGGGTCATGG 23 AAAG	gp4	0.00	0.00	0.00	3.47	0.00	0.00	0.00	1.47	low
249	266	PC-249-5p	TAAAAACTGAGTCTGGGGC 21 CT	gp4	4.93	4.06	0.00	0.00	0.00	0.00	4.06	2.93	low
250	267	PC-250-5p	AGTAAACATTGTAGTAAAG 23 AATA	gp4	1.64	5.42	0.00	0.00	0.98	6.75	5.41	8.06	low
251	268	PC-251-5p	ATTTGTATTCGGTAGCATT 21 G	gp4	3.29	2.71	1.79	3.47	7.81	0.00	2.03	0.73	low
252	269	PC-252-3p	CCAATGGCATCATCAACAA 21 AG	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.35	3.67	low
253	270	PC-253-3p	CGCCTAGTAGTTAGATGTGA 23 ACT	gp4	0.00	0.00	5.37	0.00	2.93	0.00	8.79	2.93	low
254	271	PC-254-5p	CAATTTAAACTCTAAGCTAA 24 TAAT	gp4	0.00	1.35	1.79	0.00	0.00	0.00	2.71	5.86	low
255	272	PC-255-3p	CTGAAAATAACTGTGCGGAT24 ATTC	gp4	0.00	0.00	0.45	6.94	0.00	5.06	4.06	1.47	low
256	273	PC-256-5p	AATCAAGATGTAGTATCATT 24 ACCT	gp4	4.93	1.35	2.69	0.00	2.44	0.00	4.40	9.16	low
257	274	PC-257-3p	CGAATGAGCTGAAAATAA 21 TC	gp4	0.00	0.00	2.69	0.00	0.98	7.59	4.06	0.00	low
258	275	PC-258-5p	CGTTTATAAACTGTTAAGAA 22 TC	gp4	3.29	0.00	6.27	12.15	0.98	0.00	0.00	0.00	middle
259	276	PC-259-5p	AATAACTGTATCAATTTAAA 24 CTTT	gp4	0.00	0.00	2.69	0.00	0.00	0.00	4.06	1.47	low
260	277	PC-260-3p	TTAAGAATTGTAGTATGAAC 21 T	gp4	43.54	27.10	14.32	17.35	25.37	29.52	58.17	58.65	middle
261	278	PC-261-5p	CAAAATAATTAAGGATATA 21 GT	gp4	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	8.43	0.00	0.00	low
262	279	PC-262-5p	ATAGGGTGGATGCAAAACT 22 ATT	gp4	5.75	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00	1.35	0.00	low
263	280	PC-263-5p	AATAATTAAGAACAAAGCA 24 ACATT	gp4	0.82	0.00	4.48	0.00	0.00	0.00	0.68	1.47	low

Table 3 Suppl. Conserved microRNAs (miRNAs) with significantly different expressions in *Cucumis*. Log2 (fold change) - negative numbers indicate the miRNAs were down-regulated whereas positive numbers indicate the miRNAs were up-regulated; -inf or inf - the miRNAs were not detected in one of the libraries. e.g., csa-miR166a_cme in the CC library was significantly down-regulated (-2.92 fold) as compared to the MM library.

Comparison	Index	miRNA name	miRNA sequence	Up/down	Fold change	log ₂ (fold change)	<i>P</i> value (<i>t</i> -test)
CC_M VS HH_M	1	csa-miR482_mes	TCTTCCCTACTCCACCCATGCC	down	-inf	-inf	3.37E-03
	2	csa-miR166a_cme	GCGGACCAGGCTTCATTCCCC	down	0.13	-2.92	5.31E-03
	3	csa-miR390b-p3_lus	CGCTATCCATCCTGAGTTTCCT	up	6.07	2.60	7.32E-03
	4	csa-miR390d-3p_ptc	CGCTATCCATCCTGAGTTTCCT	up	6.07	2.60	7.32E-03
	5	csa-miR166a_cme	TCGGACCAGGCTTCATTCCCC	down	0.24	-2.08	1.21E-02
	6	csa-miR397-p3_cme	TCAGCGCTTCATTCAATCACG	up	10.91	3.45	1.98E-02
	7	csa-miR167d_cme	TGAAGCTGCCAGCATGATCTGATT	down	0.61	-0.72	4.99E-02
HH_M VS HHCC_M	1	csa-miR482_mes	TCTTCCCTACTCCACCCATGCC	up	inf	inf	3.37E-03
	2	csa-miR166a_cme	TTTGGACCAGGCTTCATTCCCC	up	2.91	1.54	7.31E-03
	3	csa-miR8175-p3_ath	GGGTTCGGTCCCCGGCAACGGC	down	0.11	-3.15	3.26E-02
	4	csa-miR8155_cpa	AACCTCGCTCTGATACCA	down	0.12	-3.02	4.13E-02
	5	csa-miR167c-p5_cme	TCAGATCATGCGGCAGTTTCA	down	0.44	-1.18	4.43E-02
	6	csa-miR4995_gma	GCAGTGGCTTGGTTAAGG	down	0.44	-1.18	4.43E-02
	7	csa-miR156a_mtr	ATGACAGAAGAGAGTGAGCAC	down	-inf	-inf	4.51E-02
	8	csa-miR166a-5p_gma	GAATGTTGTCTGGCTCGAGGACGT	down	-inf	-inf	4.62E-02
CC_M VS HHCC_M	9	csa-miR167d-p3_cme	TCAGGTCATTCTAGCAGTTC	up	3.08	1.62	4.71E-02
	1	csa-miR319b_vvi	TTGGACTGAAGGGAGCTCCTTTT	up	inf	inf	9.96E-03
	2	csa-miR397-p3_cme	TCAGCGCTTCATTCAATCACG	up	5.26	2.40	2.37E-02
	3	csa-miR171u-p5_gma	TGTTGGAACAGTTCAATC	down	-inf	-inf	3.62E-02
	4	csa-miR156a_mtr	ATGACAGAAGAGAGTGAGCAC	down	-inf	-inf	4.51E-02
HHCC_M VS HHCC_Y	5	csa-miR166a_cme	GCGGACCAGGCTTCATTCCCC	down	0.21	-2.23	4.59E-02
	1	csa-miR171d-p5_cme	AGATGTTGGTCCGGTTCAATA	down	0.03	-5.10	1.84E-03
	2	csa-miR6173_hbr	TAGCCGTAACAGTGGATACT	up	2.77	1.47	4.44E-03
	3	csa-miR4995_gma	GGCAGTGGCTTGGTTAAG	up	11.51	3.53	8.63E-03
	4	csa-miR171u-p5_gma	TGTTGGAACAGTTCAATC	up	11.81	3.56	1.13E-02
	5	csa-miR166i-p3_cme	TCTCGGACCAGGCTTCATTC	down	0.34	-1.56	1.71E-02
	6	csa-miR171e-p5_cme	TATTGGTCCGGTTCACCTAGA	down	0.06	-3.97	1.87E-02
	7	csa-miR5368-p5_gma	GAGCTAGAATTCTAACCT	up	1.97	0.97	2.24E-02
	8	csa-miR171b-p5_cme	GGATATTGGTGCAGTTCAATA	down	-inf	-inf	2.56E-02
	9	csa-miR157c-p3_ath	CTCTTTTGTGCTCTTATACTTCT	down	-inf	-inf	2.56E-02
	10	csa-miR156c-p3_smo	AGAAAGAAAGCACATTTG	down	-inf	-inf	2.56E-02
	11	csa-miR160_tae	TGCCTGGCTCCCTGGATGCCA	down	-inf	-inf	2.56E-02
	12	csa-miR156b_cme	TTGACAGAAGATAGAGAGCAC	up	13.81	3.79	2.82E-02
	13	csa-miR3522a_gso	TGAGACCAAATGAGCAGCTGA	down	-inf	-inf	3.24E-02
	14	csa-miR156g_ath	CGACAGAAGAGAGTGAGCAC	up	11.08	3.47	3.44E-02
	15	csa-miR396e_cme	TTCCACGGCTTCTTGAACCTG	down	0.24	-2.08	3.46E-02
	16	csa-miR162_cme	TCGATAAACCTCTGCATCCAG	down	0.54	-0.89	3.65E-02
	17	csa-miR8155_cpa	AACCTCGCTCTGATACCA	up	2.61	1.38	3.67E-02
	18	csa-miR530b_cme	TGCATTTGCACCTACACCTTC	down	0.11	-3.24	3.77E-02
	19	csa-miR5368-p3_gma	GACCTAGAATTCTAACCT	up	3.02	1.59	3.85E-02
	20	csa-miR159a-p5_cme	GAGCTCCTTGAAGTCCAATAG	down	0.28	-1.83	3.99E-02
	21	csa-miR156a_cme	TTGACAGAAGAGAGTGAGCAC	up	2.39	1.26	4.10E-02
	22	csa-miR166g-5p_mtr	GGAATGTTGGCTGGCTCGAGG	down	0.12	-3.06	4.35E-02
	23	csa-miR894_ppt	CGATTCACGTCGGGTTACCC	up	4.09	2.03	4.43E-02
	24	csa-miR3630-3p_vvi	GGAATCTCTCTGATGCAC	down	0.41	-1.29	4.83E-02
	25	csa-miR171e-3p_mtr	TGGTTGAGCCGCGCCAATATC	down	0.40	-1.32	4.94E-02
26	csa-miR4995_gma	GCAGTGGCTTGGTTAAGG	up	13.38	3.74	4.99E-02	

Table 4 Suppl. Novel microRNAs (miRNAs) with significantly different expressions in *Cucumis*. Log2 (fold change) - negative numbers indicate the miRNAs were down-regulated whereas positive numbers indicate the miRNAs were up-regulated; -inf or inf - the miRNAs were not detected in one of the libraries. *e.g.*, PC-20-3p in the *CC* library was significantly up-regulated (2.94 fold) as compared to the *MM* library.

Comparisons	Index	miRNA name	miRNA sequence	up/down	Fold change	log ₂ (fold change)	<i>P</i> value (<i>t</i> -test)
CC_M VS HH_M	1	PC-20-3p	AATGTAGTTGTATTCTTAATTATT	up	7.69	2.94	3.46E-03
	2	PC-132-5p	TAAAGAAAGAAGCTCAAGGAA	down	0.05	-4.26	6.09E-03
	3	PC-20-5p	AATAATCAAGTATGTAGCAACATT	down	-inf	-inf	1.89E-02
	4	PC-131-3p	ATTTAAGATTTGCAGTATGAACCTT	down	0.11	-3.23	2.59E-02
	5	PC-221-3p	TATACGTTTACTTGACACTG	up	inf	inf	3.25E-02
	6	PC-110-5p	CAATTAAGGATGTAGCAACATTT	down	0.35	-1.52	3.60E-02
	7	PC-71-5p	ATTGATTGGAAAAAGCGAAGTAGA	up	7.49	2.91	4.27E-02
	8	PC-211-3p	TATAAATAGATTGTGATTT	up	7.49	2.91	4.27E-02
HH_M VS HHCC_M	1	PC-110-5p	CAATTAAGGATGTAGCAACATTT	up	4.64	2.22	1.34E-02
	2	PC-132-5p	TAAAGAAAGAAGCTCAAGGAA	up	3.37	1.75	2.51E-02
	3	PC-64-5p	ATTTTATTGTGTACTTGTAGTG	up	inf	inf	3.01E-02
	4	PC-54-5p	TAATTAAGGACATAGCAACATTT	down	-inf	-inf	4.62E-02
CC_M VS HHCC_M	1	PC-176-5p	CTTAAAATATGGGTTGGATTG	up	inf	inf	9.96E-03
	2	PC-228-5p	AATATAAAGTTGGTCAAAG	up	inf	inf	9.96E-03
	3	PC-169-5p	TCGGGAATAGCCACACAACCTC	down	0.00	-8.11	1.38E-02
	4	PC-131-3p	ATTTAAGATTTGCAGTATGAACCTT	down	0.07	-3.75	1.83E-02
	5	PC-20-3p	AATGTAGTTGTATTCTTAATTATT	up	inf	inf	2.36E-02
	6	PC-19-3p	CGATCGGCGAAGACAGACTTGG	down	-inf	-inf	4.01E-02
HHCC_M VS HHCC_Y	1	PC-182-5p	CACTGCGCTCCAAATTACCCT	down	-inf	-inf	2.04E-03
	2	PC-171-5p	AAACATGAGGACCTAATAAACTT	down	-inf	-inf	3.66E-03
	3	PC-142-5p	CTGTGATGATTATTGATTTAG	down	0.27	-1.89	1.57E-02
	4	PC-29-5p	ATTCTGAATTTTATCAATGATAGT	down	-inf	-inf	1.69E-02
	5	PC-64-5p	ATTTTATTGTGTACTTGTAGTG	down	-inf	-inf	2.56E-02
	6	PC-84-5p	CAAAAATGACTTGCCTACTATGC	down	-inf	-inf	2.56E-02
	7	PC-99-5p	AAAATTTACAGATTCTCAATGAT	down	-inf	-inf	2.56E-02
	8	PC-133-5p	ACTCTAAACTTATATAAATGCATC	down	-inf	-inf	2.56E-02
	9	PC-92-5p	AATATTTACAAGCTATAACAAGAT	down	-inf	-inf	3.24E-02
	10	PC-205-5p	ATTAATTAAGGACAAAGAAGGTTC	down	-inf	-inf	3.24E-02
	11	PC-260-3p	TTAAGAATTGTAGTATGAACCT	down	0.47	-1.09	4.02E-02
	12	PC-48-3p	CTTTGACAGATTTTGCTATA	up	13.25	3.73	4.13E-02
	13	PC-86-5p	AATATTTACAGACTATAGCAAATT	down	-inf	-inf	4.53E-02