

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA

MICRORNAS EM ALFACE (*LACTUCA SATIVA*): NOVAS DESCOBERTAS
SOBRE A REGULAÇÃO GÊNICA PÓS-TRANSCRICIONAL

HIGO SANCHES BATISTA DAMIÃO

PATOS DE MINAS

2026

HIGO SANCHES BATISTA DAMIÃO

**MICRORNAS EM ALFACE (*LACTUCA SATIVA*): NOVAS *DESCOBERTAS*
SOBRE A REGULAÇÃO GÊNICA PÓS-TRANSCRICIONAL**

**Dissertação apresentada ao Programa
de Pós-Graduação em Biotecnologia do
Instituto de Biotecnologia da
Universidade Federal de Uberlândia,
como requisito parcial para a obtenção
do título de Mestre em Biotecnologia**

**Área de concentração: Biotecnologia
aplicada ao melhoramento genético e
produção animal e vegetal**

**Orientador: Prof. Dr. Luiz Antônio
Augusto Gomes**

**Co-orientador: Matheus de Souza
Gomes**

PATOS DE MINAS

2026

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

D158m Damião, Higo Sanches Batista, 1996-
2026 Micrornas em alface (*Lactuca sativa*) [recurso eletrônico] : novas descobertas sobre a regulação gênica pós-transcricional/ Higo Sanches Batista Damião. - 2026.

Orientador: Luiz Antônio Augusto Gomes.
Coorientador: Matheus de Souza Gomes.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia,
Programa de Pós-graduação em Biotecnologia.
Modo de acesso: Internet.
Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2026.5545>
Inclui bibliografia.
Inclui ilustrações.

1. Biotecnologia. I. Gomes, Luiz Antônio Augusto, 1955-, (Orient.).
II. Gomes, Matheus de Souza, 1981-, (Coorient.). III. Universidade
Federal de Uberlândia. Programa de Pós-graduação em Biotecnologia. IV.
Título.

CDU: 60

André Carlos Francisco
Bibliotecário-Documentalista - CRB-6/3408



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Biotecnologia				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico				
Data:	02/06/2026	Hora de início:	14:00	Hora de encerramento:	16:15
Matrícula do Discente:	42412BTC006				
Nome do Discente:	Higo Sanches Batista Damião				
Título do Trabalho:	MICRORNAS EM ALFACE (LACTUCA SATIVA): NOVOS OLHARES SOBRE A REGULAÇÃO GÊNICA PÓS -TRANSCRICIONAL				
Área de concentração:	Biociências				
Linha de pesquisa:	Biotecnologia aplicada ao melhoramento genético e produção animal e vegetal				

Reuniu-se, por vídeo - conferência do Microsoft Teams, a Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia, composta pelos seguintes Professores Doutores: Laurence Rodrigues do Amaral (FACOM/UFU), Walter Vieira da Cunha (UNIPAM) e Luiz Antonio Augusto Gomes (UNIPAM), presidente da banca.

Iniciando os trabalhos, o presidente da banca, Dr. Luiz Antonio Augusto Gomes, apresentou a Comissão Examinadora e o candidato, agradeceu a presença dos membros. Em seguida, concedeu a palavra ao discente para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação seguiu as normas do Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia.

A seguir o senhor(a) presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos(às) examinadores(as), que passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o(a) candidato(a):

Aprovado.

Esta defesa faz parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Mestre.

O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU.

Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **Laurence Rodrigues do Amaral, Professor(a) do Magistério Superior**, em 02/06/2026, às 16:10, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Luiz Antonio Augusto Gomes, Usuário Externo**, em 03/06/2026, às 11:05, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Walter Vieira da Cunha, Usuário Externo**, em 03/06/2026, às 13:38, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **7361048** e o código CRC **549D5B56**.

FOLHA DE APROVAÇÃO

HIGO SANCHES BATISTA DAMIÃO

MICRORNAS EM ALFACE (*LACTUCA SATIVA*): NOVAS DESCOBERTAS SOBRE A REGULAÇÃO GÊNICA PÓS-TRANSCRICIONAL

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia do Instituto de Biotecnologia da Universidade Federal de Uberlândia como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Biotecnologia

Área de concentração: Biotecnologia aplicada ao melhoramento genético e produção animal e vegetal

Banca Examinadora

Presidente da banca (orientador(a)): Prof. Dr. Luiz Antônio Augusto Gomes

Universidade Federal de Uberlândia

Membro: Prof. Dr. Laurence Rodrigues do Amaral

Universidade Federal de Uberlândia

Membro: Prof. Dr. Walter Vieira da Cunha

Centro Universitário de Patos de Minas

Data da defesa: 02 de junho de 2026

Auxílio Financeiro

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

O autor recebeu bolsa de mestrado concedida pela CAPES durante o desenvolvimento desta pesquisa.

RESUMO

Os microRNAs (miRNAs) são pequenos RNAs não codificantes que atuam na regulação pós-transcricional da expressão gênica em plantas, participando de processos relacionados ao desenvolvimento, metabolismo e respostas a estresses bióticos e abióticos. Apesar da relevância biológica desses reguladores, ainda existem poucas informações sobre os componentes da via de processamento de miRNAs em *Lactuca sativa* L., uma das hortaliças folhosas de maior importância econômica mundial. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo identificar e caracterizar proteínas envolvidas na biogênese de miRNAs, bem como prever e analisar famílias conservadas de miRNAs em *L. sativa* cv. Salinas e *L. sativa* var. angustana. As análises foram realizadas por meio de mineração genômica, alinhamentos múltiplos, predição de domínios conservados, análises termodinâmicas e inferências filogenéticas utilizando sequências ortólogas de espécies vegetais. Adicionalmente, foram identificadas 193 sequências (3p e 5p) de miRNAs maduros e 137 miRNAs precursores, distribuídos em 36 famílias distintas de miRNAs. Os precursores apresentaram estruturas secundárias estáveis e parâmetros termodinâmicos compatíveis com miRNAs verdadeiros. De modo geral, os resultados obtidos ampliam o conhecimento sobre a via de processamento de miRNAs em alface e fornecem bases importantes para estudos funcionais relacionados à regulação gênica, desenvolvimento vegetal e aplicações biotecnológicas voltadas ao melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: microRNAs. *Lactuca sativa*. silenciamento gênico. biogênese de miRNAs.

ABSTRACT

MicroRNAs (miRNAs) are small non-coding RNAs involved in the post-transcriptional regulation of gene expression in plants, participating in processes related to development, metabolism, and responses to biotic and abiotic stresses. Despite the biological relevance of these regulators, there is still limited information regarding the components of the miRNA processing pathway in *Lactuca sativa* L., one of the most economically important leafy vegetables worldwide. Therefore, this study aimed to identify and characterize proteins involved in miRNA biogenesis, as well as to predict and analyze conserved miRNA families in *L. sativa* cv. Salinas and *L. sativa* var. angustana. The analyses were performed through genome mining, multiple sequence alignments, conserved domain prediction, thermodynamic analyses, and phylogenetic inference using orthologous sequences from plant species. Additionally, 193 mature miRNA sequences (3p and 5p) and 137 precursor miRNAs were identified, distributed among 36 distinct miRNA families. The precursors exhibited stable secondary structures and thermodynamic parameters compatible with true miRNAs. Overall, the results obtained expand the current knowledge regarding the miRNA processing pathway in lettuce and provide an important basis for future functional studies related to gene regulation, plant development, and biotechnological applications aimed at crop improvement.

Keywords: microRNAs. *Lactuca sativa*. gene silencing. miRNA biogenesis.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Biogênese e mecanismo de ação do miRNA em plantas.	18
Figura 2. Domínios conservados das proteínas Argonauta (AGO) identificadas em <i>L. sativa</i> cv. Salinas e <i>L. sativa</i> vr. Stem. A predição foi realizada utilizando o banco de dados Pfam (https://www.ebi.ac.uk/interpro/).	24
Figura 3. Representação esquemática da arquitetura de domínios das demais proteínas do complexo de processamento de pequenos RNAs em <i>L. sativa</i> . A análise foi realizada utilizando a ferramenta InterProScan,	28
Figura 4. Domínio conservado do domínio catalítico Piwi identificado nas proteínas Argonauta (AGO) de <i>L. sativa</i> cv. Salinas e <i>L. sativa</i> cv. Stem. A análise foi conduzida no Conserved Domain Database (CDD) do NCBI.	30
Figura 5. Domínios catalíticos Ribonuclease IIIa e Ribonuclease IIIb identificados nas proteínas Dicer-like-1 (DCL1) de <i>L. sativa</i> cv. Salinas e <i>L. sativa</i> cv. Stem. A detecção foi realizada por meio do Conserved Domain Database (CDD) do NCBI.	31
Figura 6. Resíduos conservados das demais proteínas do metabolismo de miRNAs. A detecção foi realizada por meio do Conserved Domain Database (CDD) do NCBI.	33
Figura 7. Árvore filogenética de proteínas Argonauta (AGO) obtida pelo método Neighbor-Joining, e a divergência de sequência foi estimada usando o modelo Jones–Taylor–Thornton (SAITOU & NEI, 1987). A confiabilidade estatística dos ramos internos foi avaliada utilizando 2.000 réplicas bootstrap. Os agrupamentos filogenéticos correspondem às subfamílias AGO4, AGO6, AGO1, AGO10, AGO7 e AGO2.	35
Figura 8. Árvore filogenética de proteínas Dicer-like (DCL) construída pelo método Neighbor-Joining, e a divergência de sequência foi estimada usando o modelo Jones–Taylor–Thornton (SAITOU & NEI, 1987). A confiabilidade estatística dos ramos internos foi avaliada utilizando 2.000 réplicas bootstrap. As sequências compreendem membros das subfamílias DCL2, DCL1, DCL4 e DCL3 de <i>L. sativa</i> e seus ortólogos de outras espécies.	37
Figura 9. Árvore filogenética das demais proteínas do metabolismo de miRNAs.	40
Figura 10. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR156. Os miRNAs de <i>L. sativa</i> estão em negrito.	44
Figura 11. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR159. Os miRNAs de <i>L. sativa</i> estão em negrito.	45

Figura 12. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR164. Os miRNAs de <i>L. sativa</i> estão em negrito.	45
Figura 13. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR167. Os miRNAs de <i>L. sativa</i> estão em negrito.	46
Figura 14. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR171. Os miRNAs de <i>L. sativa</i> estão em negrito.	47
Figura 15. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR172. Os miRNAs de <i>L. sativa</i> estão em negrito.	48
Figura 16. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR398 Os miRNAs de <i>L. sativa</i> estão em negrito.	49
Figura 17. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR399. Os miRNAs de <i>L. sativa</i> estão em negrito.	50
Figura 18. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR408. Os miRNAs de <i>L. sativa</i> estão em negrito.	51
Figura 19. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR477. Os miRNAs de <i>L. sativa</i> estão em negrito.	52
Figura 20. Árvore filogenética das famílias de miRNAs lsa-MIR156, lsa-MIR159, lsa-MIR399, lsa-MIR164 e lsa-MIR167 identificadas em <i>L. sativa</i>	55
Figura 21. Árvore filogenética das famílias de miRNAs lsa-MIR398, lsa-MIR408, lsa-MIR477, lsa-MIR171 e lsa-MIR172 identificadas em <i>L. sativa</i>	57

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AGO – Argonauta

AMFE – Energia Livre Mínima Ajustada (Adjusted Minimum Free Energy)

ath – *Arabidopsis thaliana*

ATP – Trifosfato de Adenosina (Adenosine Triphosphate)

BED – Browser Extensible Data

BLAST – Basic Local Alignment Search Tool

CDD – Conserved Domain Database

cv. – Cultivar

CYP40 – Ciclofilina 40

DCL – Dicer-like

DDL – Dawdle

dsRBD – Domínio de Ligação a RNA de Fita Dupla (Double-stranded RNA-binding Domain)

dsRNA – RNA de Fita Dupla (Double-stranded RNA)

FHA – Forkhead-associated

GFF – General Feature Format

HASTY – Exportin-5 ortholog

HEN1 – HUA ENHANCER 1

HSP90 – Heat Shock Protein 90

HYL1 – HYPONASTIC LEAVES 1

Lsa – *Lactuca sativa*

MFE – Energia Livre Mínima (Minimum Free Energy)

MFEI – Índice de Energia Livre Mínima (Minimal Free Energy Index)

miRNA – MicroRNA

NCBI – National Center for Biotechnology Information

PAZ – Domínio Piwi, Argonau e Zwiller

Pfam – Protein Families Database

pré-miRNA – MicroRNA Precursor

pri-miRNA – MicroRNA Primário

RICE2 – RISC-Interacting Clearing 3'-5' Exoribonuclease 2

RISC – Complexo de Silenciamento Induzido por RNA (RNA-induced Silencing Complex)

RNA – Ácido Ribonucleico (Ribonucleic Acid)

RNAi – Interferência por RNA

SE – SERRATE

var. – Variedade

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	10
2. REFERENCIAL TEÓRICO	11
2.1 Características da espécie (<i>L. sativa</i>)	11
2.2 <i>L. sativa</i> var. <i>angustana</i>	13
2.3 <i>L. sativa</i> cv. <i>Salinas</i>	14
2.4 MicroRNA	14
3. MÉTODOS	18
3.1 Predição de genes e caracterização de proteínas	18
3.1.1 Análise filogenética, alinhamentos múltiplos e análise de sítios ativos das proteínas da via dos miRNAs	19
3.2 Predição e caracterização de miRNAs precursores e maduros	19
3.2.1 Alinhamento e análise filogenética de miRNAs	20
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
4.1 A via de processamento de RNAs em <i>L. sativa</i> cv. <i>Salinas</i> (SALINAS <i>L. sativa</i>) e <i>L. sativa</i> var. <i>angustana</i> (STEM <i>L. sativa</i>)	20
4.1.1 Análise de Domínios Catalíticos nas Proteínas da via de <i>L. sativa</i>	22
4.1.2 Análise domínios conservados em proteínas da via	29
4.1.2.1 Resíduos conservados domínio Piwi nas proteínas AGO	29
4.1.2.2 Resíduos conservados domínio Ribonuclease III nas proteínas DCL	30
4.1.2.3 Resíduos conservados proteínas HYL1, DDL, SERRATE, HEN1, HASTY, CYP40, HSP90 e RICE2	31
4.1.3 Análise Filogenética das Proteínas da via de miRNA de <i>L. sativa</i>	34
4.1.3.1 Proteínas Argonauta (AGO)	34

4.1.3.2 Proteínas Dicer-like (DCL)	36
4.1.3.3 Proteínas HYL1, DDL, SERRATE, HEN1, HASTY, CYP40, HSP90 e RICE2	38
4.2 miRNAs maduros e seus precursores em <i>L. sativa</i> cv <i>Salinas</i>	41
4.2.1 Caracterização de miRNAs em <i>L. sativa</i> cv <i>Salinas</i>	42
4.2.2 Análise Filogenética de miRNAs em <i>L. sativa</i> cv <i>Salinas</i>	53
5. CONCLUSÃO	58
REFERÊNCIAS	59

1. INTRODUÇÃO

A alface (*Lactuca sativa* L.) é uma importante cultura alimentar pertencente à família Asteraceae, cultivada em todo o mundo e amplamente utilizada em hortas domésticas (ROLNIK & OLAS, 2021; QAMBRANI et al., 2025). É consumida principalmente em saladas, sanduíches e outros pratos devido ao seu sabor suave e alto teor de fibras (ROLNIK & OLAS, 2021; QAMBRANI et al., 2025). Nos últimos anos, os avanços em ferramentas genômicas e a disponibilização do genoma de *L. sativa* permitiram ampliar a compreensão dos mecanismos moleculares relacionados ao desenvolvimento e adaptação da espécie (REYES-CHIN-WO et al., 2017). Além disso, estudos transcriptômicos têm contribuído para o entendimento da evolução genômica e da regulação gênica em variedades de alface (ZHANG et al., 2017). Entretanto, os estudos envolvendo a via de processamento de miRNAs e a caracterização de miRNAs conservados em alface ainda permanecem limitados quando comparados a outras espécies vegetais modelo, evidenciando a necessidade de ampliar o conhecimento sobre os componentes envolvidos no silenciamento gênico mediado por pequenos RNAs.

Os microRNAs (miRNAs) constituem uma classe de pequenos RNAs não codificantes, geralmente compostos por 20 a 24 nucleotídeos, que desempenham papel fundamental na regulação pós-transcricional da expressão gênica em plantas e animais (BARTEL, 2004). Em plantas, esses pequenos RNAs atuam principalmente por meio da clivagem ou repressão translacional de RNAs mensageiros-alvo, participando de diversos processos biológicos relacionados ao desenvolvimento, diferenciação celular, metabolismo, floração, homeostase nutricional e respostas a estresses bióticos e abióticos (JONES-RHOADES et al., 2006; VOINNET, 2009).

A biogênese dos miRNAs em plantas envolve uma via molecular altamente conservada composta por diferentes proteínas responsáveis pelo processamento, estabilização, transporte e incorporação dos pequenos RNAs ao complexo de silenciamento induzido por RNA (RISC). Inicialmente, os genes MIR são transcritos pela RNA polimerase II, originando transcritos primários denominados pri-miRNAs, que posteriormente são processados em estruturas precursoras do tipo hairpin conhecidas como pré-miRNAs (XIE et al., 2005). Esse processamento é realizado principalmente pelas proteínas DICER-LIKE (DCL), especialmente DCL1, em associação com proteínas acessórias como HYPONASTIC LEAVES1 (HYL1) e SERRATE (SE) (KURIHARA & WATANABE, 2004; YANG et al., 2006).

Após o processamento, os duplex de miRNAs são metilados pela proteína HEN1, garantindo estabilidade molecular e proteção contra degradação (YU et al., 2005). Em seguida,

os miRNAs maduros são exportados para o citoplasma pela proteína HASTY e incorporados às proteínas ARGONAUTA (AGO), componentes centrais do complexo RISC responsáveis pelo reconhecimento e silenciamento dos RNAs-alvo (MALLORY & VAUCHERET, 2010). Outras proteínas, como DAWDLE (DDL), CYP40, HSP90 e RICE2, também participam da regulação da estabilidade e funcionalidade da via de processamento de miRNAs (IKI et al., 2012; IKI et al., 2010; XIE et al., 2015; IKI et al., 2011; ZHANG et al., 2017; REN & YU, 2012; YU et al., 2008).

Além de sua importância biológica, os miRNAs também apresentam grande potencial biotecnológico, podendo ser utilizados em estratégias de melhoramento genético vegetal visando características agronômicas de interesse, como resistência a patógenos, tolerância a estresses ambientais e aumento da produtividade (SUNKAR et al., 2007). Dessa forma, a identificação e caracterização de miRNAs e de proteínas associadas à via de silenciamento gênico em *L. sativa* representam etapas importantes para futuras aplicações em biotecnologia e engenharia genética.

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo identificar e caracterizar proteínas envolvidas na via de processamento de miRNAs em *L. sativa* cv. Salinas e *L. sativa* var. angustana, bem como predizer, caracterizar e analisar filogeneticamente famílias conservadas de miRNAs presentes na espécie.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Características da espécie (*L. sativa*)

A família Compositae, também conhecida como Asteraceae, é considerada a mais bem-sucedida entre as plantas com flores em termos de número de espécies e amplitude de habitats ocupados (REYES-CHIN-WO et al., 2017; FUNK et al, 2003). Estima-se que sua origem tenha ocorrido entre 45 e 49 milhões de anos atrás, no período Eoceno, com uma notável diversificação durante o Oligoceno, entre 28 e 36 milhões de anos (REYES-CHIN-WO et al., 2017; KIM, 2005; BARREDA, 2010). Atualmente, a família compreende cerca de 1.620 gêneros e pelo menos 23.600 espécies, representando aproximadamente 10% das angiospermas conhecidas (REYES-CHIN-WO et al., 2017; FUNK et al, 2003). Sua principal característica morfológica são as inflorescências compostas, formadas por múltiplas flores verdadeiras agrupadas. Com distribuição cosmopolita, as Asteraceae possuem grande capacidade de adaptação, sendo encontrada em uma ampla variedade de ambientes, que vão desde áreas degradadas até ecossistemas extremos, como desertos, tundras e regiões Salinas (REYES-

CHIN-WO et al., 2017; FUNK et al, 2003; JUDD, 1999). Embora não incluam nenhuma das seis principais culturas alimentares globais, essa família possui importância econômica e ecológica significativa, englobando espécies com uso comestível, medicinal, ornamental, além de plantas invasoras e daninhas (KESSELI & MICHELMORE, 1997; DEMPEWOLF et al., 2008; REYES-CHIN-WO et al., 2017). Aproximadamente 200 espécies foram domesticadas para diversas finalidades, somando mais de 27 milhões de hectares cultivados no mundo. Entre as culturas mais relevantes da família destacam-se a alface (*L. sativa*), que é a folhosa de maior importância mundial, o girassol (*Helianthus annuus*), além de espécies medicinais como *Artemisia* e *Echinacea*, e numerosas plantas ornamentais (REYES-CHIN-WO et al., 2017; FUNK et al, 2003; KIM, 2005; BARREDA, 2010; JUDD, 1999).

A alface (*L. sativa*) é uma planta anual que se originou em climas temperados e pertence à família Asteraceae. É uma das hortaliças mais populares e amplamente consumidas tanto no Brasil quanto no mundo. Acredita-se que a alface tenha origem no Egito, com evidências de sua existência datando de 4.500 a.C. (LINDQVIST, 1960). Sua disseminação pela Europa ocorreu juntamente com a expansão do Império Romano, sendo introduzida no Brasil pelos portugueses no século XVI. A maioria das cultivares de alface prospera em climas moderados, especialmente durante a fase de crescimento vegetativo. No entanto, temperaturas mais altas podem acelerar o ciclo de cultivo, fazendo com que algumas cultivares, dependendo do genótipo, sejam colhidas precocemente, com menor tamanho, devido ao pendoamento precoce (HENZ; SUINAGA, 2009).

Composta majoritariamente por água (cerca de 95%) e apresentando baixo teor calórico, a alface teve seu valor nutricional frequentemente subestimado. No entanto, essa hortaliça oferece vários benefícios à saúde (KIM et al., 2016). Apresenta baixo teor de sódio (Na), é pobre em calorias e gordura, porém é rica em fibras, folato, vitamina C, possui quantidades relevantes de ferro (Fe), compostos bioativos com potenciais efeitos anti-inflamatórios, redutores de colesterol e antidiabéticos (KIM et al., 2016). Além disso, seu perfil nutricional pode ser otimizado por meio de práticas agrícolas aprimoradas, como o uso de luzes LED, sistemas hidropônicos avançados e estratégias adequadas de fertilização. Esses compostos variam entre os tipos de alface. Normalmente as alfases de folhas lisas, crespas ou a romana, são mais nutritivas que a alface denominada americana, de folha mais crocante, a qual é a mais popular nos EUA. Alfases de coloração roxa ou avermelhadas possuem mais antocianina e compostos fenólicos que as verdes, com maior efeito antioxidante. Já as cultivares com folhas de coloração verde mais intensa normalmente apresentam maior teor de carotenoides, especialmente o betacaroteno (DE OLIVEIRA, et al, 2020; CASSETARI, et al. 2015), que é o precursor da

vitamina A (KIM et al.,2016). A alface bebê verde, alface comercializada com as folhas tenras, ainda novas, é considerada especialmente rica em vitamina C (KIM et al.,2016).

Todo o ciclo de produção da alface, independentemente da cultivar utilizada, é influenciado pelo clima. Este impacto se reflete na duração dos ciclos de desenvolvimento da cultura, na variação da incidência de problemas fitossanitários, na qualidade do produto (como peso e tamanho da cabeça) e na produção de sementes, favorecendo um maior sucesso na fertilização. O início da fase reprodutiva começa com a produção e acúmulo de látex, que confere um sabor amargo às folhas, e com a indução da haste floral. A inflorescência é do tipo panícula e as flores são organizadas em capítulos. O sistema reprodutivo predominante é a autogamia. A antese ocorre no início da manhã, estimulada pela alta luminosidade e pelo aumento da temperatura. Os frutos ou sementes são do tipo aquênio, com cada capítulo geralmente produzindo de 10 a 25 sementes (QUEIROZ, 2017).

De acordo com a FAO (Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura), em 2019, a produção mundial de alface, juntamente com a de chicória, superou 29 milhões de toneladas, posicionando-se como a terceira hortaliça folhosa mais produzida no mundo. Nos Estados Unidos, esse cultivo ultrapassou 3,6 milhões de toneladas no mesmo ano, com valor de mercado superior a 1,5 bilhão de dólares. A ampla aceitação global da alface deve-se à variedade de cultivares disponíveis, ao sabor suave e ao seu alto valor nutricional, destacando-se como fonte de vitaminas, folatos e minerais (DENG et al., 2021).

Em 2012, a produção de hortaliças no Brasil, incluindo batata e batata-doce, alcançava cerca de 25 milhões de toneladas, das quais 575.529 toneladas são de alface, gerando um movimento de R\$ 12.648,5 milhões no mercado (ABCSEM, 2012; ANUÁRIO BRASILEIRO DE HORTI & FRUTI, 2019). A produção de sementes de alface é significativa no mercado de sementes, já que a propagação desta hortaliça ocorre através de sementes. Em 2009, a área total dedicada à produção de sementes de alface foi de 42.598,30 hectares, resultando em 19.774,40 kg de sementes (ABCSEM, 2009). Em 2012, o valor das sementes comercializadas atingiu R\$ 475 milhões, com a alface representando R\$ 34,7 milhões, aproximadamente 7,3% desse total (ABCSEM, 2014).

2.2 *L. sativa* var. *angustana*

A alface de caule, também conhecida como alface aspargo (*L. sativa* var. *angustana*), é uma variedade valorizada tanto pelo uso culinário quanto medicinal, especialmente na China, onde é chamada de alface chinesa, celtuce ou “wosun”. Nessa variedade, tanto os caules quanto as

folhas são comestíveis, sendo os caules particularmente ricos em nutrientes como potássio (K), sódio (Na) e cálcio (Ca^{2+}). Além de seu destaque na culinária chinesa, cultivares tradicionais dessa planta já foram populares como hortaliça na região de Cracóvia e arredores. A China é atualmente o maior produtor mundial de alface, respondendo por cerca de metade da produção e da área cultivada global, com foco predominante na produção de alface (MICHALSKA, 2017; LIN et al, 2018).

Diferentemente das cultivares de alface folhosa, a alface de caule é cultivada principalmente pelo seu caule espesso e ereto, que pode atingir entre 4 e 10 cm de diâmetro e até 50–60 cm de comprimento. Antes do consumo, as folhas são removidas e a casca externa é descartada, restando o miolo verde translúcido e macio, que pode ser preparado grelhado ou cozido. Segundo registros da medicina tradicional chinesa, essa variedade também tem sido utilizada com finalidades terapêuticas, como diurético, para eliminação do "calor interno" e para desintoxicação (NIE et al, 2017).

2.3 *L. sativa* cv. Salinas

A alface é uma hortaliça de grande relevância econômica, figurando entre as dez culturas agrícolas mais valiosas dos Estados Unidos, com valor anual superior a US\$ 2,4 bilhões (REYES et al., 2017). Essa espécie possui genoma diplóide ($2n = 2x = 18$) e um tamanho genômico estimado em aproximadamente 2,5 gigabases (REYES et al., 2017). A cultivar Salinas, pertencente ao tipo conhecido no Brasil como alface americana, ou na maioria dos outros países, inclusive os USA, como do tipo Crisphead, caracteriza-se pela formação de uma cabeça compacta e esférica (SIMKO et al., 2013; FERTET et al., 2021). Recentemente, a sequência genômica completa da cultivar Salinas foi disponibilizada, fornecendo uma base importante para estudos genéticos e genômicos (MARIYAM et al., 2023; REYES et al., 2017).

2.4 MicroRNAs

Embora o papel das proteínas na regulação da expressão gênica seja bem estabelecido, tem-se reconhecido que os RNAs também atuam como importantes reguladores genéticos. Dentre eles, destacam-se os pequenos RNAs, como os microRNAs (miRNAs) e os RNAs interferentes pequenos (siRNAs), que compõem um mecanismo conservado de regulação gênica mediado por RNA nos organismos eucariotos (CARTHEW, 2006). Um princípio central recorrente nesses sistemas é a utilização de pequenos RNAs como guias que direcionam proteínas efetoras a alvos específicos por meio da complementaridade de sequência em sentido antissenso. Em

sua forma mais fundamental, os sistemas de interferência por RNA (RNAi) são compostos por dois elementos principais: um ácido nucleico, responsável pelo reconhecimento específico do alvo, e uma proteína efetora que executa respostas celulares diversas em consequência dessa interação (DEXHEIMER, 2020).

Os microRNAs (miRNAs) são pequenas moléculas de RNA não codificante, com cerca de 22 nucleotídeos de comprimento, que atuam negativamente na regulação da expressão gênica em nível pós-transcricional. Esses miRNAs são codificados no genoma e, em sua maioria, transcritos pela RNA polimerase II. Nas plantas, a maturação dos microRNAs (miRNAs) ocorre por meio de um processo em duas etapas, conduzido pela enzima DICER-LIKE 1 (DCL1), funcionalmente análoga à Dicer e a Drosha animal. Inicialmente, o transcrito primário do miRNA (pri-miRNA) é processado por DCL1, originando um precursor com estrutura de alça e haste (pré-miRNA), no qual a sequência madura do miRNA se localiza em um dos braços da estrutura em grampo (YU et al., 2005). Em seguida, o mesmo complexo DCL1 realiza uma segunda clivagem, gerando um duplex miRNA:miRNA*, que é então estabilizado por metilação na extremidade 3' pela enzima HEN1 (YU et al., 2005). Após essa etapa, a fita guia do miRNA maduro é incorporada ao complexo RISC (Complexo de Silenciamento Induzido por RNA), que direciona a interação com o RNA mensageiro alvo. Diferentemente do observado em animais, os miRNAs vegetais apresentam alta complementaridade com seus alvos, geralmente quase perfeita, o que facilita tanto sua identificação quanto a eficácia no silenciamento gênico (BARTEL, 2004; HAN et al., 2010). Apesar do avanço no reconhecimento de sua relevância na fisiologia celular, ainda são escassas as informações sobre os mecanismos que controlam sua própria expressão (CHUANG et al., 2007).

Na biogênese de miRNAs, a enzima Drosha é responsável por processar os pri-miRNAs em pré-miRNAs, os quais são posteriormente convertidos em miRNAs maduros pela enzima Dicer. Em plantas, essa função é desempenhada pelas proteínas da família DICER-LIKE (DCLs), que acumulam os papéis tanto de Drosha quanto de Dicer. Estudos filogenéticos demonstram que os DCLs de plantas e animais compartilham uma origem comum, embora tenham seguido caminhos evolutivos distintos, com indícios de que a pressão seletiva exercida por vírus tenha impulsionado a diversificação dos DCLs em plantas (CUI et al., 2017; HA et al., 2014). As proteínas HYL1, SERRATE e DAWDLE podem aumentar a precisão e a eficiência do processamento do pri-miRNA (DONG et al., 2008; XIE et al., 2015; MASHIDA & YUAN, 2013). Análises de estrutura cristalina revelam que HYL1 provavelmente se liga à região duplex miRNA/miRNA* como um dímero para permitir o processamento preciso do pri-miRNA (YANG et al., 2010; XIE et al., 2015). O domínio de dedo de zinco de SE interage com DCL1

e é necessário para a atividade ideal de DCL1 (IWATA et al., 2013). A proteína SERRATE (SE) é um componente essencial para o processamento de miRNA, auxiliando a DCL1 na clivagem precisa (MASHIDA et al., 2011). A proteína SE funciona como uma proteína de suporte capaz de se ligar tanto a proteínas quanto a RNA para guiar o posicionamento do precursor de miRNA em direção ao sítio catalítico de DCL1 dentro da maquinaria de processamento de miRNA em plantas (MASHIDA et al., 2011). DCL1 participa do complexo DCL1 por meio do reconhecimento de resíduos carregados negativamente pela fenda de ligação à fosfotreonina do domínio FHA (MASHIDA & YUAN, 2013).

A metilação dos nucleotídeos da extremidade 3' de miRNAs/miRNAs* por HEN1 faz parte da biogênese de miRNAs em plantas, mas não ocorre em animais, que envolve a ligação da metiltransferase HEN1 ao complexo DCL1-HYL1-miRNA, excluindo a proteína SERRATE (BARANAUSKĖ et al., 2015). A maioria dos miRNAs sai do núcleo e entra no citoplasma com o auxílio da proteína hasty (HST), um homólogo da exportina 5 (PARK et al., 2005; XIE et al., 2015).

As proteínas da família ARGONAUTE (AGO), por sua vez, associam-se aos pequenos RNAs e executam sua função regulatória. Em plantas, essa família pode ser agrupada em três grandes linhagens: AGO1/5/10, AGO2/3/7 e AGO4/6/8/9, além de uma linhagem específica de algas (CUI et al., 2017; SINGH et al., 2015). O fato de miRNAs como miR165/166, miR168 e miR390 terem se originado antes das AGOs às quais hoje estão funcionalmente associados, indica que os miRNAs desempenharam funções regulatórias essenciais desde os estágios iniciais da evolução vegetal, e que a diversificação das AGOs possibilitou a especialização e expansão das redes regulatórias desses pequenos RNAs (CUI et al., 2017; SINGH et al., 2015).

O silenciamento gênico pós-transcricional é mediado por complexos de silenciamento induzido por RNA (RISCs) que contêm proteínas AGO e pequenos RNAs de fita simples (IKI et al., 2012; CZECH & HANNON, 2010). A montagem de RISCs contendo AGO1 em plantas depende da chaperona molecular HSP90, da proteína ciclofilina 40 (CYP40) e da proteína RICE1 e RICE2 (IKI et al., 2012; ZHANG et al., 2017). A Hsp90 opera como um dímero em um ciclo conformacional impulsionado pela ligação e hidrólise de ATP na extremidade N-terminal (PEARL et al., 2008). Para a CYP40 interagir com HSP90 e AGO1, essa interação é dependente da HSP90, que permite a associação da CYP40 à AGO1, formando um complexo transitório com HSP90 e AGO1, no qual facilita a ligação de pequenos RNAs duplex à AGO1, promovendo a formação de RISCs maduros. Após a hidrólise de ATP pela HSP90, o complexo HSP90-CYP40 e o miRNA* são removidos do complexo AGO1-miRNA, o que pode ser devido à alteração conformacional de AGO1 causada pela atividade chaperona da HSP90 (IKI

et al., 2012; IKI et al., 2010; XIE et al., 2015). Além disso, a interrupção dessa compromete a montagem do RISC, mostrando que essa interação é essencial e regulada (IKI et al., 2011). RICE1 possui um paralogo próximo RICE2, Zhang e colaboradores (2017) em estudo concluíram que as RICEs atuam degradando os produtos 5' uridilados da clivagem da AGO para manter o RISC funcional.

Estudos demonstram que a abundância de miRNAs muda significativamente sob condições de estresse ambiental, sugerindo sua atuação na resposta adaptativa das plantas. Por exemplo, em *Arabidopsis thaliana*, diferentes miRNAs foram diferencialmente expressos em resposta ao calor, à seca e ao estresse salino, conforme evidenciado por análises de RNA-seq (PEGLER et al., 2019). Em *Tripogon loliiformis*, uma planta capaz de tolerar dessecação extrema, miRNAs conservados se acumularam de maneira distinta em raízes e brotos durante a desidratação, refletindo alterações metabólicas profundas (NJACI et al., 2018). Já em tomateiro, foi observado que o miR159 teve sua expressão reduzida durante a seca, apontando um papel funcional direto na resposta ao estresse hídrico (LÓPEZ et al., 2019). Os miRNAs também são sensíveis às variações na disponibilidade de nutrientes essenciais. Esses trabalhos revelam o potencial dos miRNAs como alvos para o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes ao estresse, embora muitos de seus papéis ainda necessitem de validação funcional (MILLAR, 2020; MILLAR et al., 2019).

Devido à sua importância na regulação do desenvolvimento e na resposta a estresses, miRNAs vêm sendo explorados como ferramentas para modificação de características agronômicas. Em culturas como o milho, eles influenciam desde a arquitetura da planta até a fertilidade e a resistência a estresses abióticos. A aplicação de conhecimento gerado em espécies modelo poderá beneficiar o melhoramento de culturas menos estudadas, como a alface, especialmente por meio da engenharia de miRNAs ou da seleção assistida por marcadores (MILLAR, 2020; CAPELARI et al., 2019).

Figura 1. Biogênese e mecanismo de ação do miRNA em plantas.
Função dos miRNAs na Regulação Gênica Pós transcricional e Perspectivas para o Melhoramento de Plantas

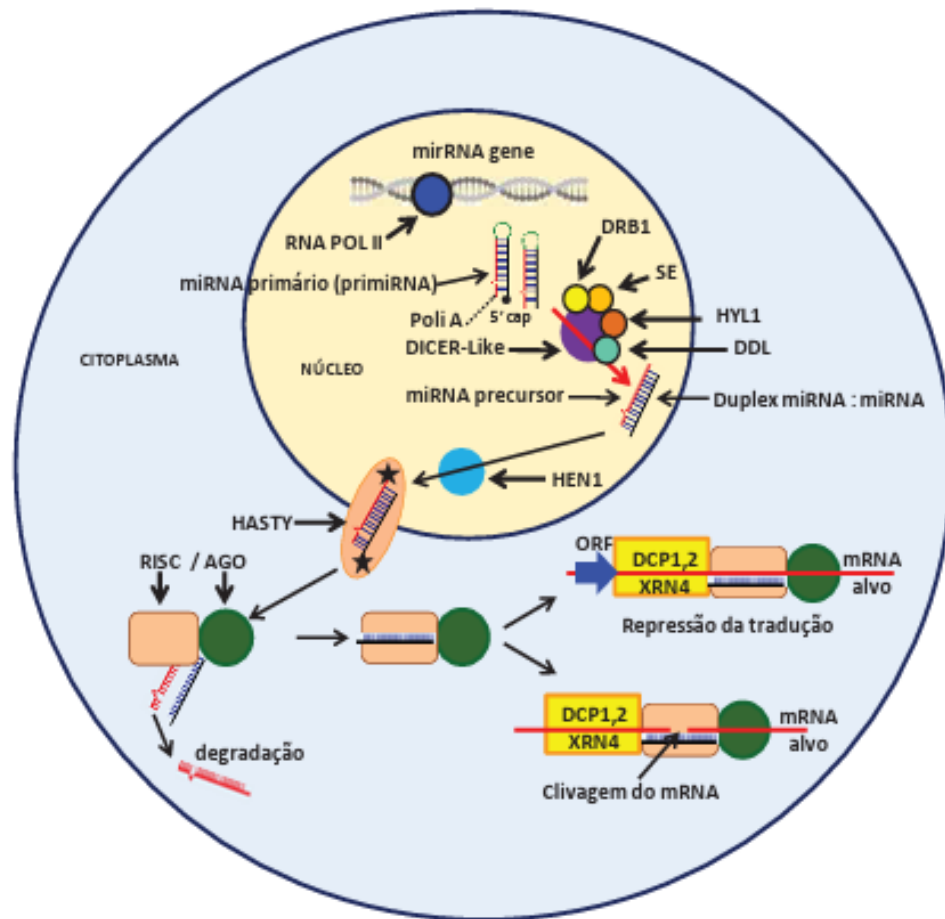


Ilustração: José Edson Fontes Figueiredo.

Fonte: Jose Edson Fontes Figueiredo (2020, p. 13)

3. Métodos

3.1 Predição de genes e caracterização de proteínas

Os genomas e proteomas preditos de *L. sativa* cv. Salinas (SALINAS *L. sativa*) e *L. sativa* var. angustana (STEM *L. sativa*) foram obtidos do banco de dados Lettuce GDB (<https://lettucegdb.com/genome>). As prováveis proteínas envolvidas na via de processamento de miRNAs foram identificadas e selecionadas por meio da mineração de sequências de alface utilizando a ferramenta BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Para obter um conjunto completo de proteínas ortólogas a serem comparadas com as proteínas da alface, proteínas de

referência da espécie *A. thaliana* foram pesquisadas no NCBI utilizando o BLASTp e o banco de dados de proteínas não redundantes.

3.1.1 Análise filogenética, alinhamentos múltiplos e análise de sítios ativos das proteínas da via dos miRNAs

As análises de famílias de proteínas, domínios e sítios ativos foram realizadas usando a ferramenta online PFAM (versão 31.0) (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>) e o banco de dados de domínios conservados CDD (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/cdd>). As sequências proteicas da alface e da espécie *A. thaliana* foram utilizadas para alinhamentos múltiplos de sequências utilizando o ClustalX (v. 2.1) com configurações padrão (<http://www.clustal.org/clustal2>) (LARKIN et al., 2007).

As árvores filogenéticas foram inferidas pelo método Neighbor-Joining, e a divergência de sequência foi estimada usando o modelo Jones–Taylor–Thornton (SAITOU & NEI, 1987). A confiabilidade estatística dos ramos internos foi avaliada utilizando 2.000 réplicas bootstrap. As análises moleculares filogenéticas foram conduzidas utilizando o software MEGA 12 (KUMAR et al., 2024). Logotipos de sequência foram gerados usando o WebLogo 3 (<https://weblogo.threeplusone.com/create.cgi>) (CROOKS et al., 2004).

3.2 Predição e caracterização de miRNAs precursores e maduros

Um algoritmo robusto estabelecido por de Souza Gomes et al (2011) foi aplicado para prever precursores e miRNAs maduros. Essa ferramenta considera as condições ideais esperadas em uma sequência para formação de estruturas tipo grampo (hairpin) ou semelhança com miRNAs precursores conhecidos. O banco de dados miRBase (versão 22 - <http://www.mirbase.org/>) (KOZOMARA et al., 2019; GRIFFITHS et al., 2006) foi utilizado para comparações com as sequências prováveis de pré-miRNAs, aceitando um máximo de 4 incompatibilidades na sequência madura final.

As sequências aprovadas por esse algoritmo foram para análises de propriedades termodinâmicas e estrutura secundária, utilizando o RNAfold (Vienna RNA Package) (<http://rna.tbi.univie.ac.at/cgi-bin/RNAWebSuite/RNAfold.cgi>). Essas ferramentas foram aplicadas tanto aos agrupamentos quanto aos miRNAs individuais.

3.2.1 Alinhamento e análise filogenética de miRNAs

As sequências de pré-miRNAs de alface e espécies ortólogas foram submetidas a alinhamento múltiplo utilizando o software MEGA 12 (KUMAR et al., 2024), na aba Alignment (Align by clustal) com os seguintes parâmetros: abertura de gap de 22,50 e extensão de gap de 0,83. Paralelamente, essas mesmas sequências foram usadas para análises filogenéticas também com o MEGA 12 (KUMAR et al., 2024), usando o método Neighbor-Joining, com as seguintes configurações: método de bootstrap, árvore consenso com 5.000 repetições, modelo de substituição Kimura 2 parâmetros para o cálculo de distância evolutiva (SAITOU & NEI, 1987).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 A via de processamento de RNAs em *L. sativa* cv. *Salinas* (SALINAS *L. sativa*) e *L. sativa* var. *angustana* (STEM *L. sativa*)

Para entender os papéis potenciais de pequenos RNAs na regulação da expressão gênica em alface, procurou-se inicialmente identificar componentes de pequenas máquinas de processamento de RNA em *L. sativa* cv. *Salinas* e *L. sativa* var. *angustana*. Usando um alinhamento local, bem como a presença e arranjo de domínios conservados, 82 proteínas foram preditas tais como: ARGONAUTA (AGO), DICER-LIKE (DCL), HYPONASTIC LEAVES1 (HYL1), DAWDLE (DDL), SERRATE (SE), HUA ENHANCER 1 (HEN1), HASTY (HST), CICLOFILINA 40 (CYP40), HEAT-SHOCK PROTEIN 90 (HSP90), RISC-INTERACTING CLEARING 3'-5' EXORIBONUCLEASE 2 (RICE2) (Tabela Suplementar S1).

Sendo 19 proteínas ARGONAUTA na cultivar *Salinas* e 11 na variedade *Stem*, respectivamente: (AGO1.1 *SALINAS L. sativa*, AGO1.2 *SALINAS L. sativa*, AGO1.3 *SALINAS L. sativa*, AGO2.1 *SALINAS L. sativa*, AGO2.2 *SALINAS L. sativa*, AGO4.1 *SALINAS L. sativa*, AGO4.2 *SALINAS L. sativa*, AGO4.3 *SALINAS L. sativa*, AGO4.4 *SALINAS L. sativa*, AGO4.5 *SALINAS L. sativa*, AGO4.6 *SALINAS L. sativa*, AGO4.7 *SALINAS L. sativa*, AGO4.8 *SALINAS L. sativa*, AGO4.9 *SALINAS L. sativa*, AGO16 *SALINAS L. sativa*, AGO7 *SALINAS L. sativa*, AGO10.1 *SALINAS L. sativa*, AGO10.2 *SALINAS L. sativa*, AGO10.3 *SALINAS L. sativa*, AGO1.1 *STEM L. sativa*, AGO1.2 *STEM L. sativa*, AGO2.1 *STEM L. sativa*, AGO2.2 *STEM L. sativa*, AGO4.1 *STEM L. sativa*, AGO4.2 *STEM L. sativa*, AGO4.3 *STEM L. sativa*, AGO4.4 *STEM L. sativa*, AGO4.5 *STEM L. sativa*, AGO7 *STEM L. sativa*, AGO10 *STEM L. sativa*). Resultados semelhantes aos encontrados em outras espécies. CARDOSO et al.

encontrou 15 proteínas pertencem à família AGO de *Solanum lycopersicum* e 16 em *Solanum pennellii*. 19 proteínas foram identificadas em *Oriza Sativa*, treze em *M. indica* (LÓPEZ et al., 2024) e 10 proteínas em *A. thaliana*. Entre as proteínas AGO identificadas somente AGO1 e AGO10 possuem atividade na biogênese de miRNA em plantas (MALLORY & VAUCHERET, 2010; BOLOGNA & VOINNET, 2014; KAPOOR et al., 2008; CARDOSO et al., 2018).

Sete proteínas da família DICER foram encontradas na cultivar Salinas e oito na variedade Stem, respectivamente (DCL1 *SALINAS L. sativa*, DCL2 *SALINAS L. sativa*, DCL3.1 *SALINAS L. sativa*, DCL3.2 *SALINAS L. sativa*, DCL3.3 *SALINAS L. sativa*, DCL3.4 *SALINAS L. sativa*, DCL4 *SALINAS L. sativa*, DCL1 *STEM L. sativa*, DCL2.1 *STEM L. sativa*, DCL2.2 *STEM L. sativa*, DCL2.3 *STEM L. sativa*, DCL2.4 *STEM L. sativa*, DCL3.1 *STEM L. sativa*, DCL3.2 *STEM L. sativa*, DCL4 *STEM L. sativa*). Estes resultados condizem com os achados em *S. lycopersicum* onde foram achadas oito proteínas DCL, 11 em *S. pennellii* (CARDOSO et al., 2018), 4 DCLs foram encontradas no Genoma de *A. Thaliana* (BOLOGNA & VOINNET, 2014; LIU et al., 2009), em *O. sativa*, pelo menos cinco proteínas DCL foram identificadas (BOLOGNA & VOINNET, 2014; LIU & ZHU, 2009; MARGIS et al., 2006) e cinco em *M. indica* (LÓPEZ et al., 2024).

Uma proteína HYL1 foi identificada na cultivar Salinas e uma na variedade Stem, respectivamente (HYL1 *SALINAS L. sativa* e HYL1 *STEM L. sativa*). Em *M. indica* foram achadas seis proteínas HYL1 (LÓPEZ et al., 2024) e um em *A. thaliana* (HAN et al., 2004).

Uma proteína SERRATE foi identificada na cultivar Salinas e uma na variedade Stem, respectivamente (SERRATE *SALINAS L. sativa* e SERRATE *STEM L. sativa*). Em *A. thaliana*, assim como no tomate (*S. lycopersicum*), identificaram uma única cópia funcional (Yang et al., 2006; Mueller et al., 2005). O pimentão (*Capsicum annuum*) possui três cópias, enquanto a laranja (*Citrus sinensis*) apresenta cinco cópias (Wu et al., 2014) e a manga apresenta duas cópias catalogadas (LÓPEZ et al., 2024).

Uma proteína DDL foi identificada na cultivar Salinas e uma na variedade Stem, respectivamente (DDL *SALINAS L. sativa* e DDL *STEM L. sativa*). Em *M. indica L.* foram achadas duas proteínas (LÓPEZ et al., 2024), cinco em laranja (WU et al., 2014) e uma em *A. thaliana* (YANG et al., 2006).

Quatro proteínas HEN1 foram identificadas na cultivar Salinas e uma na variedade Stem, (*SALINAS L. sativa*, HEN1.4 *SALINAS L. sativa* e HEN1 *STEM L. sativa*). Em *M. indica L.* e *A. thaliana* foi achada uma proteína (LÓPEZ et al., 2024; TSAI et al., 2014)

Duas proteínas CYP40 foram identificadas na cultivar Salinas e duas na variedade Stem, respectivamente (CYP40.1 *SALINAS L. sativa*, CYP40.2 *SALINAS L. sativa*, e CYP40.1 *STEM*

L. sativa, CYP40.2 *STEM L. sativa*). Em *A. thaliana* foi achada uma proteína (PRASAD et al., 2010).

Oito proteínas HSP90 foram identificadas na cultivar Salinas e quatro na variedade Stem, respectivamente (HSP90.1 *SALINAS L. sativa*, HSP90.2 *SALINAS L. sativa*, HSP90.3 *SALINAS L. sativa*, HSP90.4 *SALINAS L. sativa*, HSP90.5 *SALINAS L. sativa*, HSP90.6 *SALINAS L. sativa*, HSP90.7 *SALINAS L. sativa*, HSP90.8 *SALINAS L. sativa*, HSP90.1 *STEM L. sativa*, HSP90.2 *STEM L. sativa*, HSP90.3 *STEM L. sativa*, HSP90.4 *STEM L. sativa*, HSP90.5 *STEM L. sativa*). Em *M. indica* foram achadas cinco proteínas (LÓPEZ et al., 2024) e sete foram identificadas em *A. thaliana* (KRISHN & GLOOR, 2001).

Quatro proteínas RICE2 foram identificadas na cultivar Salinas e uma na variedade Stem, respectivamente (RICE2.1 *SALINAS L. sativa*, RICE2.2 *SALINAS L. sativa*, RICE2.3 *SALINAS L. sativa*, RICE2.4 *SALINAS L. sativa*, e RICE2 *STEM L. sativa*). *A. thaliana* possui duas proteínas sendo RICE1 e seu parálogo genético, RICE2 (ZHANG et al., 2017).

Três proteínas HASTY foram identificadas na cultivar Salinas e cinco na variedade Stem, respectivamente (HASTY.1 *SALINAS L. sativa*, HASTY.2 *SALINAS L. sativa*, HASTY.3 *SALINAS L. sativa*, HASTY.4 e HASTY *STEM L. sativa*). Em *A. thaliana* e *M. indica L.* foi achada uma (LÓPEZ et al., 2024; PARK et al., 2005).

4.1.1 Análise de Domínios Catalíticos nas Proteínas da via de *L. sativa*

A caracterização dos domínios conservados das proteínas centrais da via de silenciamento gênico em *L. sativa* foi realizada com base na predição via dados do **Pfam** (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>), para as variedades Salinas e Stem. As imagens geradas apresentam a organização linear dos domínios, permitindo comparar a arquitetura das proteínas entre as variedades e com ortólogos de *A. thaliana*.

As proteínas AGO de ambas as variedades exibiram a organização estrutural típica, composta pelos seguintes domínios conservados: ArgoN (PF16486), ArgoL1/ArgoL2 (PF08699 / PF16488). Domínio PAZ (PF02170). Domínio Mid (PF16487). Domínio Piwi (PF02171).

Nas sequências analisadas, o domínio Piwi estava presente em todos os membros com função catalítica prevista, com a tríade DDH conservada tanto nas isoformas de Salinas quanto nas de Stem. A imagem (Figura 2) indica consistência no arranjo dos domínios entre as variedades, sem perdas estruturais relevantes.

As DCL1 de ambas as variedades apresentaram os domínios típicos da família: Helicase DEAD-like / Helicase C (PF00270 / PF00271). Domínio de dimerização de Dicer (PF03368). Domínio PAZ (PF02170). Domínios Ribonuclease III (RNase IIIa e RNase IIIb) (PF00636): cada um contendo o motivo Glu-Asp-Asp-Glu (EDDE), essencial para a clivagem precisa de dsRNAs. Domínio de ligação a dsRNA (dsRBD) (PF00035/PF14709) (Figura 2). Pequenas variações de tamanho proteico (número de aminoácidos) e rearranjos marginais na ordem de alguns domínios foram observadas, mas não houve perda dos elementos catalíticos. A comparação com as sequências ortólogas de *A. thaliana* confirma a alta conservação estrutural. Estudos recentes, especialmente em proteínas DCL, sugere-se que a distância entre os domínios conservados de RNase III e PAZ seja o maior determinante do comprimento resultante dos miRNAs processados (BUDAK & AKPINAR, 2015; LIU & ZHU, 2009; ROGERS & CHEN, 2013; CARDOSO et al., 2018). Isso demonstra a importância da distribuição e conservação do domínio no desempenho dessas proteínas no nível celular. Os dois domínios da RNase III (RNase IIIa e RNase IIIb) encontrados nas proteínas DCL1 STEM e SALINAS se mostraram com o distanciamento entre os domínios RNase III/ PAZ semelhante aos observados em *A. thaliana*. Esses domínios de RNase III são necessários para a função de clivagem e processamento de dsRNAs (RNA de fita dupla) na via do miRNA em plantas (LIU & ZHU, 2009; MARGIS et al., 2006).

Figura 2. Domínios conservados das proteínas Argonata (AGO) identificadas em *L. sativa* cv. Salinas e *L. sativa* vr. Stem. A predição foi realizada utilizando o banco de dados **Pfam** (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>).



As proteínas HYL1 (Figura 2) apresentaram presença de dois domínios repetidos de ligação ao RNA de fita dupla (DSRM, PF00035) em sua porção N-terminal, motivo putativo compartilhado por proteínas que se ligam a RNA de fita dupla (dsRNA) (CHRISTOPHER & GIDEON, 1994). De acordo com o fenótipo observado em mutantes nulos de HYL1 em *A. thaliana*, ambos os dsRBDs localizados na extremidade N-terminal são indispensáveis e suficientes para o processamento de pri-miRNA (WU et al., 2007).

As SERRATE exibiram o domínio do tipo dedo de zinco C2H2 (IPR013087), e somente a proteína da STEM não apresentou o domínio N-terminal SERRATE (PF12066) (Figura 2). Porém estudos mostram que a ausência da sequência N-terminal não impede a SE de se ligar ao complexo DCL1-RNA e promover o processamento, funcionalidade que é perdida sem o domínio ZnF (IWATA et al., 2013). Portanto, embora o N-terminal seja essencial para a

ancoragem ao RNA, a estimulação da atividade da DCL1 pela SE ocorre de forma direta, independentemente da sua capacidade de ligação ao ácido nucleico (IWATA et al., 2013).

Todas as proteínas DAWDLE (DDL) apresentam o domínio FHA (PF00498) (Figura 2). Entretanto, a proteína DDL Stem apresentou tamanho reduzido em comparação à ortóloga de *A. thaliana*, sugerindo possível encurtamento estrutural sem perda do domínio funcional conservado. O domínio associado a forkhead (FHA) relatado em *A. thaliana*, interage com a parte N-terminal de DCL1 e regula positivamente a biogênese de miRNAs (REN & YU, 2012; YU et al., 2008).

As proteínas HEN1 apresentam o domínio DSRM 2 (PF24995), o motivo La-like (HEN1_LCD, PF21224), o domínio C-terminal HEN1_LAM_C (PF18441), o domínio de ligação de cadeia dupla dsRBD2 (PF17842) e o domínio catalítico metiltransferase (MTHY, PF13847), somente a sequência LSA1487 apresenta comprimento significativamente reduzido (~600 aa) (Figura 2) em comparação às demais e não contém o domínio catalítico MTHY, essencial para a atividade metiltransferase de HEN1. Essa ausência sugere que a proteína pode estar truncada devido a erro de anotação ou representar um pseudogene/proteína não funcional. Além disso, algumas isoformas de HEN1 identificadas em *L. sativa* apresentaram inserção adicional do domínio FKBP_C, ausente na proteína ortóloga de *A. thaliana*. As sequências HEN1.2 e HEN1.2 da variedade Salinas exibiram essa arquitetura expandida, sugerindo diversificação estrutural entre as isoformas presentes na espécie. Em um estudo realizado por Baranauskė e colaboradores em 2015 revelou que a caracterização funcional dos dsRBDs forneceu evidências de sua contribuição significativa, porém desigual, para as interações da HEN1 com o duplex de miRNA. Descobriram também que a HEN1 interage fisicamente com a proteína de ligação a RNA de fita dupla HYL1 e com a proteína DCL1, mas não apresenta interação com a proteína SERRATE. Tanto HEN1 quanto SERRATE se ligam fisicamente a regiões idênticas de DCL1 e HYL1. Outro estudo sugere um papel importante para os domínios N-terminais na estabilização do complexo catalítico e indicam que os principais determinantes estruturais necessários para o reconhecimento seletivo e a metilação de duplexes de RNA residem no domínio C-terminal (VILKAITIS et al., 2010).

As CYP40 exibem domínios voltados à estabilidade conformacional; o domínio Pro_isomerase (PF00160) e tetratricopeptídeo (TPR, PF07719/PF00515), somente a CYP40.1 Stem não apresentou o domínio tetratricopeptídeo (Figura 2). Embora a proteína CYP40.1 Stem não apresente o domínio TPR clássico identificado especificamente como TPR_2 ou TPR_1, a sequência mantém um domínio pertencente à superfamília Tetratricopeptide-like helical domain superfamily, o que representa um forte indicativo de preservação estrutural parcial da

região responsável por interações proteína-proteína. A CYP40 interage com HSP90 e AGO1 pela ligação do domínio TPR (OWENS et al., 1996) sendo esse sozinho insuficiente para a associação estável de CYP40 com hsp90 (RATAJCZAK & CARRELLO, 1996). Essa interação é dependente da HSP90, que permite a associação da CYP40 à AGO1, formando um complexo transitório com HSP90 e AGO1, no qual facilita a ligação de pequenos RNAs duplex à AGO1, promovendo a formação de RISCs maduros. Após essa etapa, a CYP40 se dissocia, não estando presente no complexo final. Além disso, a interrupção dessa compromete a montagem do RISC, mostrando que essa interação é essencial e regulada (IKI et al., 2011).

Enquanto todas as isoformas de HSP90 apresentam domínio funcional HATPase_c (PF13589) (Figura 2). As proteínas HSP90 apresentaram alta conservação estrutural entre *A. thaliana* e *L. sativa*. A maioria das isoformas identificadas manteve o domínio característico da família HSP90. Entretanto, algumas proteínas apresentaram diferenças no comprimento total da sequência, particularmente nas isoformas HSP90.5 e HSP90.6 da cultivar Salinas, sugerindo variações estruturais periféricas sem perda do domínio funcional central. A Hsp90 opera como um dímero em um ciclo conformacional impulsionado pela ligação e hidrólise de ATP na extremidade N-terminal (PEARL et al., 2008). A HSP90 e CYP40 formam um complexo com AGO1 para auxiliar o carregamento de miRNA em um sistema livre de células (IKI et al., 2012; EARLEY & POETHIG, 2011; XIE et al., 2015). Após a hidrólise de ATP pela HSP90, o complexo HSP90-CYP40 e o miRNA* são removidos do complexo AGO1-miRNA, o que pode ser devido à alteração conformacional de AGO1 causada pela atividade chaperona da HSP90 (IKI et al., 2012; IKI et al., 2010; XIE et al., 2015).

As proteínas RICE2 apresentam de forma única o domínio 3'-5' Exonuclease (EXO, PF01612) (Figura 2). RICE1 possui um paralogo próximo (RICE2), proteína contendo domínio exonuclease 3'-5' semelhante a DnaQ de *A. thaliana* (PERRY et al., 2006; SMITH et al., 2013; ZHANG et al., 2017). Zhang e colaboradores (2017) em estudo concluíram que as RICEs atuam degradando os produtos 5' uridilados da clivagem da AGO para manter o RISC funcional. Sugerindo também uma possível ligação entre a degradação dos mRNAs-alvo clivados e a estabilidade do miRNA no RISC.

As proteínas HASTY exibem uma estrutura composta pelos domínios Exportin-1-like protein (Xpo1(PF08389)) e Exportin-5 (PF19273) (Figura 2). A estrutura proteica de HST já foi relatada em *M. indica* contendo os mesmos domínios achados tanto na cv. Salinas quanto na vr. Stem, o domínio de proteína quinase P, Xpo1, que está envolvido na translocação de proteínas para fora do núcleo, e Exportina-5 (LÓPEZ et al., 2024). Onde a HST interage

diretamente com o componente central do microprocessador DCL1 por meio de seu domínio N-terminal (CAMBIAGNO et al., 2021).

4.1.2 Análise de domínios conservados em proteínas da via

A caracterização de domínios conservados nas proteínas da via de miRNA foram realizadas com foco nos resíduos catalíticos presentes nos sítios ativos, os quais são determinantes para a atividade endonucleolítica no processamento e ação de pequenos RNAs. Das proteínas estudadas somente as proteínas AGO, DCL1, HYL1, DDL, CYP40, HSP90e RICE2 tinham informações de seus resíduos depositados no banco de dados do CDD.

4.1.2.1 Resíduos conservados domínio Piwi nas proteínas AGO

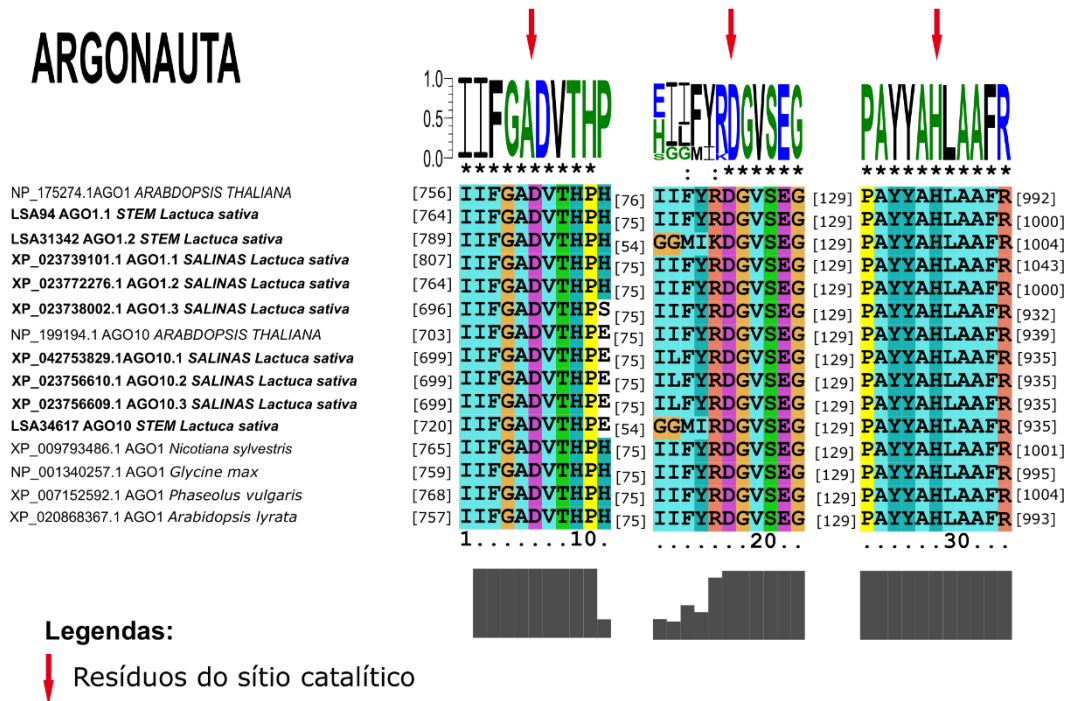
A análise revelou que todas as sequências de AGO cataliticamente ativas apresentaram o domínio Piwi completo, contendo a tríade de resíduos Asp-Asp-His (DDH).

Esses resíduos estavam localizados em posições conservadas, com variações mínimas no número de aminoácidos entre eles, preservando o arranjo estrutural necessário para a coordenação de íons metálicos no sítio catalítico.

A conservação da tríade DDH foi observada tanto em ortólogos de outras espécies, quanto nas sequências analisadas, sugerindo manutenção da função de clivagem direcionada por RNA em todos os membros ativos da família AGO1 e 10.

Os domínios conservados de Piwi das proteínas AGO tinham um sítio ativo contendo uma tríade catalítica DDH (Figura 2), presente na família de proteínas AGO e proteínas com função RNase H (MALLORY & VAUCHERET, 2010; KAPOOR et al., 2008; CARDOSO et al., 2018). Esses resultados estão em conformidade com as proteínas AGO1 e AGO10 encontradas em *A. thaliana*, *S. lycopersicum* e *S. pennellii*, (MALLORY & VAUCHERET, 2010; KAPOOR et al., 2008; CARDOSO et al., 2018). Os domínios conservados e sítios ativos encontrados na AGO1 e 10 em Salina e Stem apresentaram alta conservação em comparação com as proteínas ortologias de outras espécies.

Figura 4. Domínio conservado do domínio catalítico Piwi identificado nas proteínas Argonauta (AGO) de *L. sativa* cv. Salinas e *L. sativa* vr. Angustana (Stem). A análise foi conduzida no Conserved Domain Database (CDD) do NCBI.

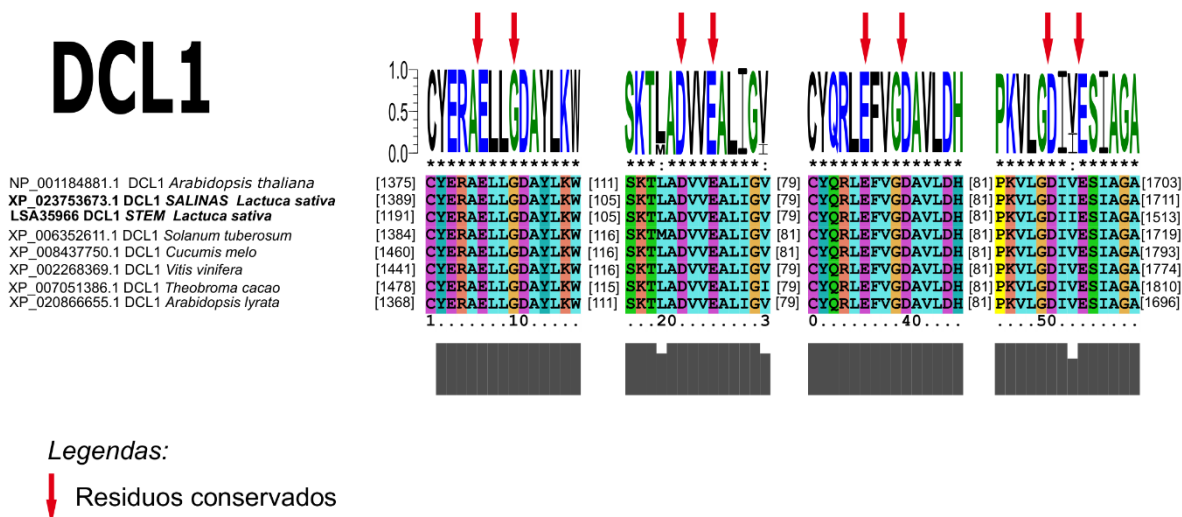


4.1.2.2 Resíduos conservados domínio Ribonuclease III nas proteínas DCL

Nas proteínas DCL, foram identificados dois domínios Ribonuclease III (RNase IIIa e RNase IIIb) por sequência, ambos contendo o motivo catalítico Glu-Asp-Asp-Glu (EDDE), altamente conservado entre angiospermas.

Os domínios conservados encontrados em Stem e Salinas (Figura 3) exibiram um sítio ativo com os resíduos catalíticos EDDE, também identificada em proteínas DCL1 de outras espécies vegetais (JI, 2008; CARDOSO et al., 2018), sugerindo uma função conservada das proteínas DCL1 em espécies de alface.

Figura 5. Domínios catalíticos Ribonuclease IIIa e Ribonuclease IIIb identificados nas proteínas Dicer-like-1 (DCL1) de *L. sativa* cv. *L. sativa* vr. Angustana (Stem). A detecção foi realizada por meio do Conserved Domain Database (CDD) do NCBI.



4.1.2.3 Resíduos conservados proteínas HYL1, DDL, SERRATE, HEN1, HASTY, CYP40, HSP90 e RICE2

Na proteína HYL1, o alinhamento (Figura 5) revelou a conservação de resíduos fundamentais nos domínios de ligação ao RNA de fita dupla (dsRBD). A análise comparativa entre as variedades Salinas e Stem de *L. sativa* e o ortólogo de *A. thaliana* demonstrou um padrão de identidade quase absoluto, evidenciado pelo gráfico de barras de conservação e pelos asteriscos no alinhamento. Resultados semelhantes a esse foram encontrados em *A. thaliana* em dois estudos (RASIA et al., 2010; LU & FEDOROFF, 2000).

As sequências da proteína DDL (Figura 5) apresentam resíduos do sítio catalítico FHA (Forkhead-associated) altamente conservados, marcados pela seta. Incluindo os aminoácidos GR S H N, que já foram apontados como resíduos críticos para o reconhecimento da fosfotreonina. Onde uma mutação pontual nesses resíduos causa uma mitigação significativa da propensão à ligação ao fosfato e é conservada em arranjos tridimensionais (MACHIDA & YUAN, 2013).

A análise revelou que todas as sequências de HSP90 identificadas nas variedades Salinas e Stem de *L. sativa* apresentaram o domínio conservado característico desta família de chaperonas. Foram identificados motivos de aminoácidos altamente preservados (Figura 5), que

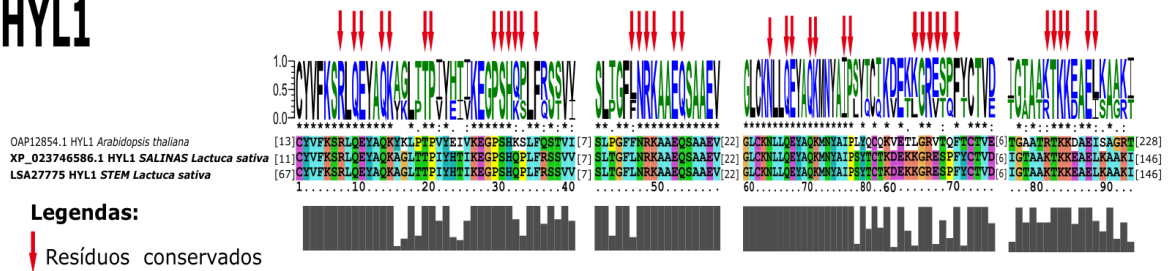
são essenciais para a atividade de ATPase e para a interação com proteínas clientes e co-chaperonas. Os resíduos destacados pelas setas vermelhas são resíduos marcados no CDD do sítio de ligação de ATP conservados, com variações mínimas na composição de aminoácidos. Sendo os tres primeiros motivos, motivos conservados entre topoisomerases do tipo II e proteínas das famílias Hsp90, encontradas em tanto em eucariotos quanto em procariotos (BERGERAT et al., 1997; PRODRUMOU et al., 1997).

A análise revelou que todas as sequências de CYP40 identificadas na Salinas e Stem (Figura 5) apresentaram os resíduos do domínio de ciclofilina, contendo os motivos estruturais conservados necessários para a atividade de peptidil-prolil isomerase (PPIase) (HUAI et al., 2002; GAMBLE et al., 1996). Esses resíduos já foram identificados também em *A. thaliana* (EARLEY et al., 2011).

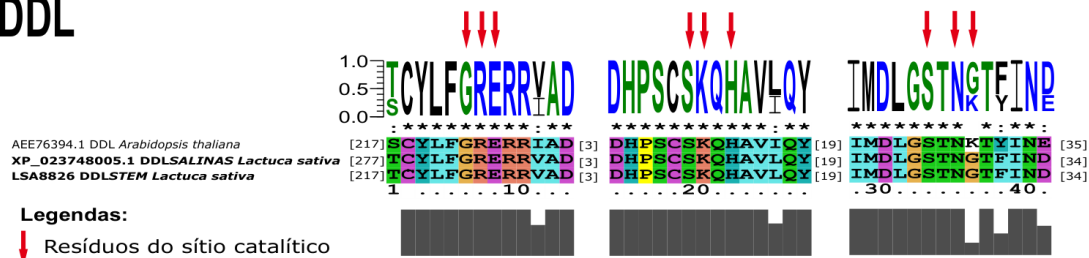
As sequências de RICE2 identificadas nas variedades Salinas e Stem de *L. sativa* (Figura 5) possuindo domínios altamente conservados entre elas, e apresentando os quatro resíduos ácidos conservados (DEDD) em seus sítios ativos, que os membros da superfamília de exonucleases do tipo DnaQ possuem (PERRY et al., 2006). porém não apresentam tanta similaridade com seus ortólogos que comparados a outras enzimas da superfamília DEDD, exibem resíduos não canônicos em seus sítios ativos, em vez do motivo DEDD canônico observado na superfamília (ZHANG et al., 2017).

Figura 6. Resíduos conservados das demais proteínas do metabolismo de miRNAs. A detecção foi realizada por meio do Conserved Domain Database (CDD) do NCBI.

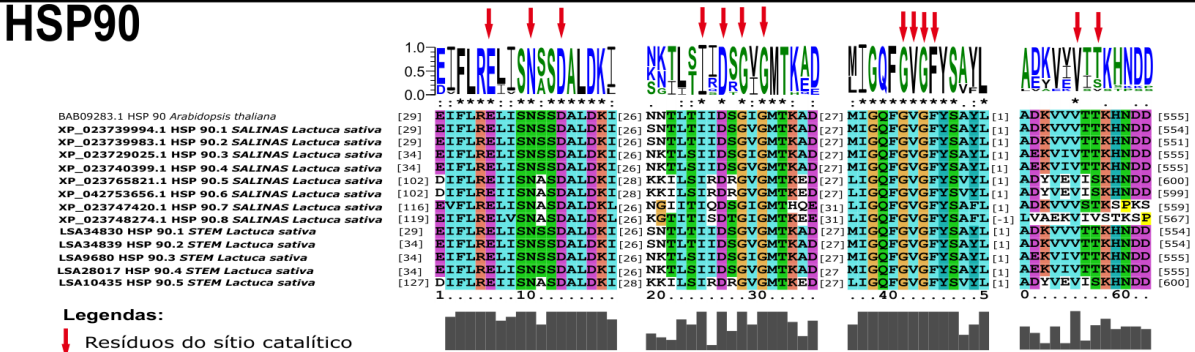
HYL1



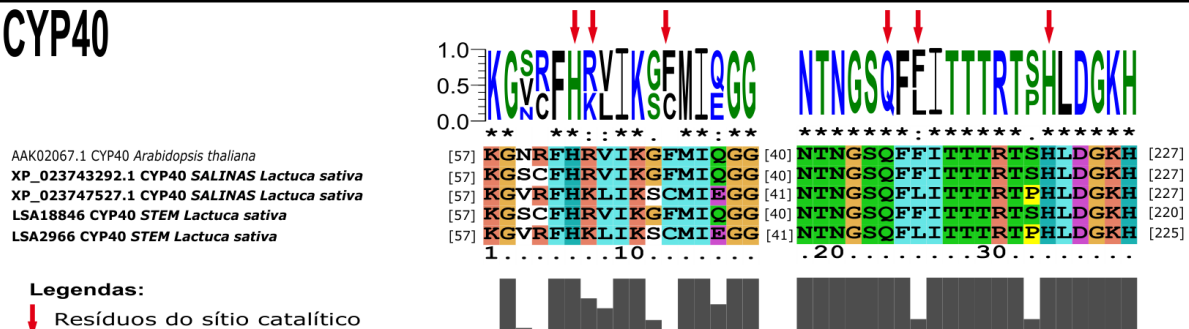
DDL



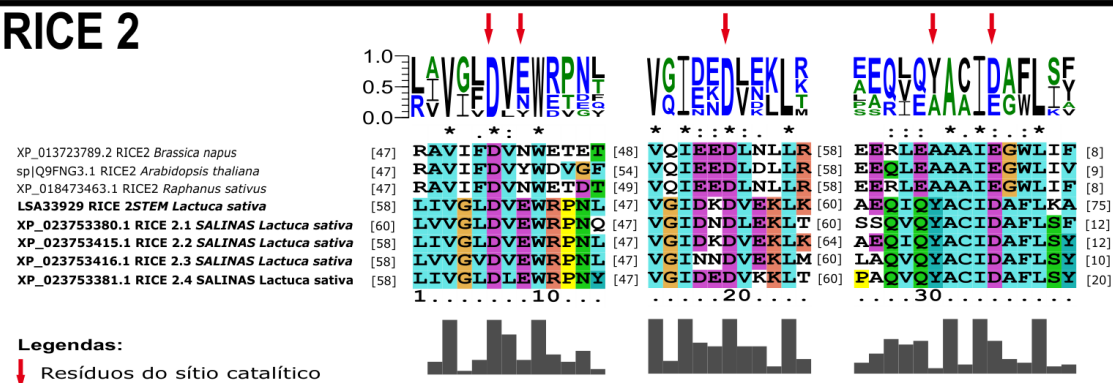
HSP90



CYP40



RICE 2



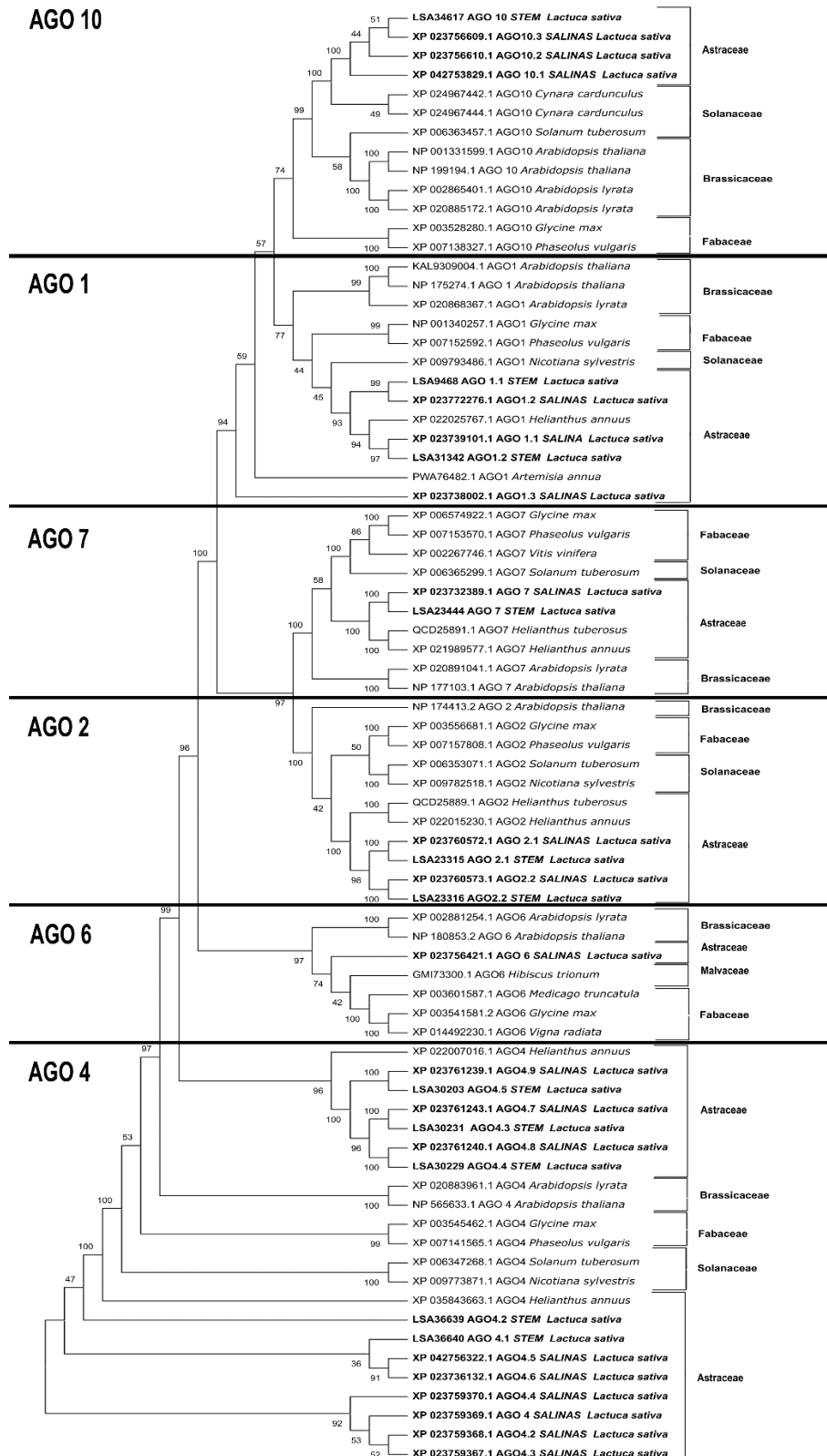
4.1.3 Análise Filogenética das Proteínas da via de miRNA de *L. sativa*

A análise filogenética foi conduzida para compreender a relação evolutiva das proteínas Argonauta AGO, DCL, HYL1, DDL, SERRATE, HEN1, HASTY, CYP40, HSP90 e RICE2 de *L. sativa* na cultivar Salinas e variante Stem, utilizando proteínas ortólogas de *outras espécies* como referência. As árvores foram construídas a partir de alinhamentos múltiplos das sequências completas, empregando o método Neighbor-Joining com suporte estatístico obtido por 2000 réplicas de bootstrap.

4.1.3.1 Proteínas Argonauta (AGO)

A árvore filogenética das proteínas AGO (Figura6) mostrou a formação de clados bem definidos, agrupando os membros de *L. sativa* com seus respectivos ortólogos de *A. thaliana*. Foram observados seis clados principais correspondentes a AGO1, AGO2, AGO4, AGO6, AGO7 e AGO10. Dentro de cada grupo, as sequências das cultivares Salinas e Stem agruparam-se juntas, indicando alta conservação intraespécie e ausência de divergência significativa entre as cultivares. Em geral, a distribuição filogenética identificada das proteínas AGO é consistente com as filogenias proteicas de outras espécies (STEVENS, 2001; CARDOSO et al., 2018; LÓPEZ et al., 2024), o que sugere que o nível de conservação para os membros da família AGO em Angiospermas é alto. A árvore filogenética das proteínas AGO mostrou uma forte correlação entre as proteínas AGO1 e AGO10 que são as proteínas AGO que participam da via do miRNA nas plantas (MALLORY & VAUCHERET, 2010; BOLOGNA & VOINNET, 2014; CARDOSO et al., 2018).

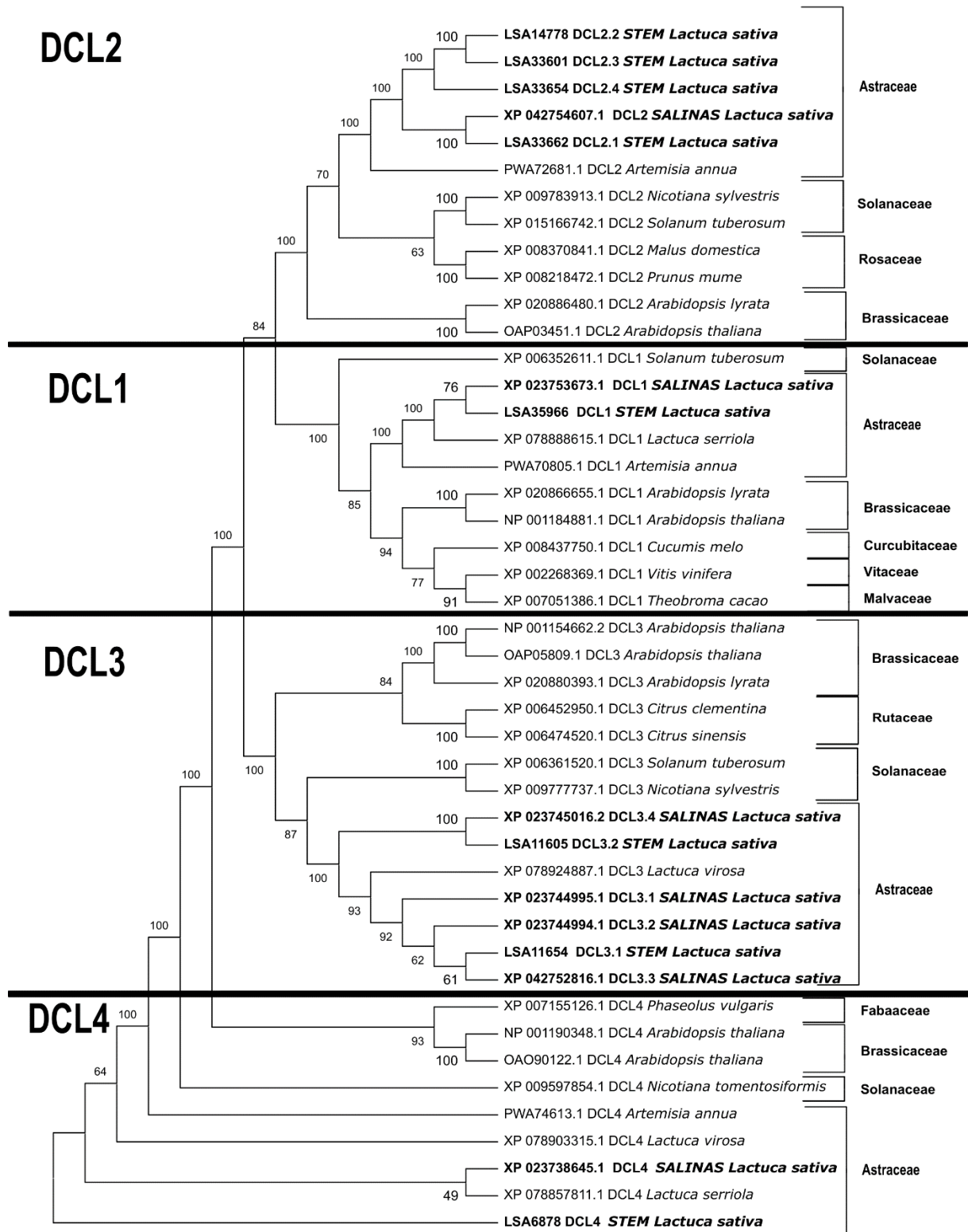
Figura 7. Árvore filogenética de proteínas Argonauta (AGO) obtida pelo método Neighbor-Joining, e a divergência de sequência foi estimada usando o modelo Jones–Taylor–Thornton (SAITOU & NEI, 1987). A confiabilidade estatística dos ramos internos foi avaliada utilizando 2.000 réplicas bootstrap. Os agrupamentos filogenéticos correspondem às subfamílias AGO4, AGO6, AGO1, AGO10, AGO7 e AGO2.



4.1.3.2 Proteínas Dicer-like (DCL)

A árvore filogenética das proteínas DCL (Figura 7) revelou a separação clara das quatro classes conhecidas (DCL1, DCL2, DCL3 e DCL4), cada uma agrupando as sequências de *L. sativa* com seus ortólogos de *A. thaliana*. Assim como observado para AGO, as sequências de Salinas e Stem aparecem lado a lado dentro de cada grupo, evidenciando alta conservação estrutural e funcional entre as cultivares. A análise das proteínas DCL na Salinas e Stem mostrou uma grande semelhança com a árvore filogenética evolutiva dessas espécies dentro de cada clado (STEVENSON, 2001;). A distribuição entre os parálogos da família DCL mostrou uma forte correlação entre as proteínas DCL2 e DCL1, que também estavam próximas de DCL4, mas mais distantes de DCL3, consistente com a distribuição em famílias DCL em *S. lycopersicum*, *S. pennellii* e outras espécies de plantas (LIU & ZHU, 2009; KAPOOR et al., 2008; CARDOSO et al., 2018; LÓPEZ et al., 2024).

Figura 8. Árvore filogenética de proteínas Dicer-like (DCL) construída pelo método Neighbor-Joining, e a divergência de sequência foi estimada usando o modelo Jones–Taylor–Thornton (SAITOU & NEI, 1987). A confiabilidade estatística dos ramos internos foi avaliada utilizando 2.000 réplicas bootstrap. As sequências compreendem membros das subfamílias DCL2, DCL1, DCL4 e DCL3 de *L. sativa* e seus ortólogos de outras espécies.



4.1.3.3 Proteínas HYL1, DDL, SERRATE, HEN1, HASTY, CYP40, HSP90 e RICE2

As análises filogenéticas das proteínas relacionadas à via de biogênese de pequenos RNAs demonstraram elevado grau de conservação evolutiva entre as sequências de *L. sativa* e proteínas ortólogas de diferentes espécies vegetais, resultado semelhante ao observado por López e colaboradores (2024) em maçã. De maneira geral, as proteínas identificadas em *L. sativa* agruparam-se preferencialmente com representantes da família Asteraceae, apresentando altos valores de bootstrap, indicando forte suporte estatístico para os agrupamentos observados.

Para HYL1, as sequências XP_023746586.1 e LSA27775 de *L. sativa* agruparam-se diretamente com HYL1 de *A. thaliana* e *Hibiscus trionum*, formando um clado bem suportado. Esse agrupamento demonstrou elevada conservação evolutiva da proteína entre espécies eucarióticas vegetais.

Na árvore filogenética de SERRATE, as sequências de *L. sativa* agruparam-se próximas às proteínas de outras espécies da família Asteraceae, como *Rutidosia leptorrhynchoides* e *Artemisia annua*, apresentando suporte estatístico máximo em alguns agrupamentos (bootstrap 100%). A proteína de *A. thaliana* permaneceu inserida no mesmo grande clado evolutivo, embora em ramo separado das espécies da família Asteraceae.

As proteínas HEN1 de *L. sativa* formam um clado distinto, indicando alta conservação evolutiva dentro da espécie. As sequências HEN1.3, HEN1.4 e HEN1 Stem apresentaram forte relação filogenética, com suporte bootstrap de 100. As sequências de outras espécies, como *A. thaliana*, *Pinus tabulaeformis* e *Pinus taeda*, agruparam-se separadamente, mostrando relações evolutivas entre diferentes famílias. Os altos valores de bootstrap observados em vários nós demonstram boa confiabilidade da árvore filogenética. De forma geral, os resultados sugerem que as proteínas HEN1 de *L. sativa* são conservadas e evolutivamente relacionadas às HEN1 de outras plantas.

Na análise filogenética de DDL, as sequências *L. sativa* Salinas e Stem agruparam-se com elevado suporte estatístico junto às proteínas de *A. thaliana* e *Acorus calamus*. Apesar da divergência taxonômica entre os grupos, as proteínas permaneceram inseridas em um clado altamente conservado, indicando preservação evolutiva da família DDL.

Para HSP90, observou-se forte conservação evolutiva entre as isoformas de *L. sativa* e proteínas de outras espécies vegetais. As proteínas de *L. sativa* Salinas e Stem, agruparam-se principalmente com proteínas de outras espécies da família Asteraceae, como *A. annua*,

Matricaria chamomilla e *Agerartina adenophora*. Os agrupamentos apresentaram elevados valores de bootstrap, variando em diversos ramos.

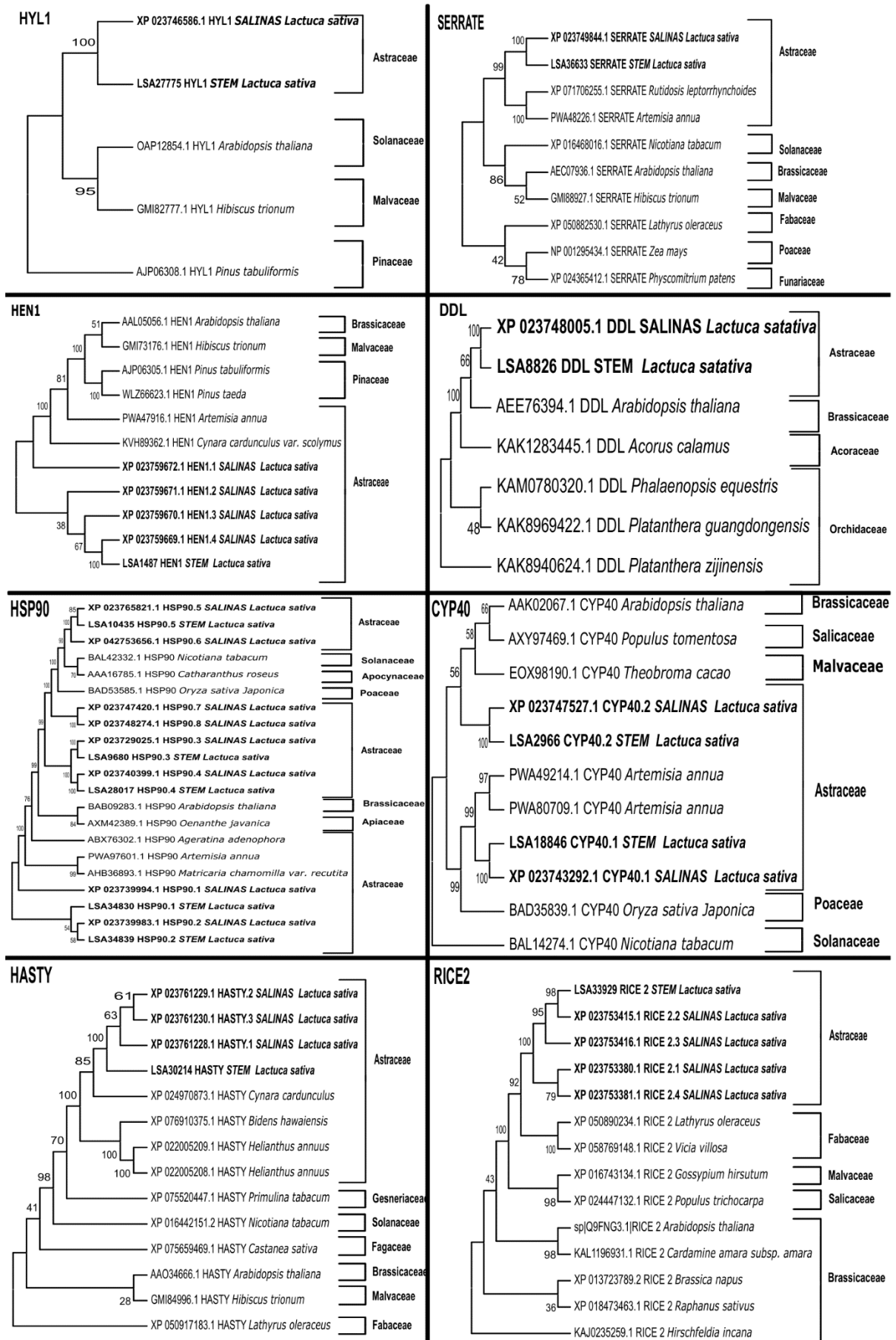
A análise filogenética de CYP40 demonstrou agrupamento consistente das proteínas de *L. sativa* com ortólogas vegetais. As proteínas CYP40 de *L. sativa* apresentaram distribuição em subclados distintos dentro do agrupamento geral das CYP40 vegetais. A sequência CYP40.2 Salinas e Stem agrupou-se em um ramo separado juntamente com proteínas de espécies taxonomicamente mais distantes, incluindo *A. thaliana*, *O. sativa*, *Nicotiana tabacum*, *Populus tomentosa* e *Theobroma cacao*, indicando conservação evolutiva ampla da família CYP40 entre diferentes linhagens vegetais.

As proteínas RICE2 de *L. sativa* apresentaram agrupamento fortemente conservado entre si, formando um clado específico juntamente com proteínas de Fabaceae, Brassicaceae, Malvaceae e Salicaceae. As sequências Salinas e Stem apresentaram altos valores de bootstrap, indicando elevada conservação funcional dentro da família RICE2.

Na análise de HASTY, as proteínas de *L. sativa* agruparam-se predominantemente com representantes da família Asteraceae, incluindo *Cynara cardunculus*, *Bidens hawaiiensis* e *H. annuus*. As sequências da Salinas e Stem formaram clados com elevados valores de bootstrap, indicando forte conservação evolutiva entre as proteínas HASTY das espécies relacionadas. A proteína de *A. thaliana* permaneceu em um ramo relacionado, porém separado das espécies da família Asteraceae.

De maneira geral, as análises filogenéticas demonstraram que as proteínas identificadas em *L. sativa* apresentam elevada proximidade evolutiva com ortólogas de outras espécies vegetais, principalmente representantes da família Asteraceae. Os altos valores de bootstrap observados sustentam a conservação dessas proteínas ao longo da evolução vegetal e reforçam a identidade funcional das sequências analisadas.

Figura 9. Árvore filogenética das demais proteínas do metabolismo de miRNAs.



4.2 miRNAs maduros e seus precursores em *L. sativa* cv Salinas

Para demonstrar que a maquinaria de processamento de miRNAs é bem conservada em *L. sativa* cv. Salinas e *L. sativa* var. angustana, buscou-se identificar sequências de miRNAs maduros e precursores, além de prever e definir a natureza de seus possíveis genes-alvo utilizando bancos de dados públicos disponíveis Lettuce GDB (<https://lettucegdb.com/genome>). Aplicando um algoritmo otimizado e específico (ver Materiais e Métodos), foram identificadas 193 sequências (3p e 5p) de miRNAs maduros e 137 miRNAs precursores, distribuídos em 36 famílias distintas de miRNAs no genoma de *L. sativa* cv. Salinas (Tabela Suplementar S2). Em *L. sativa* var. angustana, não rodaram no algoritmo até a presente data. Em outros estudos de miRNA em *L. sativa* Yousheng e colaboradores (2010) identificaram 21 microRNAs (miRNAs) pertencentes a 12 famílias, Qambrani e colaboradores (2025) identificaram 27 miRNAs conservados pertencentes a 27 famílias, Deng e colaboradores (2021) identificaram 157 miRNAs. Dessas foram destacadas 10 famílias para uma caracterização mais aprofundada, visto que as famílias MIR156, MIR159, MIR164, MIR167, MIR171, MIR172, MIR398, MIR399, MIR408 e MIR477 são miRNAs conservados em plantas já encontrados em outros estudos em *L. sativa* (YOUSHENG et al., 2010; DENG et al., 2021; QAMBRANI et al., 2025).

Com relação à localização e distribuição dos genes precursores de miRNA no genoma de Salinas, 137 foram encontrados em regiões intergênicas (Tabela Suplementar S3). Todos os miRNAs identificados foram analisados quanto às suas características estruturais e termodinâmicas. Os precursores de miRNA de Salinas apresentaram um MFE com média de $-55,08$ kcal/mol, variando entre $-96,9$ e $-23,5$ kcal/mol. Parâmetros como AMFE e MFEI apresentaram médias de $-39,68$ kcal/mol e $-0,97$ respectivamente (Tabela Suplementar S4). Resultados esses bem próximos dos encontrados em outros estudos em *L. sativa* (QAMBRANI et al., 2025) e *S. lycopersicum* e *S. pennellii* (CARDOSO et al., 2018). A estabilidade termodinâmica dos precursores de miRNAs vegetais é tipicamente representada por valores de Energia Livre Mínima (MFE) inferiores a -18 kcal/mol (NAGESHBABU et al., 2012). Além disso, pesquisas demonstraram que sequências de RNA com AMFE médio de $-45,93 \pm 9,43$ kcal/mol podem ser classificadas como miRNAs autênticos, considerando que os precursores de miRNA exibem valores negativos de AMFE mais elevados em comparação com outras classes de RNAs não codificantes, como tRNAs e rRNAs. Também foi proposto que valores médios de MFEI superiores a $0,85$, com média de $0,97$, são característicos de potenciais

precursores de miRNAs em plantas, permitindo diferenciá-los de outros tipos de RNA, em concordância com os resultados obtidos (ZHANG et al., 2006; CARDOSO et al., 2018).

4.2.1 Caracterização de miRNAs em *L. sativa* cv *Salinas*

Foram identificados 10 miRNAs precursores na família MIR156 em *L. sativa* cv *Salinas* (Tabela Suplementar S2). Semelhante ao encontrado em outros estudos, três foram encontrados em alcachofra (DE PAOLA et al., 2012), três em *H. annuus*, dois em *Helianthus argophyllus*, *Helianthus ciliaris*, um em *Helianthus paradoxus* e em *Helianthus tuberosus* (BAROZAI et al., 2012), dois em *L. sativa* (YOUSHEG et al., 2010), 10 em *L. sativa* (DENG et al., 2021) e seis foram achados em *A. thaliana* (REINHART et al., 2002).

Um precursor foi encontrado pertencentes a família MIR159 em *L. sativa* cv *Salinas* (Tabela Suplementar S2), condizente com o encontrado em outros estudos, um também foi encontrado em *H. tuberosus* (BAROZAI et al., 2012), um foi encontrado em *A. thaliana* (REINHART et al., 2002), um em *L. saligna*, um em *L. sativa* (YOUSHEG et al., 2010) e dois em *L. sativa* (DENG et al., 2021).

Seis precursores foram achados em *L. sativa* cv *Salinas* da família MIR164 (Tabela Suplementar S2), condizente com os resultados observados em outras espécies, um foi encontrado em *L. virosa* e *Lactuca perennis* (YOUSHEG et al., 2010), três em *L. sativa* (DENG et al., 2021), um em *H. ciliaris* (BAROZAI et al., 2012), um em *C. cardunculus* (DE PAOLA et al., 2012) e dois em *A. thaliana* (REINHART et al., 2002).

Quatro precursores foram encontrados em *L. sativa* cv *Salinas* pertencentes a família MIR167 (Tabela Suplementar S2), já em outros estudos foram encontrados dois em *A. thaliana* (REINHART et al., 2002), um em *C. cardunculus* (DE PAOLA et al., 2012), um em *L. sativa* (QAMBRANI et al., 2025), e cinco em *L. sativa* (DENG et al., 2021).

10 precursores foram achados em *L. sativa* cv *Salinas* da família MIR171 (Tabela Suplementar S2). Semelhante ao encontrado em outros estudos, seis em *L. sativa* (DENG et al., 2021), um em *L. virosa* (YOUSHEG et al., 2010), um em *C. cardunculus* (DE PAOLA et al., 2012), um em *H. paradoxus*, três em *H. tuberosus* (BAROZAI et al., 2012), um em *A. thaliana* e um em *O. sativa* (REINHART et al., 2002).

Oito precursores foram achados em *L. sativa* cv *Salinas* da família MIR172 (Tabela Suplementar S2). Semelhante ao encontrado em outros estudos, Deng e colaboradores (2021) acharam em *L. sativa* três dessa mesma família, já Yousheng e colaboradores (2010) acharam

dois em *L. sativa*, um foi encontrado em *C. cardunculus* (DE PAOLA et al., 2012), dois em *A. thaliana* (ZHIXIN et al., 2005)

Dois precursores foram achados em *L. sativa cv Salinas* da família MIR398 (Tabela Suplementar S2). Semelhante ao encontrado em outros estudos, em *L. sativa* foram encontrados dois por Deng e colaboradores (2021) e três por Yousheng e colaboradores (2010) sendo um em *L. sativa*, um em *Lactuca serriola* e um em *Lactuca saligna*, já em *A. thaliana* foi encontrado dois (ZHIXIN et al., 2005) e um em *C. cardunculus* (DE PAOLA et al., 2012).

Três precursores foram achados em *L. sativa cv Salinas* da família MIR399 (Tabela Suplementar S2). Semelhante ao encontrado em outros estudos, como em *L. sativa* foram encontrados três por Yousheng e colaboradores (2010) e dois por Deng e colaboradores (2021), um em *C. cardunculus* (DE PAOLA et al., 2012) e dois em *A. thaliana* (ZHIXIN et al., 2005)

Um precursor foi achado em *L. sativa cv Salinas* da família MIR408 (Tabela Suplementar S2). Semelhante ao encontrado em outros estudos, já em outros estudos foram encontrados um em *A. thaliana* (LU et al., 2006), um em *C. cardunculus* (DE PAOLA et al., 2012), um em *L. sativa* (DENG et al., 2021) e um foi encontrado em *L. sativa* por Qambrani e colaboradores (2025).

Quatro precursores foram achados em *L. sativa cv Salinas* na família MIR477 de *L. sativa* (Tabela Suplementar S2). Semelhante ao encontrado em outros estudos, Deng e colaboradores (2021) encontraram em *L. sativa* três precursores da família MIR477, já em outras espécies foi encontrado três em *A. thaliana* (LU et al., 2006), dois em *Populus trichocarpa* (LU et al., 2005) e cinco em *C. sinensis* (TAYLOR et al., 2017).

Os miRNAs precursores e maduros identificados nesse trabalho apresentaram grande conservação em suas sequências e estruturas secundárias em relação aos seus ortólogos, especialmente na região madura do miRNA. Este foi o caso das famílias MIR156 (Figura 9), MIR159 (Figura 10), MIR164 (Figura 11), MIR167 (Figura 12), MIR171 (Figura 13), MIR172 (Figura 14), MIR398 (Figura 15), MIR399 (Figura 16), MIR408 (Figura 17) e MIR477 (Figura 18).

Figura 10. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR156. Os miRNAs de *L. sativa* estão em negrito.

MIR156

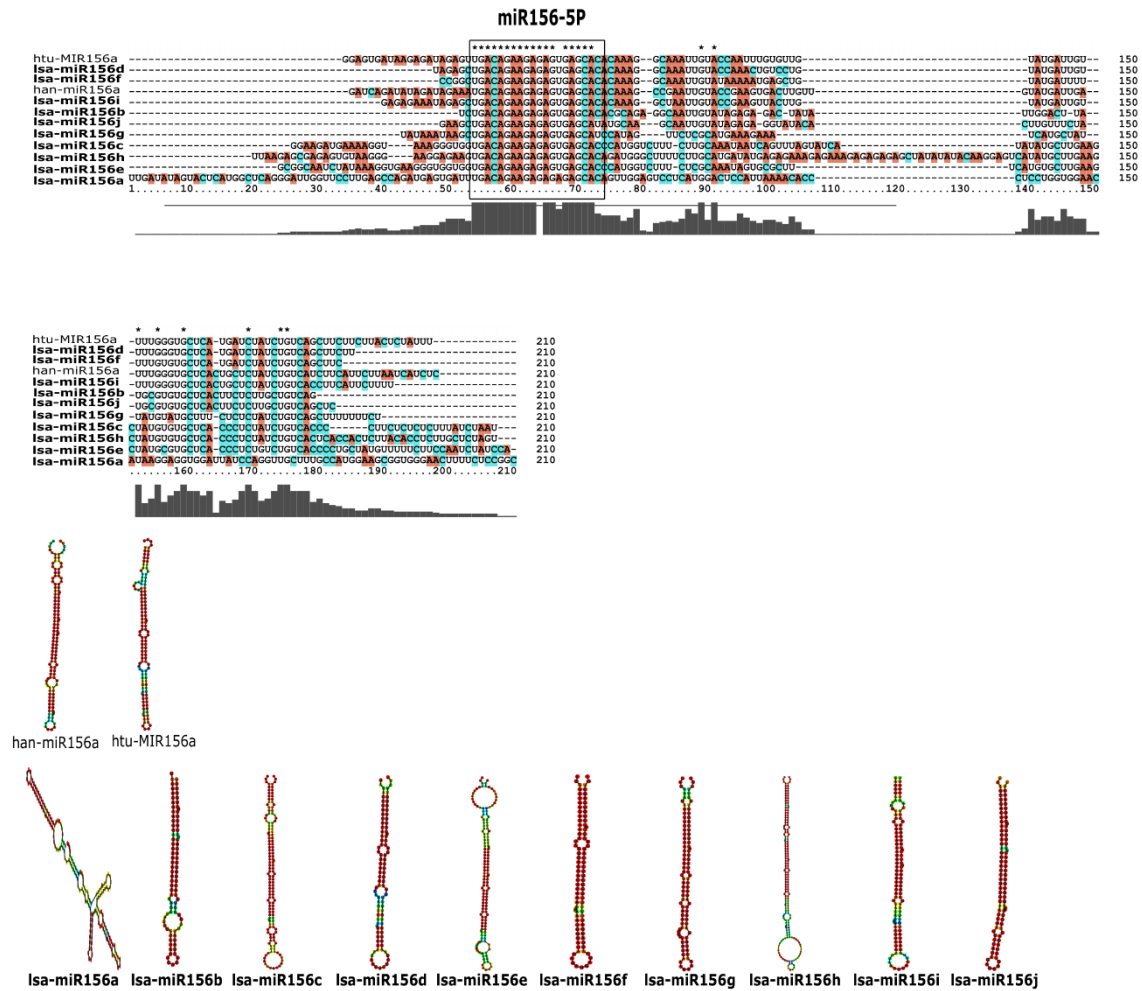


Figura 11. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR159. Os miRNAs de *L. sativa* estão em negrito.

MIR159

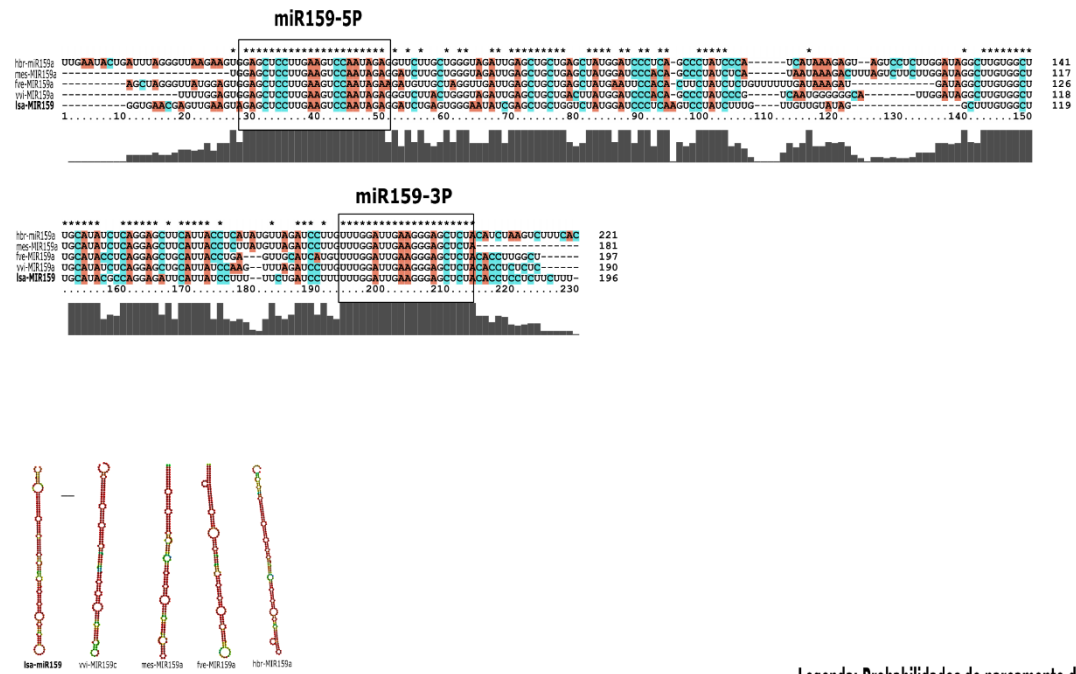
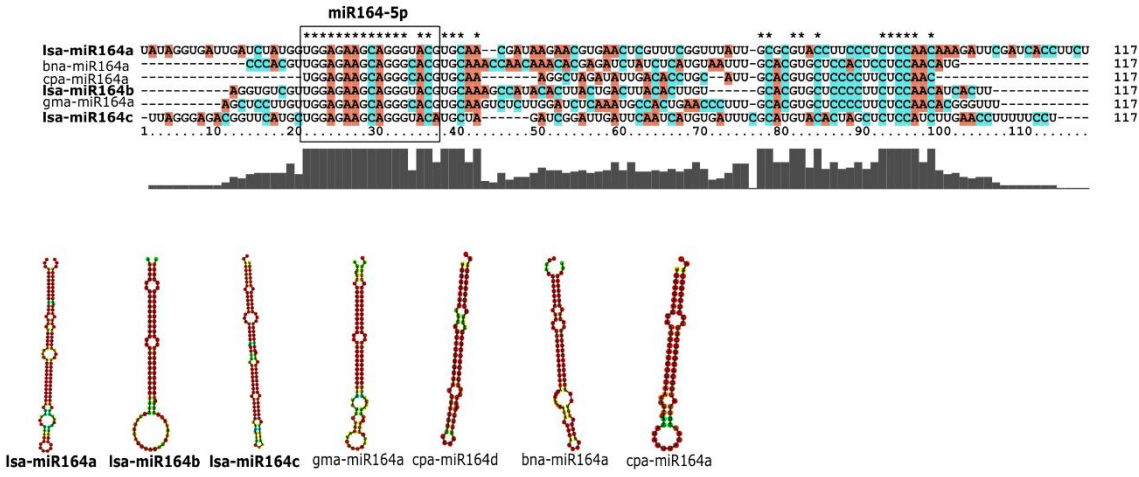


Figura 12. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR164. Os miRNAs de *L. sativa* estão em negrito.

MIR164



Legenda: Probabilidades de pareamento de bases

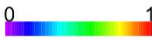
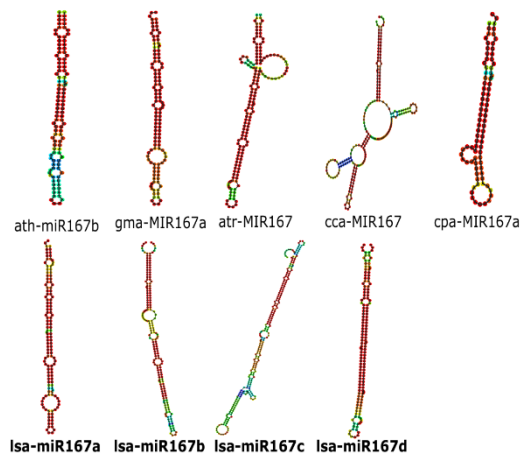
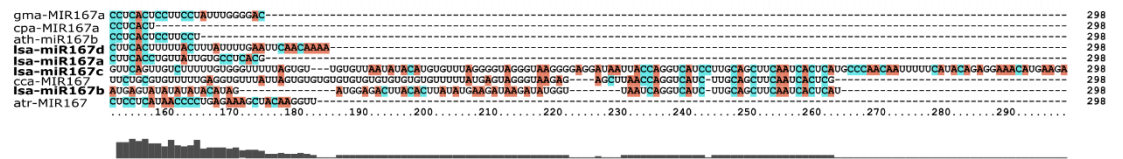
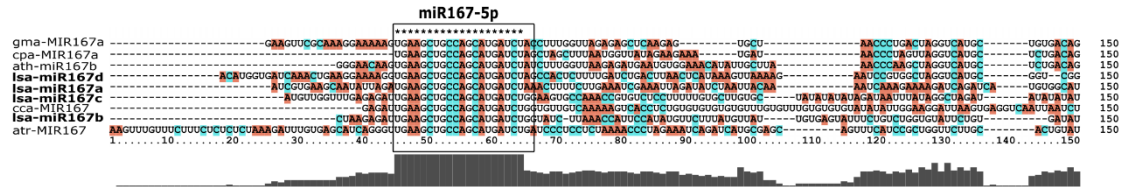


Figura 13. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR167. Os miRNAs de *L. sativa* estão em negrito.

MIR167



Legenda: Probabilidades de pareamento de bases

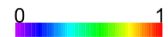


Figura 14. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR171. Os miRNAs de *L. sativa* estão em negrito.

MIR171

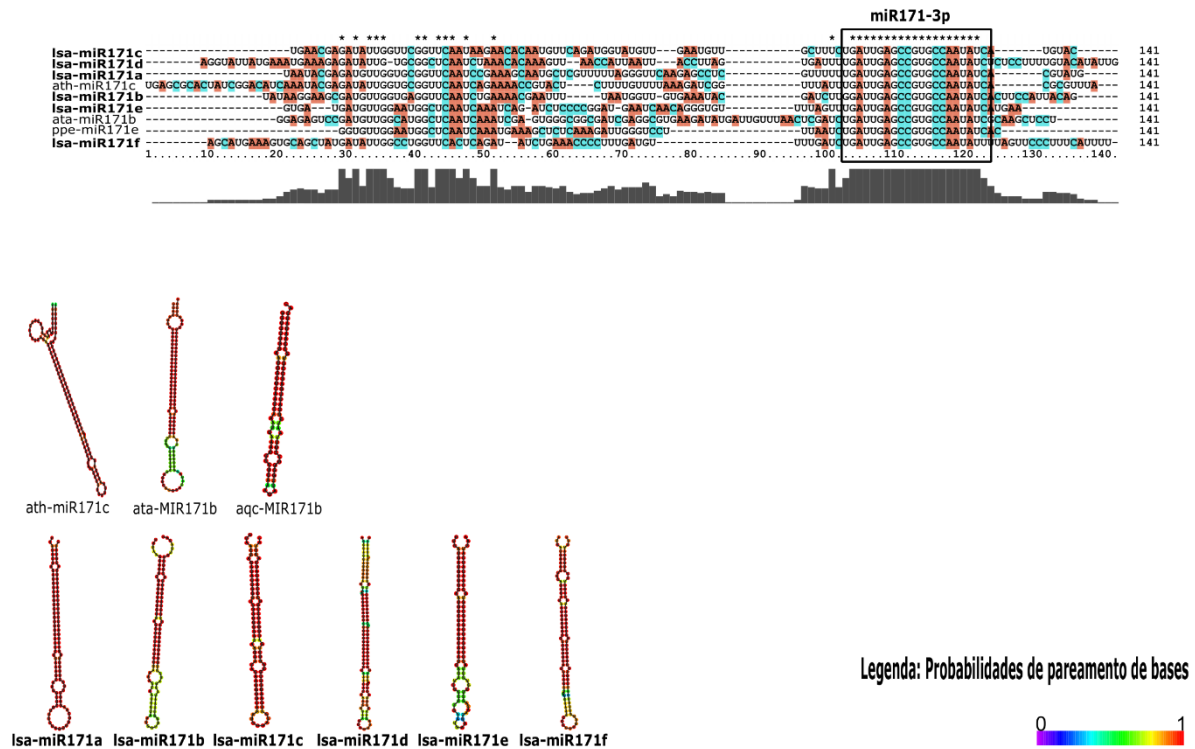


Figura 15. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR172. Os miRNAs de *L. sativa* estão em negrito.

MIR172

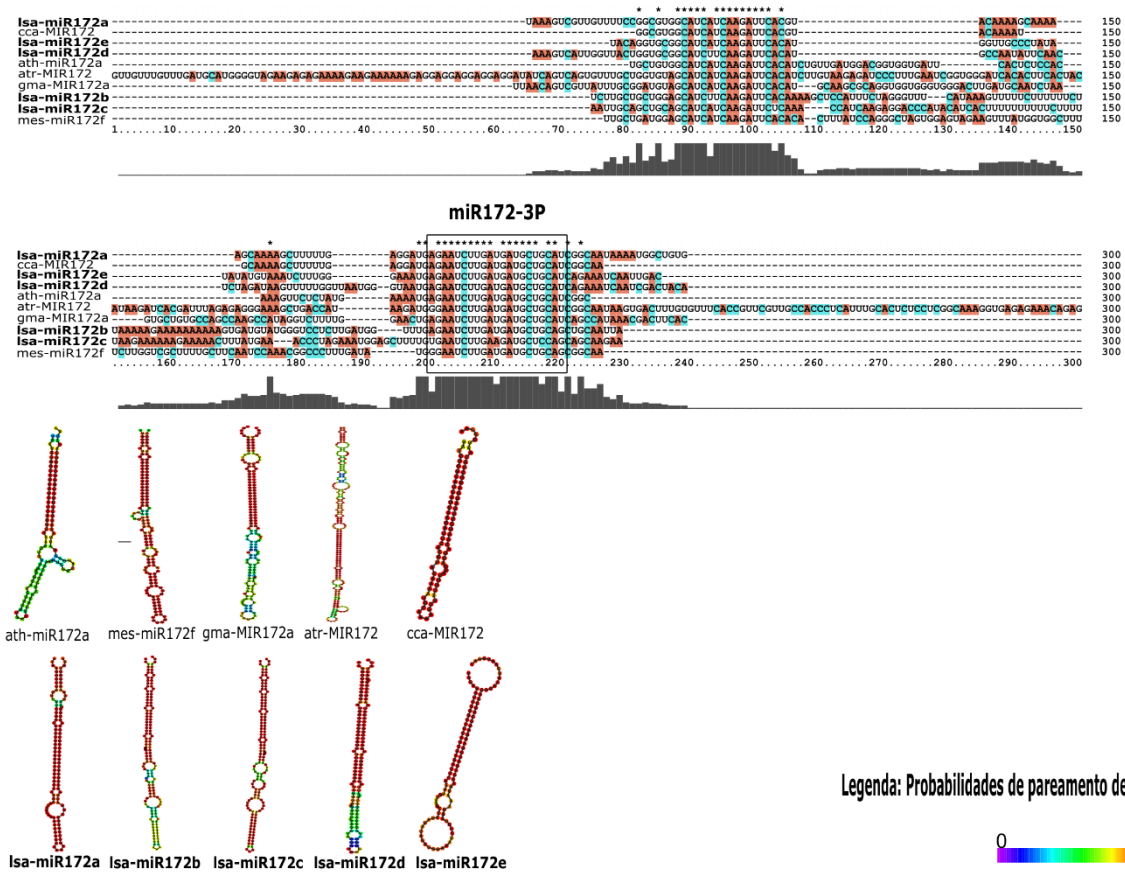
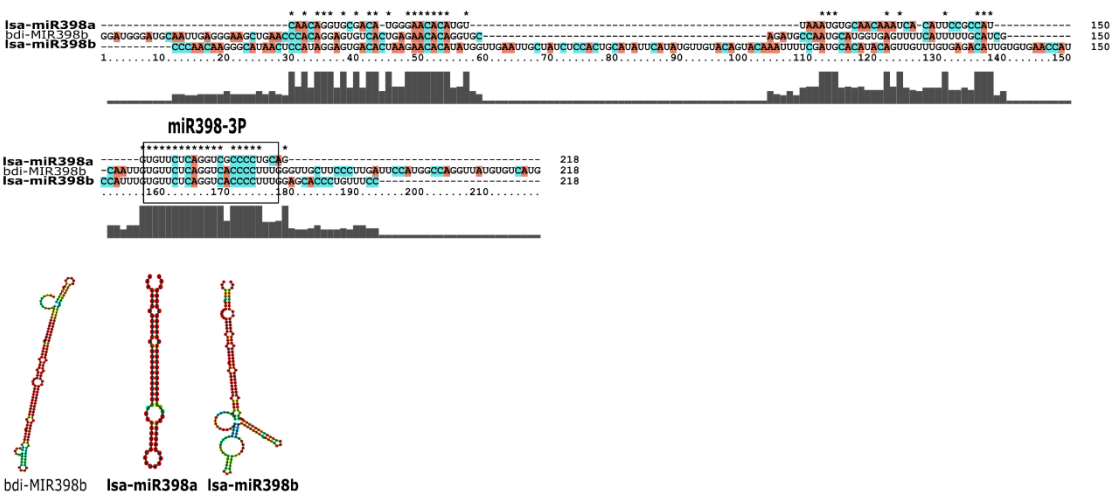


Figura 16. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR398 Os miRNAs de *L. sativa* estão em negrito.

MIR398



Legenda: Probabilidades de pareamento de bases

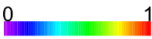


Figura 17. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR399. Os miRNAs de *L. sativa* estão em negrito.

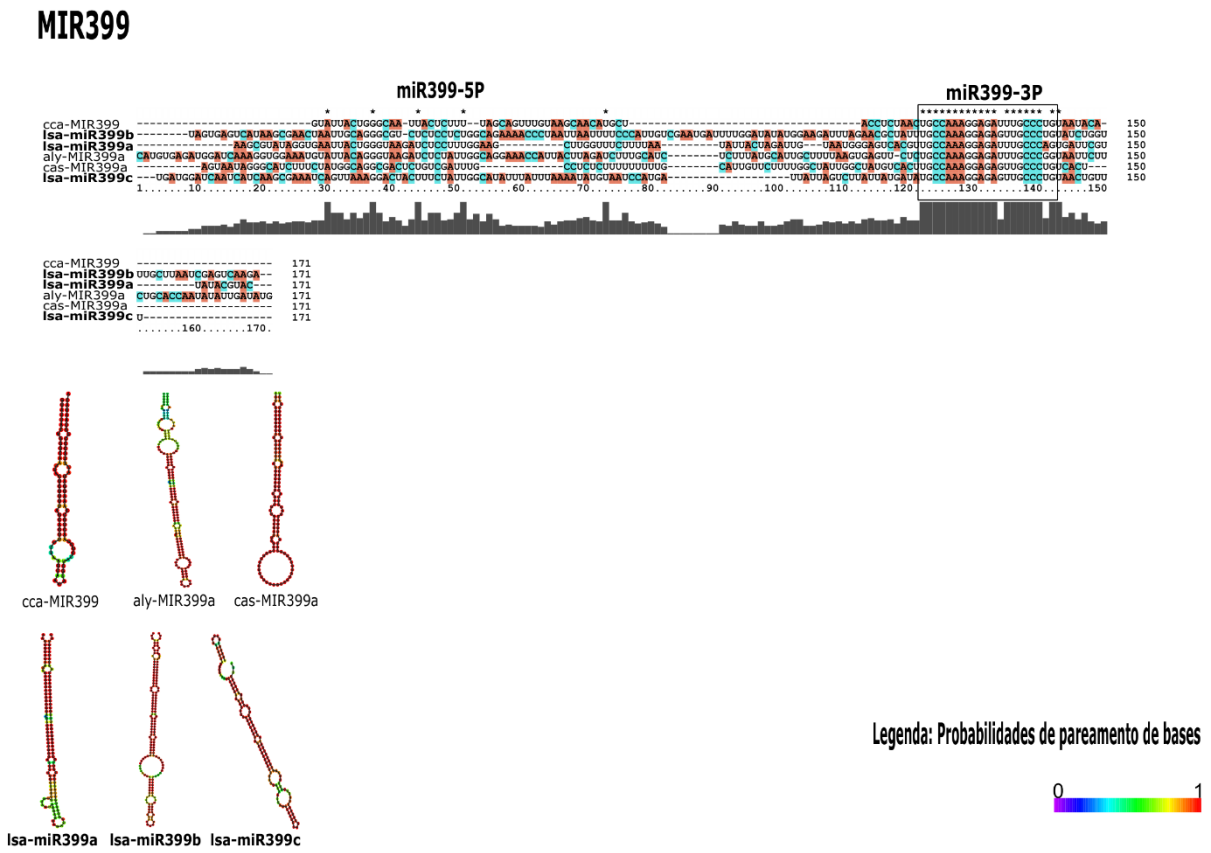
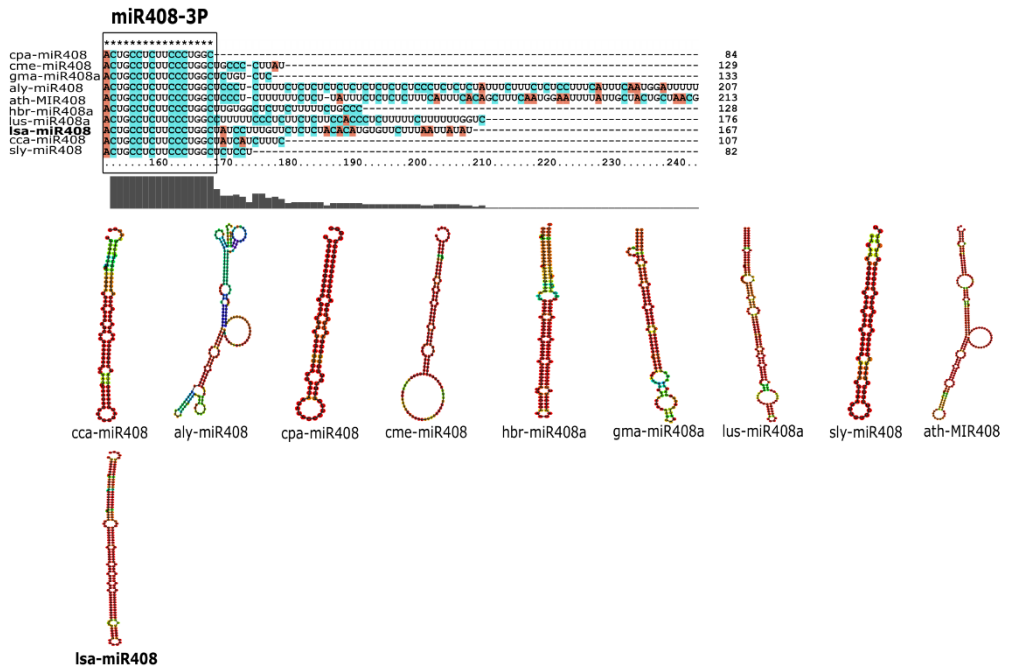
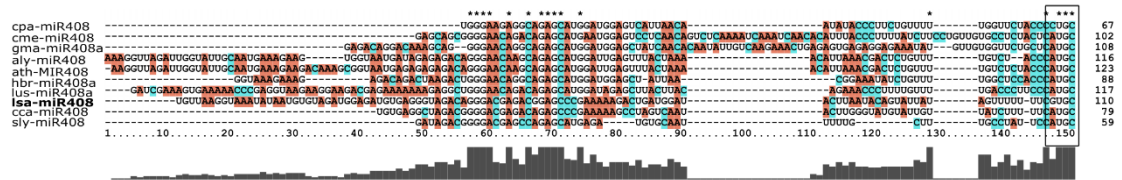


Figura 18. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR408. Os miRNAs de *L. sativa* estão em negrito.

MIR408

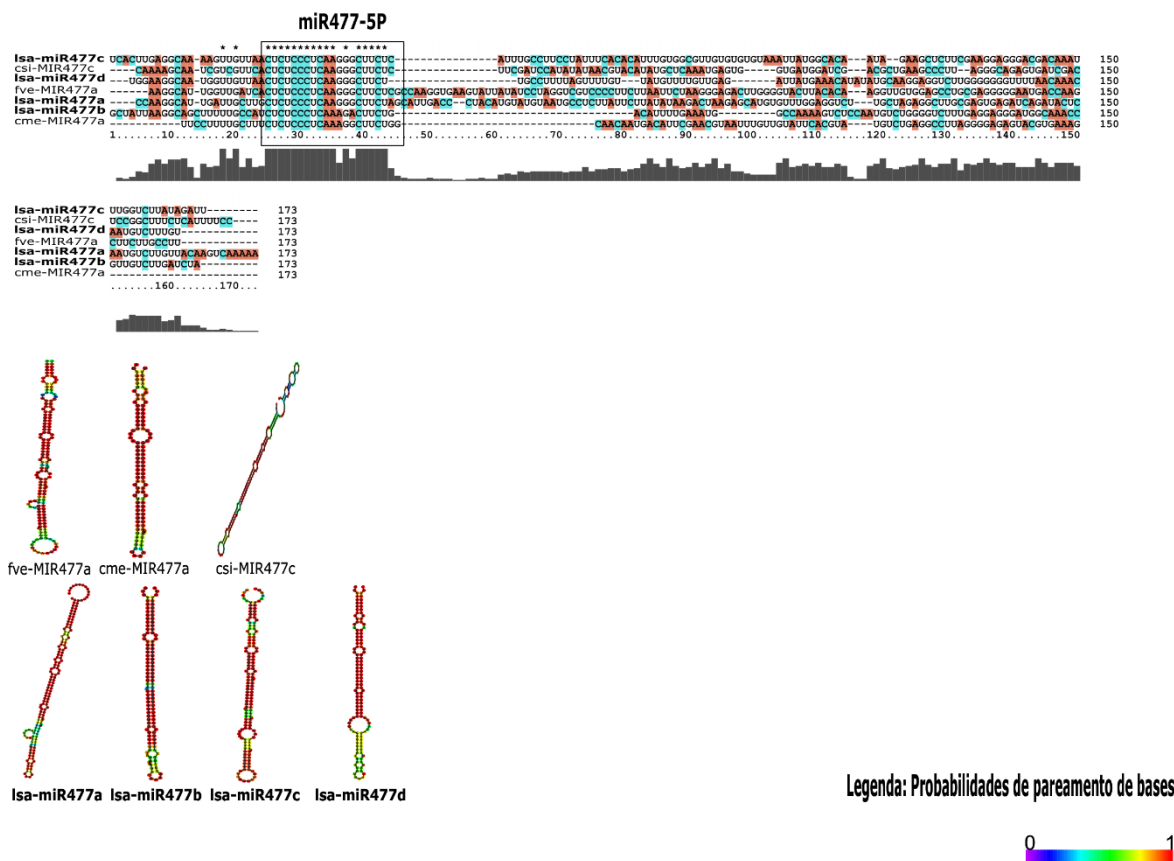


Legenda: Probabilidades de pareamento de bases



Figura 19. Alinhamento múltiplo e predição estrutural de precursores de miRNAs da família MIR477. Os miRNAs de *L. sativa* estão em negrito.

MIR477



4.2.2 Análise Filogenética de miRNAs em *L. sativa* cv *Salinas*

A análise filogenética das famílias de miRNAs revelou padrões consistentes de conservação evolutiva e agrupamento taxonômico entre diferentes famílias botânicas, os representantes da família Asteraceae frequentemente formaram clados bem definidos e sustentados por valores moderados a altos de bootstrap.

A análise filogenética da família lsa-MIR156 (Figura 19) revelou uma árvore distribuída em seis clados principais. As sequências de *L. sativa* distribuíram-se em diferentes subclados dentro das Eudicotiledôneas, indicando elevada diversificação evolutiva dessa família de miRNA. Alguns precursores, como lsa-MIR156c e lsa-MIR156e, agruparam-se próximos a representantes de Euphorbiaceae, enquanto lsa-MIR156d, lsa-MIR156f e lsa-miR156i formaram agrupamentos mais específicos dentro do clado das Asteraceae.

A árvore filogenética da família lsa-MIR159 (Figura 19) apresentou quatro clados principais. A sequência identificada em *L. sativa* foi posicionada no clado das Eudicotiledôneas, agrupando-se próxima a membros de Brassicaceae e Solanaceae, porém mantendo separação filogenética compatível com a linhagem Asteraceae. Esse padrão sugere elevada conservação evolutiva da família MIR159 entre espécies vegetais.

Na análise da família lsa-MIR399 (Figura 19), observou-se a formação de dois clados principais, correspondentes às Monocotiledôneas e Eudicotiledôneas. As sequências de *L. sativa* (lsa-MIR399a, lsa-MIR399b e lsa-MIR399c) foram distribuídas no clado das Eudicotiledôneas, agrupando-se próximas a espécies de Rosaceae, Brassicaceae e Rutaceae. Além disso, lsa-MIR399b e lsa-MIR399c apresentaram maior proximidade filogenética entre si.

A árvore filogenética da família lsa-MIR164 (Figura 19) exibiu cinco clados distintos. O precursor lsa-MIR164a agrupou-se dentro do clado das Asteraceae, com e lsa-MIR164d próximo a ele enquanto lsa-MIR164e e lsa-MIR164f apresentaram proximidade filogenética entre si. Já lsa-MIR164b e lsa-MIR164c mostraram posicionamentos distintos dentro das Eudicotiledôneas.

A análise da família lsa-MIR167 (Figura 19) revelou uma árvore filogenética composta por sete clados principais. As sequências de *L. sativa* foram distribuídas mais próximas das Eudicotiledôneas, formando agrupamentos específicos dentro das Asteraceae. Os precursores lsa-MIR167a e lsa-MIR167c agruparam-se em um mesmo subclado, enquanto lsa-MIR167b e lsa-MIR167f formaram outro agrupamento fortemente sustentado. Já lsa-MIR167d e lsa-MIR167e apresentaram posicionamentos mais divergentes.

A análise filogenética da família lsa-MIR398 (Figura 20) revelou uma árvore distribuída em três clados principais. As sequências de *L. sativa* foram distribuídas exclusivamente no clado das Eudicotiledôneas. O precursor lsa-MIR398c agrupou-se próximo a representantes de Rosaceae e Vitaceae, enquanto lsa-MIR398a agrupou-se próximo a representantes da família Solanaceae e lsa-MIR398b formou agrupamento com cca-MIR398 também da família Asteraceae.

A árvore filogenética da família lsa-MIR408 (Figura 20) apresentou quatro clados principais, contendo espécies. O precursor lsa-MIR408 agrupou-se dentro de um clado específico das Asteraceae, apresentando elevada proximidade filogenética com sequências de Solanaceae. Observou-se ainda clara separação entre monocotiledôneas e eudicotiledôneas em alguns agrupamentos internos da árvore.

A análise da família lsa-MIR477 (Figura 20) revelou uma árvore composta por cinco clados distintos. As sequências de *L. sativa* (lsa-MIR477a, lsa-MIR477b, lsa-MIR477c e lsa-MIR477d) foram distribuídas dentro do clado das Eudicotiledôneas, formando agrupamentos específicos relacionados à família Asteraceae. Os precursores lsa-MIR477a e lsa-MIR477b apresentaram maior proximidade filogenética entre si, enquanto lsa-MIR477c e lsa-MIR477d agruparam-se em outro subclado.

A árvore filogenética da família lsa-MIR171 (Figura 20) exibiu seis clados principais. As sequências de *L. sativa* foram distribuídas predominantemente em agrupamentos específicos das Asteraceae. Os precursores lsa-MIR171c e lsa-MIR171g e agruparam próximos entre si, enquanto lsa-MIR171a, lsa-MIR171h e lsa-MIR171d formaram outro subclado relacionado às Eudicotiledôneas. Já lsa-MIR171b apresentou maior semelhança com lsa-MIR171i e o lsa-MIR171e com lsa-MIR171f, enquanto lsa-MIR171c e lsa-MIR171j apresentaram posicionamentos distintos ao longo da árvore.

A análise filogenética da família lsa-MIR172 (Figura 20) revelou uma árvore distribuída em sete clados distintos. As sequências de *L. sativa* foram agrupadas exclusivamente dentro das Eudicotiledôneas. Os precursores lsa-MIR172b, lsa-MIR172d, lsa-MIR172h e lsa-MIR172i formaram um agrupamento específico da Asteraceae, enquanto lsa-MIR172a ficou no mesmo subclado que cca-MIR172, lsa-MIR172f e lsa-MIR172g formaram outro subclado característico de Asteraceae, enquanto lsa-MIR172c e lsa-MIR172e agruparam-se em um clado separado próximo a Solanaceae e Rutaceae.

De forma geral, as árvores filogenéticas demonstraram que os miRNAs identificados em *L. sativa* foram predominantemente agrupados dentro dos clados das Eudicotiledôneas, frequentemente formando subclados específicos da família Asteraceae. Destacando uma distribuição evolutiva que está altamente de acordo com a árvore da vida aceita para espécies de plantas (LETUNIC & BORK, 2016).

Figura 20. Árvore filogenéticas das famílias de miRNAs lsa-MIR156, lsa-MIR159, lsa-MIR399, lsa-MIR164 e lsa-MIR167 identificadas em *L. sativa*.

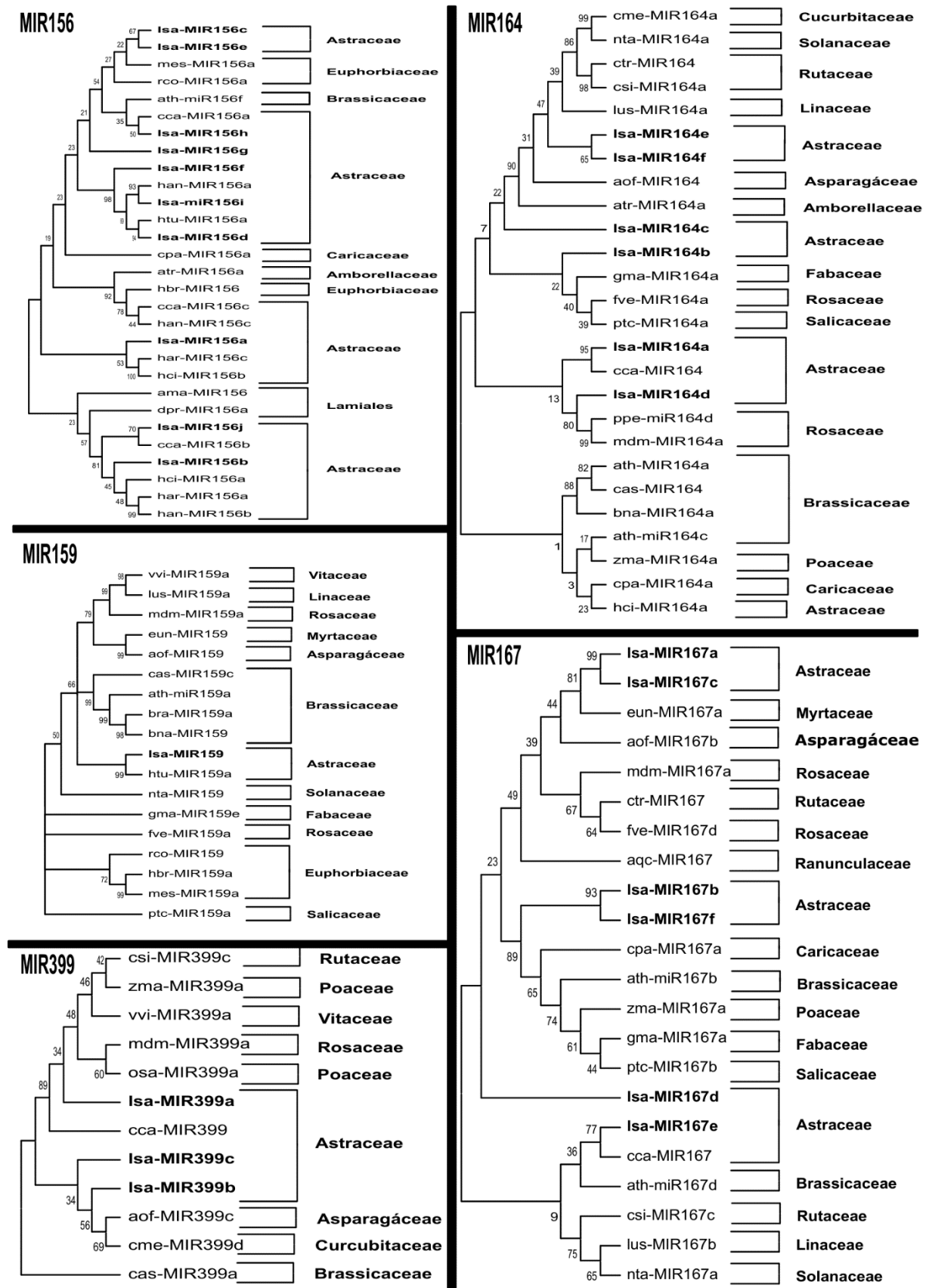
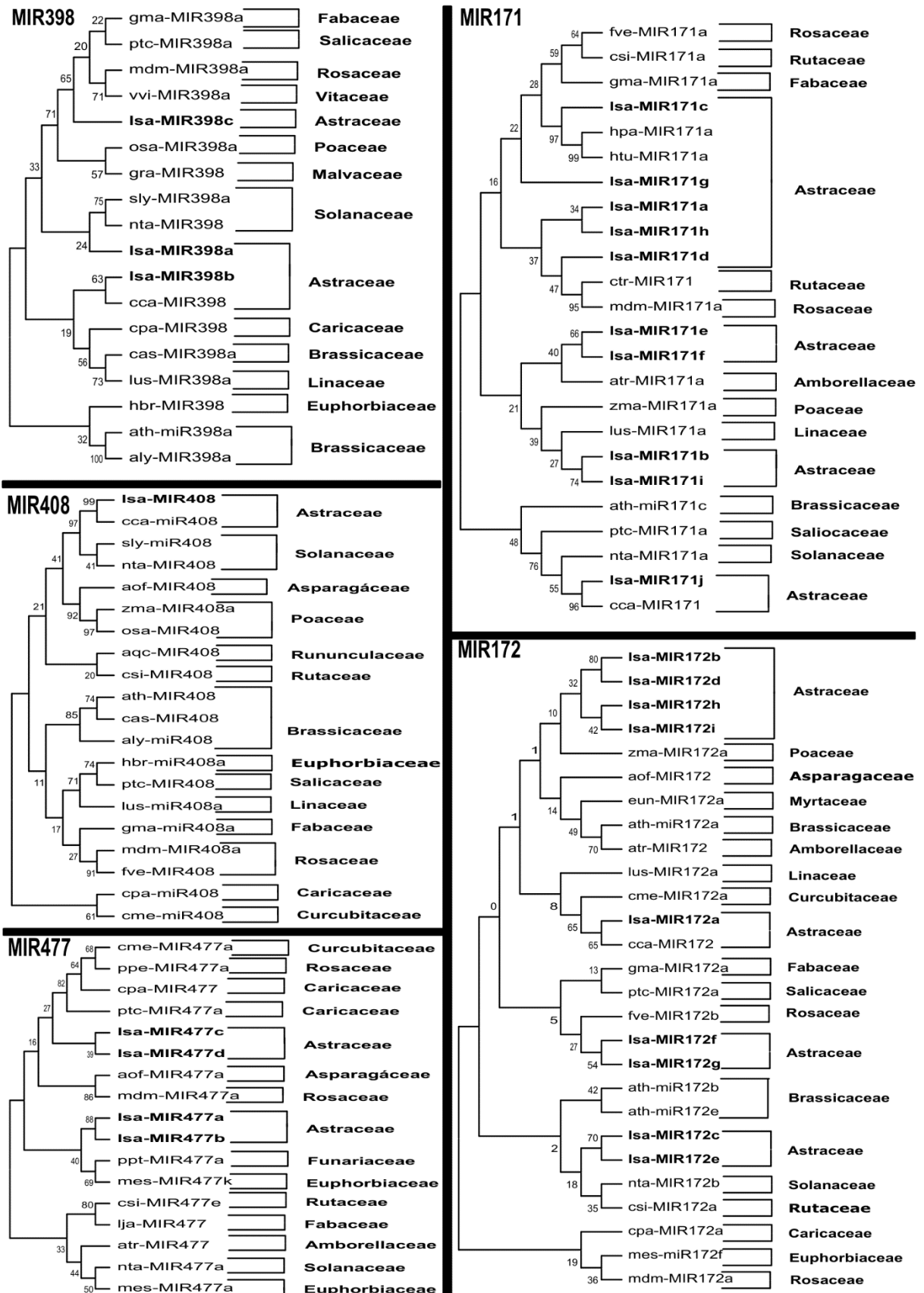


Figura 21. Árvores filogenéticas das famílias de miRNAs lsa-MIR398, lsa-MIR408, lsa-MIR477, lsa-MIR171 e lsa-MIR172 identificadas em *L. sativa*.



5. Conclusão

Este trabalho possibilitou uma identificação e caracterização dos componentes relevantes da via de biogênese e processamento dos microRNAs em modelo *L. sativa* cv. Salinas e *L. sativa* var. angustana, ampliando significativamente o conhecimento molecular disponível para a espécie. A alta conservação estrutural das proteínas centrais, manutenção dos domínios catalíticos e relações filogenéticas consistentes com os ortólogos de outras plantas (AGO, DCL, HYL1, SERRATE, DDL, HEN1, HASTY, CYP40, HSP90, RICE2) foram observadas nas análises. Isto sugere uma forte conservação funcional da via de silenciamento gênico do miRNA em alface. A identificação de 193 sequências de miRNAs maduros e 137 precursores pertencentes a 36 famílias reforçaram a diversidade e importância dos miRNAs na regulação da expressão de genes em *L. sativa*. As estruturas secundárias estáveis e os parâmetros termodinâmicos obtidos suportam a autenticidade de precursores previstos evidenciando a natureza robusta das abordagens bioinformáticas utilizadas. As análises filogenéticas demonstraram elevado grau de conservação evolutiva entre os miRNAs de alface e seus ortólogos em outras plantas. Portanto, espera-se que muitos destes miRNAs tenham seus papéis biológicos como reguladores, conservados no desenvolvimento e nas respostas adaptativas. De forma geral, os resultados obtidos fornecem uma base molecular nova e relevante para futuros estudos envolvendo miRNAs em alface, contribuindo para o avanço do entendimento dos mecanismos de regulação pós-transcricional na espécie. Além disso, esses resultados apresentam potencial aplicação em programas de melhoramento genético e biotecnologia vegetal, especialmente no desenvolvimento de cultivares mais produtivas e tolerantes a estresses bióticos e abióticos.

REFERÊNCIAS

ABCSEM. 2º levantamento de dados socioeconômicos da cadeia produtiva de hortaliças no Brasil: ano base 2012. In: **HORTITEC**, Holambra, 29 maio 2014. p. 1-58. Disponível em: <http://www.abcsem.com.br/>. Acesso em: 25 jul. 2025.

ANUÁRIO BRASILEIRO DE HORTI & FRUTI 2019. **Brazilian Horti & Fruti Yearbook 2019**. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta, 2019. 53 p. Disponível em: <http://www.editoragazeta.com.br/produto/anuario-brasileiro-de-horti-fruti/>. Acesso em: 25 jul. 2025.

BARANAUSKĖ, S.; MICKUTĖ, M.; PLOTNIKOVA, A.; FINKE, A.; VENCLOVAS, Č.; KLIMAŠAUSKAS, S.; VILKAITIS, G. Functional mapping of the plant small RNA methyltransferase: HEN1 physically interacts with HYL1 and DICER-LIKE 1 proteins. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 43, n. 5, p. 2802-2812, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkv102>.

BAROZAI, M. Y.; BALOCH, I. A.; DIN, M. Identification of microRNAs and their targets in *Helianthus*. **Molecular Biology Reports**, v. 39, n. 3, p. 2523-2532, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11033-011-1004-y>.

BARTEL, D. P. MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function. **Cell**, Cambridge, v. 116, n. 2, p. 281-297, 2004. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(04\)00045-5](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(04)00045-5).

BARREDA, V. D. et al. Eocene Patagonia fossils of the daisy family. **Science**, Washington, v. 329, n. 5999, p. 1621, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1193108>.

BERGERAT, A.; DE MASSY, B.; GADELLE, D.; VAROUTAS, P. C.; NICOLAS, A.; FORTERRE, P. An atypical topoisomerase II from Archaea with implications for meiotic recombination. **Nature**, London, v. 386, n. 6623, p. 414-417, 1997. DOI: <https://doi.org/10.1038/386414a0>.

BOLOGNA, N. G.; VOINET, O. The diversity, biogenesis, and activities of endogenous silencing small RNAs in *Arabidopsis*. **Annual Review of Plant Biology**, v. 65, p. 473-503, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050213-035728>.

BUDAK, H.; AKPINAR, B. A. Plant miRNAs: biogenesis, organization and origins. **Functional & Integrative Genomics**, v. 15, p. 523-531, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10142-015-0451-2>.

CAMBIAGNO, D. A. et al. HASTY modulates miRNA biogenesis by linking pri-miRNA transcription and processing. **Molecular Plant**, v. 14, n. 3, p. 426-439, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.12.019>.

CAPELARI, É. F. et al. Circular and micro RNAs from *Arabidopsis thaliana* flowers are simultaneously isolated from AGO-IP libraries. **Plants**, v. 8, n. 9, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants8090302>.

CARDOSO, T. C. S. et al. New insights into tomato microRNAs. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-018-XXXXX>.

CARTHEW, R. W. Gene regulation by microRNAs. **Current Opinion in Genetics & Development**, v. 16, n. 2, p. 203-208, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gde.2006.02.012>.

CASSETARI, L. S. et al. β -Carotene and chlorophyll levels in cultivars and breeding lines of lettuce. **Acta Horticulturae**, v. 1083, p. 469-474, 2015. DOI: <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2015.1083.60>.

BURD, C. G.; DREYFUSS, G. Conserved structures and diversity of functions of RNA-binding proteins. **Science**, Washington, v. 265, n. 5172, p. 615-621, 1994. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.8036511>.

CROOKS, G. E.; HON, G.; CHANDONIA, J. M.; BRENNER, S. E. WebLogo: a sequence logo generator. **Genome Research**, v. 14, n. 6, p. 1188-1190, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1101/gr.849004>.

CHUANG, J. C.; JONES, P. A. Epigenetics and microRNAs. **Pediatric Research**, v. 61, p. 24R-29R, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1203/PDR.0b013e3180457684>.

CUI, J.; YOU, C.; CHEN, X. The evolution of microRNAs in plants. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 35, p. 61-67, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2016.11.006>.

DE OLIVEIRA, C. L. et al. Thermal disruption of the food matrix of biofortified lettuce varieties modifies absorption of carotenoids by Caco-2 cells. **Food Chemistry**, v. 308, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.125443>.

DE PAOLA, D. et al. The miRNAome of globe artichoke: conserved and novel microRNAs and target analysis. **BMC Genomics**, v. 13, art. 41, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-41>.

DE SOUZA GOMES, M. et al. Genome-wide identification of novel microRNAs and their target genes in the human parasite *Schistosoma mansoni*. **Genomics**, v. 98, n. 2, p. 96-111, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2011.05.007>.

DEMPEWOLF, H.; RIESEBERG, L.; CRONK, Q. Crop domestication in the Compositae: a family-wide trait assessment. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 55, p. 1141-1157, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-008-9315-0>.

DENG, Y. et al. Comprehensive annotation and functional exploration of microRNAs in lettuce. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.781836>.

DEXHEIMER, P. J.; COCHELLA, L. MicroRNAs: from mechanism to organism. **Frontiers in Cell and Developmental Biology**, v. 8, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fcell.2020.00409>.

DONG, Z.; HAN, M. H.; FEDOROFF, N. The RNA-binding proteins HYL1 and SE promote accurate in vitro processing of pri-miRNA by DCL1. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 105, p. 9970-9975, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0803356105>.

EARLEY, K. W.; POETHIG, R. S. Binding of the cyclophilin 40 ortholog SQUINT to Hsp90 protein is required for SQUINT function in *Arabidopsis*. **Journal of Biological Chemistry**, v. 286, p. 38184-38189, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1074/jbc.M111.290130>.

FERTET, A. et al. Sequence of the mitochondrial genome of *Lactuca virosa* suggests an unexpected role in *Lactuca sativa* evolution. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.697136>.

FIGUEIREDO, J. E. F.; VASCONCELOS, M. J. V. **Função dos miRNAs na regulação gênica pós-transcricional e perspectivas para o melhoramento de plantas**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2020. 40 p. (Documentos, 249).

FUNK, V. A. et al. Diversity of plants and patterns of complexity: local, regional and global dimensions. In: FRIIS, I.; BALSLEV, H. (ed.). **Plant diversity and complexity patterns: local, regional and global dimensions**. Copenhagen: Royal Danish Academy of Sciences and Letters, 2005. p. 343-374.

GAMBLE, T. R.; VAJDOS, F. F.; YOO, S.; WORTHYLAKE, D. K.; HOUSEWEART, M.; SUNDQUIST, W. I.; HILL, C. P. Crystal structure of human cyclophilin A bound to the amino-terminal domain of HIV-1 capsid. **Cell**, Cambridge, v. 87, n. 7, p. 1285-1294, 1996. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(00\)81823-1](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(00)81823-1).

GRIFFITHS-JONES, S.; GROCOCK, R. J.; VAN DONGEN, S.; BATEMAN, A.; ENRIGHT, A. J. miRBase: microRNA sequences, targets and gene nomenclature. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 34, p. D140-D144, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkj112>.

HA, M.; KIM, V. N. Regulation of microRNA biogenesis. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, London, v. 15, n. 8, p. 509-524, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrm3838>.

HAN, M. H.; GOUD, S.; SONG, L.; FEDOROFF, N. The *Arabidopsis* double-stranded RNA-binding protein HYL1 plays a role in microRNA-mediated gene regulation. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 101, n. 4, p. 1093-1098, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0307969100>.

HAN, Y. et al. Conserved miRNAs and their targets identified in lettuce (*Lactuca*) by EST analysis. **Gene**, v. 463, n. 1-2, p. 1-7, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gene.2010.04.012>.

HENZ, G. P.; SUINAGA, F. A. **Tipos de alface cultivada no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 2009. (Comunicado Técnico).

HUAI, Q.; KIM, H. Y.; LIU, Y.; ZHAO, Y.; MONDRAGON, A.; LIU, J. O.; KE, H. Crystal structure of calcineurin-cyclophilin-cyclosporin shows common but distinct recognition of immunophilin-drug complexes. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 99, n. 19, p. 12037-12042, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.192206699>.

IKI, T.; YOSHIKAWA, M.; MESHI, T.; ISHIKAWA, M. Cyclophilin 40 facilitates HSP90-mediated RISC assembly in plants. **The EMBO Journal**, v. 31, n. 2, p. 267-278, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1038/emboj.2011.395>.

IKI, T.; YOSHIKAWA, M.; NISHIKIORI, M.; JAUDAL, M. C.; MATSUMOTO-YOKOYAMA, E.; MITSUHARA, I.; MESHI, T.; ISHIKAWA, M. In vitro assembly of plant RNA-induced silencing complexes facilitated by molecular chaperone HSP90. **Molecular Cell**, v. 39, n. 2, p. 282-291, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2010.05.014>.

IWATA, Y.; TAKAHASHI, M.; FEDOROFF, N. V.; HAMDAN, S. M. Dissecting the interactions of SERRATE with RNA and DICER-LIKE 1 in *Arabidopsis* microRNA precursor processing. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 41, n. 19, p. 9129-9140, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkt667>.

JL, X. The mechanism of RNase III action: how Dicer dices. In: CULLEN, B. R. (ed.). **Current Topics in Microbiology and Immunology**. Berlin: Springer, 2008. v. 320, p. 99-116. DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-540-75157-1_5.

JUDD, W. S.; CAMPBELL, C. S.; KELLOGG, E. A.; STEVENS, P. F.; DONOGHUE, M. J. **Sistemática vegetal: uma abordagem filogenética**. Porto Alegre: Artmed, 2009.

KAPOOR, M. et al. Genome-wide identification, organization and phylogenetic analysis of Dicer-like, Argonaute and RNA-dependent RNA polymerase gene families and their expression analysis during reproductive development and stress in rice. **BMC Genomics**, v. 9, art. 451, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2164-9-451>.

KESSELI, R. V.; MICHELMORE, R. W. Genome mapping in plants. In: PATTERSON, A. H. (ed.). **Genome Mapping in Plants**. Austin: R. G. Landes, 1997. p. 179-191.

KIM, K. J.; CHOI, K. S.; JANSEN, R. K. Two chloroplast DNA inversions originated simultaneously during the early evolution of the sunflower family (*Asteraceae*). **Molecular Biology and Evolution**, v. 22, n. 9, p. 1783-1792, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msi174>.

KIM, M. J. et al. Nutritional value, bioactive compounds and health benefits of lettuce (*Lactuca sativa*). **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 49, p. 19-34, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jfca.2016.03.004>.

KOZOMARA, A.; BIRGAOANU, M.; GRIFFITHS-JONES, S. miRBase: from microRNA sequences to function. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 47, n. D1, p. D155-D162, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gky1141>.

KRISHNA, P.; GLOOR, G. The Hsp90 family of proteins in *Arabidopsis thaliana*. **Cell Stress & Chaperones**, v. 6, n. 3, p. 238-246, 2001. DOI: [https://doi.org/10.1379/1466-1268\(2001\)006<0238:THFOPI>2.0.CO;2](https://doi.org/10.1379/1466-1268(2001)006<0238:THFOPI>2.0.CO;2).

KUMAR, S. et al. MEGA12: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 12 for adaptive and green computing. **Molecular Biology and Evolution**, v. 41, n. 12, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msae263>.

KURIHARA, Y.; WATANABE, Y. *Arabidopsis* micro-RNA biogenesis through Dicer-like 1 protein functions. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 101, n. 34, p. 12753-12758, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0403115101>.

LARKIN, M. A. et al. Clustal W and Clustal X version 2.0. **Bioinformatics**, Oxford, v. 23, n. 21, p. 2947-2948, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm404>.

LETUNIC, I.; BORK, P. Interactive Tree of Life (iTOL) v3: an online tool for the display and annotation of phylogenetic and other trees. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 44, p. W242-W245, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkw290>.

LIN, H. et al. Residue analysis and dietary exposure risk assessment of tebufenozide in stem lettuce (*Lactuca sativa* var. *angustana* Irish). **Food and Chemical Toxicology**, v. 120, p. 64-70, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fct.2018.06.057>.

LINDQVIST, K. B. On the origin of cultivated lettuce. **Hereditas**, Lund, v. 46, p. 319-350, 1960. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1960.tb03091.x>.

LIU, Q.; FENG, Y.; ZHU, Z. Dicer-like (DCL) proteins in plants. **Functional & Integrative Genomics**, v. 9, n. 3, p. 277-286, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10142-009-0111-5>.

LÓPEZ-GALIANO, M. J. et al. Expression of miR159 is altered in tomato plants undergoing drought stress. **Plants**, v. 8, n. 7, art. 201, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants8070201>.

LÓPEZ-VIRGEN, A. G.; DAUTT-CASTRO, M.; ULLOA-LLANES, L. K.; CASAS-FLORES, S.; CONTRERAS-VERGARA, C. A.; HERNÁNDEZ-OÑATE, M. A.; SOTELO-

MUNDO, R. R.; VÉLEZ-DE LA ROCHA, R.; ISLAS-OSUNA, M. A. Genome-wide identification of gene families related to miRNA biogenesis in *Mangifera indica* L. and their possible role during heat stress. **PeerJ**, v. 12, e17737, 2024. DOI: <https://doi.org/10.7717/peerj.17737>.

LU, C.; FEDOROFF, N. A mutation in the *Arabidopsis* HYL1 gene encoding a dsRNA-binding protein affects responses to abscisic acid, auxin, and cytokinin. **The Plant Cell**, Rockville, v. 12, n. 12, p. 2351-2366, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.12.12.2351>.

LU, C.; KULKARNI, K.; SOURET, F. F.; MUTHUVALLIAPPAN, R.; TEJ, S. S.; POETHIG, R. S.; HENDERSON, I. R.; JACOBSEN, S. E.; WANG, W.; GREEN, P. J.; MEYERS, B. C. MicroRNAs and other small RNAs enriched in the *Arabidopsis* RNA-dependent RNA polymerase-2 mutant. **Genome Research**, v. 16, n. 10, p. 1276-1288, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1101/gr.5530106>.

LU, S.; SUN, Y. H.; SHI, R.; CLARK, C.; LI, L.; CHIANG, V. L. Novel and mechanical stress-responsive microRNAs in *Populus trichocarpa* that are absent from *Arabidopsis*. **The Plant Cell**, Rockville, v. 17, n. 8, p. 2186-2203, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.105.033456>.

MACHIDA, S.; YUAN, Y. A. Crystal structure of *Arabidopsis thaliana* DAWDLE forkhead-associated domain reveals a conserved phosphothreonine recognition cleft for DICER-LIKE 1 binding. **Molecular Plant**, v. 6, n. 4, p. 1290-1300, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1093/mp/sst007>.

MACHIDA, S.; CHEN, H. Y.; YUAN, Y. A. Molecular insights into miRNA processing by *Arabidopsis thaliana* SERRATE. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 39, n. 17, p. 7828-7836, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkr428>.

MALLORY, A.; VAUCHERET, H. Form, function, and regulation of ARGONAUTE proteins. **The Plant Cell**, Rockville, v. 22, n. 12, p. 3879-3889, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.110.080671>.

MARIYAM; SHAFIQ, M.; SADIQ, S.; ALI, Q.; HAIDER, M. S.; HABIB, U.; ALI, D.; SHAHID, M. A. Identification and characterization of glycolate oxidase gene family in garden lettuce (*Lactuca sativa* cv. 'Salinas') and its response under various biotic, abiotic, and developmental stresses. **Scientific Reports**, v. 13, art. 19686, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-023-47180-y>

MARGIS, R. et al. The evolution and diversification of Dicers in plants. **FEBS Letters**, v. 580, n. 10, p. 2442-2450, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.febslet.2006.03.072>.

MICHALSKA, K.; MICHALSKI, O.; STOJAKOWSKA, A. Sesquiterpenoids from roots of *Lactuca sativa* var. *angustana* cv. Grüner Stern. **Phytochemistry Letters**, v. 20, p. 425-428, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.phytol.2016.10.023>.

MILLAR, A. A. The function of miRNAs in plants. **Plants**, v. 9, n. 2, art. 198, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants9020198>.

MILLAR, A. A.; LOHE, A.; WONG, G. Biology and function of miR159 in plants. **Plants**, v. 8, n. 8, art. 255, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants8080255>.

MUELLER, L. A. et al. The SOL Genomics Network: a comparative resource for Solanaceae biology and beyond. **Plant Physiology**, v. 138, n. 3, p. 1310-1317, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.105.060707>.

NAGESHBABU, R.; JYOTHI, M. N.; SHARADAMMA, N.; RAI, D. V.; DEVARAJ, V. R. Computational identification of conserved miRNAs and their potential targets in French bean (*Phaseolus vulgaris*). **Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences**, v. 3, p. 562-568, 2012.

NIE, C. et al. Optimization of water-soluble polysaccharides from stem lettuce by response surface methodology and study on its characterization and bioactivities. **International Journal of Biological Macromolecules**, v. 105, p. 912-923, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2017.07.125>.

NJACI, I. et al. Genome-wide investigation of the role of microRNAs in desiccation tolerance in the resurrection grass *Tripogon loliiformis*. **Plants**, v. 7, n. 3, art. 68, 2018. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants7030068>.

OWENS-GRILLO, J. K.; CZAR, M. J.; HUTCHISON, K. A.; HOFFMANN, K.; PERDEW, G. H.; PRATT, W. B. A model of protein targeting mediated by immunophilins and other proteins that bind to Hsp90 via tetratricopeptide repeat domains. **Journal of Biological Chemistry**, v. 271, n. 23, p. 13468-13475, 1996. DOI: <https://doi.org/10.1074/jbc.271.23.13468>.

PARK, M. Y.; WU, G.; GONZALEZ-SULSER, A.; VAUCHERET, H.; POETHIG, R. S. Nuclear processing and export of microRNAs in *Arabidopsis*. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 102, n. 10, p. 3691-3696, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0405570102>.

PEARL, L. H.; PRODRUMOU, C.; WORKMAN, P. The Hsp90 molecular chaperone: an open and shut case for treatment. **Biochemical Journal**, v. 410, n. 3, p. 439-453, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1042/BJ20071640>.

PEGLER, J. L. et al. Profiling the abiotic stress responsive microRNA landscape of *Arabidopsis thaliana*. **Plants**, v. 8, n. 3, art. 58, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants8030058>.

PERRY, J. J.; YANNONE, S. M.; HOLDEN, L. G.; HITOMI, C.; ASAITHAMBY, A.; HAN, S.; COOPER, P. K.; CHEN, D. J.; TAINER, J. A. WRN exonuclease structure and molecular mechanism imply an editing role in DNA end processing. **Nature Structural & Molecular Biology**, v. 13, p. 414-422, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1038/nsmb1088>.

PRASAD, B. D.; GOEL, S.; KRISHNA, P. In silico identification of carboxylate clamp-type tetratricopeptide repeat proteins in *Arabidopsis* and rice as putative co-chaperones of Hsp90/Hsp70. **PLoS ONE**, v. 5, n. 9, e12761, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0012761>.

PRODRUMOU, C.; ROE, S. M.; O'BRIEN, R.; LADBURY, J. E.; PIPER, P. W.; PEARL, L. H. Identification and structural characterization of the ATP/ADP-binding site in the Hsp90 molecular chaperone. **Cell**, Cambridge, v. 90, n. 1, p. 65-75, 1997. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(00\)80314-1](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(00)80314-1).

QAMBRANI, S. S.; SHAHWANI, M. N.; BALOCH, I. A.; RANA, S. S. A.; ABRO, A. Bioinformatic prediction, annotation and experimental validation of conserved microRNAs in *Lactuca sativa* Linn. **Scientific Reports**, v. 15, art. 29605, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-025-88689-8>.

QUEIROZ, D. A. **Armazenamento de sementes e temperatura de germinação na tolerância à termoinibição em genótipos de alface**. 2017. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017. Disponível em: <http://repositorio.ufla.br/jspui/handle/1/28150>. Acesso em: 25 jul. 2025.

RASIA, R. M.; MATEOS, J.; BOLOGNA, N. G.; BURDISSO, P.; IMBERT, L.; PALATNIK, J. F.; BOISBOUVIER, J. Structure and RNA interactions of the plant microRNA processing-associated protein HYL1. **Biochemistry**, v. 49, n. 38, p. 8237-8239, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1021/bi100672x>.

RATAJCZAK, T.; CARRELLO, A. Cyclophilin 40 (CyP-40): mapping of its Hsp90 binding domain and evidence that FKBP52 competes with CyP-40 for Hsp90 binding. **Journal of Biological Chemistry**, v. 271, n. 6, p. 2961-2965, 1996. DOI: <https://doi.org/10.1074/jbc.271.6.2961>.

REN, G.; YU, B. Critical roles of RNA-binding proteins in miRNA biogenesis in *Arabidopsis*. **RNA Biology**, v. 9, n. 12, p. 1424-1428, 2012. DOI: <https://doi.org/10.4161/rna.22740>.

REYES-CHIN-WO, S. et al. Genome assembly with in vitro proximity ligation data and whole-genome triplication in lettuce. **Nature Communications**, v. 8, art. 14953, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/ncomms14953>.

ROGERS, K.; CHEN, X. Biogenesis, turnover, and mode of action of plant microRNAs. **The Plant Cell**, v. 25, n. 7, p. 2383-2399, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.113.113159>.

ROLNIK, A.; OLAS, B. Plants of the Asteraceae family as agents in the protection of human health. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 22, n. 6, art. 3009, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms22063009>.

SAITOU, N.; NEI, M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. **Molecular Biology and Evolution**, v. 4, n. 4, p. 406-425, 1987. DOI: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>.

SIMKO, I. et al. Identification of QTLs conferring resistance to downy mildew in legacy cultivars of lettuce. **Scientific Reports**, v. 3, art. 2875, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1038/srep02875>.

SINGH, R. K. et al. Molecular evolution and diversification of the Argonaute family of proteins in plants. **BMC Plant Biology**, v. 15, art. 23, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-014-0364-6>.

SMITH, D. W. et al. Crystal structure of the protein from *Arabidopsis thaliana* gene At5g06450, a putative DnaQ-like exonuclease domain-containing protein with homohexameric assembly. **Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics**, v. 81, n. 9, p. 1669-1675, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1002/prot.24315>.

STEVENS, P. F. **Angiosperm Phylogeny Website**. Version 14, July 2017. Disponível em: <http://www.mobot.org/MOBOT/research/APweb/>. Acesso em: 10 ago. 2025.

SUNKAR, R.; CHINNUSAMY, V.; ZHU, J.; ZHU, J. K. Small RNAs as big players in plant abiotic stress responses and nutrient deprivation. **Trends in Plant Science**, v. 12, n. 7, p. 301-309, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2007.05.001>.

TAYLOR, R. S.; TARVER, J. E.; FOROOZANI, A.; DONOGHUE, P. C. J. MicroRNA annotation of plant genomes: do it right or not at all. **BioEssays**, v. 39, n. 2, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1002/bies.201600113>.

TSAI, H. L.; LI, Y. H.; HSIEH, W. P.; LIN, M. C.; AHN, J. H.; WU, S. H. HUA ENHANCER1 is involved in posttranscriptional regulation of positive and negative regulators in *Arabidopsis* photomorphogenesis. **The Plant Cell**, v. 26, n. 7, p. 2858-2872, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.114.126722>.

VOINNET, O. Origin, biogenesis, and activity of plant microRNAs. **Cell**, v. 136, n. 4, p. 669-687, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2009.01.046>.

WU, F.; YU, L.; CAO, W.; MAO, Y.; LIU, Z.; HE, Y. The N-terminal double-stranded RNA-binding domains of *Arabidopsis* HYPONASTIC LEAVES1 are sufficient for pre-microRNA processing. **The Plant Cell**, v. 19, n. 3, p. 914-925, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.106.048637>.

WU, G. A. et al. Sequencing of diverse mandarin, pummelo and orange genomes reveals complex history of admixture during citrus domestication. **Nature Biotechnology**, v. 32, n. 7, p. 656-662, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1038/nbt.2906>.

XIE, M.; ZHANG, S.; YU, B. microRNA biogenesis, degradation and activity in plants. **Cellular and Molecular Life Sciences**, v. 72, n. 1, p. 87-99, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00018-014-1728-7>.

XIE, Z.; ALLEN, E.; FAHLGREN, N.; CALAMAR, A.; GIVAN, S. A.; CARRINGTON, J. C. Expression of *Arabidopsis* MIRNA genes. **Plant Physiology**, v. 138, n. 4, p. 2145-2154, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.105.062943>.

YANG, L.; LIU, Z.; LU, F.; DONG, A.; HUANG, H. SERRATE is a novel nuclear regulator in primary microRNA processing in *Arabidopsis*. **The Plant Journal**, v. 47, n. 6, p. 841-850, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2006.02835.x>.

YANG, S. W.; CHEN, H. Y.; YANG, J.; MACHIDA, S.; CHUA, N. H.; YUAN, Y. A. Structure of *Arabidopsis* HYPONASTIC LEAVES1 and its molecular implications for miRNA processing. **Structure**, v. 18, n. 5, p. 594-605, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.str.2010.02.006>.

YU, B.; YANG, Z.; LI, J.; MINAKHINA, S.; YANG, M.; PADGETT, R. W.; MORDOMO, R.; CHEN, X. Methylation as a crucial step in plant microRNA biogenesis. **Science**, v. 307, n. 5711, p. 932-935, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1107130>.

YU, B.; BI, L.; ZHENG, B.; JI, L.; CHEVALIER, D.; AGARWAL, M.; RAMACHANDRAN, V.; LI, W.; LAGRANGE, T.; WALKER, J. C.; CHEN, X. The FHA domain proteins DAWDLE in *Arabidopsis* and SNIP1 in humans act in small RNA biogenesis. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 105, n. 29, p. 10073-10078, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0804218105>.

HAN, Y.; ZHU, B.; LUAN, F.; ZHU, H.; SHAO, Y.; CHEN, A.; LU, C.; LUO, Y. Conserved miRNAs and their targets identified in lettuce (*Lactuca*) by EST analysis. **Gene**, v. 463, n. 1-2, p. 1-7, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gene.2010.04.012>.

ZHANG, B. H.; PAN, X. P.; COX, S. B.; COBB, G. P.; ANDERSON, T. A. Evidence that miRNAs are different from other RNAs. **Cellular and Molecular Life Sciences**, v. 63, n. 2, p. 246-254, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00018-005-5467-7>.

ZHANG, L. et al. RNA sequencing provides insights into the evolution of lettuce and the regulation of flavonoid biosynthesis. **Nature Communications**, v. 8, art. 2264, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-017-02445-9>.

ZHANG, Z. et al. RISC-interacting clearing 3'-5' exoribonucleases (RICEs) degrade uridylated cleavage fragments to maintain functional RISC in *Arabidopsis thaliana*. **eLife**, v. 6, e24466, 2017. DOI: <https://doi.org/10.7554/eLife.24466>.

APÊNDICE A - Tabela complementar 1

Proteína	RefSeq / ID (NCBI ou Dataset)	Comprimento (aa)	Grupo/Espécie	RefSeq / ID (NCBI ou Dataset) organismo modelo	Comprimento (aa)	Grupo/Espécie	E-value
HYL1	XP_023746586.1	307	<i>L. sativa</i> (Salinas)	OAP12854.1	391	<i>Arabidopsis thaliana</i>	1.00E-72
HYL1	LSA27775	363	<i>L. sativa</i> (Stem)	OAP12854.1	391	<i>Arabidopsis thaliana</i>	2.00E-71
SERRATE	XP_023749844.1	765	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AEC07936.1	720	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
SERRATE	LSA36633	751	<i>L. sativa</i> (Stem)	AEC07936.1	720	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DDL	XP_023748005.1	374	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AEE76394.1	314	<i>Arabidopsis thaliana</i>	3.00E-109
DDL	LSA36633	314	<i>L. sativa</i> (Stem)	AEE76394.1	314	<i>Arabidopsis thaliana</i>	3.00E-64
HEN1	XP_023751672.1	876	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AAL05056.1	962	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HEN1	XP_023751671.1	876	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AAL05056.1	962	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HEN1	XP_023751670.1	876	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AAL05056.1	962	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HEN1	XP_023751669.1	951	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AAL05056.1	962	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HEN1	LSA1487	600	<i>L. sativa</i> (Stem)	AAL05056.1	962	<i>Arabidopsis thaliana</i>	6.00E-127
CYP40	XP_023743292.1	361	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AAK02067.1	361	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
CYP40	XP_023747527.1	362	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AAK02067.1	361	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
CYP40	LSA18846	354	<i>L. sativa</i> (Stem)	AAK02067.1	361	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
CYP40	LSA2966	363	<i>L. sativa</i> (Stem)	AAK02067.1	361	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	XP_023739994.1	698	<i>L. sativa</i> (Salinas)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	XP_023739983.1	698	<i>L. sativa</i> (Salinas)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	XP_023729025.1	704	<i>L. sativa</i> (Salinas)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	XP_023740399.1	704	<i>L. sativa</i> (Salinas)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	XP_042753656.1	818	<i>L. sativa</i> (Salinas)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	XP_023765821.1	819	<i>L. sativa</i> (Salinas)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	XP_023747420.1	794	<i>L. sativa</i> (Salinas)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	XP_023748005.1	794	<i>L. sativa</i> (Salinas)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	LSA34830	698	<i>L. sativa</i> (Stem)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	LSA34839	698	<i>L. sativa</i> (Stem)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	LSA9680	704	<i>L. sativa</i> (Stem)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	LSA28017	704	<i>L. sativa</i> (Stem)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HSP90	LSA10435	844	<i>L. sativa</i> (Stem)	BAB09283.1	699	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
RICE	XP_023753380.1	217	<i>L. sativa</i> (Salinas)	XP_018473463.1	200	<i>Raphanus sativus</i>	2.00E-10
RICE	XP_023753415.1	215	<i>L. sativa</i> (Salinas)	XP_018473463.1	200	<i>Raphanus sativus</i>	2.00E-09
RICE	XP_023753416.1	215	<i>L. sativa</i> (Salinas)	XP_018473463.1	200	<i>Raphanus sativus</i>	1.00E-07
RICE	XP_023753381.1	223	<i>L. sativa</i> (Salinas)	XP_018473463.1	200	<i>Raphanus sativus</i>	2.00E-07
RICE	LSA33929	278	<i>L. sativa</i> (Stem)	XP_013723789.2	234	<i>Brassica napus</i>	5.00E-09
DCL1	XP_023753673.1	1918	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_001184881.1	1906	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL1	LSA35966	1720	<i>L. sativa</i> (Stem)	NP_001184881.1	1906	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL2	XP_042754607.1	1400	<i>L. sativa</i> (Salinas)	OAP03451.1	869	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL2	LSA33662	1351	<i>L. sativa</i> (Stem)	OAP03451.1	869	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL2	LSA14778	1425	<i>L. sativa</i> (Stem)	OAP03451.1	869	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL2	LSA33601	1444	<i>L. sativa</i> (Stem)	OAP03451.1	869	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL2	LSA33654	1328	<i>L. sativa</i> (Stem)	OAP03451.1	869	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL3	XP_023744995.1	1639	<i>L. sativa</i> (Salinas)	OAP05809.1	1578	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL3	XP_023744994.1	1640	<i>L. sativa</i> (Salinas)	OAP05809.1	1578	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL3	XP_042752816.1	1635	<i>L. sativa</i> (Salinas)	OAP05809.1	1578	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL3	XP_023745016.2	1679	<i>L. sativa</i> (Salinas)	OAP05809.1	1578	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0

Proteína	RefSeq / ID (NCBI ou Dataset)	Comprimento (aa)	Grupo/Espécie	RefSeq / ID (NCBI ou Dataset) organismo modelo	Comprimento (aa)	Grupo/Espécie	E-value
DCL3	LSA11605	1612	<i>L. sativa</i> (Stem)	OAP05809.1	1578	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL3	LSA11654	1561	<i>L. sativa</i> (Stem)	OAP05809.1	1578	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL4	XP_023738645.1	1635	<i>L. sativa</i> (Salinas)	OAO90122.1	1703	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
DCL4	LSA6878	1629	<i>L. sativa</i> (Stem)	OAO90122.1	1703	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 1	XP_023739101.1	1103	<i>L. sativa</i> (Salinas)	OAO90122.1	1703	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 1	LSA94	1053	<i>L. sativa</i> (Stem)	OAO90122.1	1703	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 1	XP_023772276.1	1053	<i>L. sativa</i> (Salinas)	OAO90122.1	1703	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 1	XP_023738002.1	982	<i>L. sativa</i> (Salinas)	OAO90122.1	1703	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 1	LSA31342	1064	<i>L. sativa</i> (Stem)	OAO90122.1	1703	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 2	XP_023760572.1	1152	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_174413.2	1014	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 2	LSA23315	1108	<i>L. sativa</i> (Stem)	NP_174413.2	1014	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 2	XP_023760573.1	1015	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_174413.2	1014	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 2	LSA23316	919	<i>L. sativa</i> (Stem)	NP_174413.2	1014	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	XP_023759369.1	903	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	LSA36640	882	<i>L. sativa</i> (Stem)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	XP_023759368.1	903	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	XP_023759367.1	903	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	XP_023759370.1	902	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	XP_042756322.1	903	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	XP_023736132.1	936	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	XP_023761243.1	888	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	XP_023761240.1	900	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	XP_023761239.1	880	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	LSA36639	854	<i>L. sativa</i> (Stem)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	LSA30231	888	<i>L. sativa</i> (Stem)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	LSA30229	928	<i>L. sativa</i> (Stem)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 4	LSA30203	843	<i>L. sativa</i> (Stem)	NP_565633.1	925	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 6	XP_023756421.1	886	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_180853.2	878	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 7	XP_023732389.1	1010	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_180853.2	878	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 7	LSA23444	879	<i>L. sativa</i> (Stem)	NP_180853.2	878	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 10	XP_042753829.1	971	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_180853.2	878	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 10	LSA34617	971	<i>L. sativa</i> (Stem)	NP_180853.2	878	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 10	XP_023756610.1	971	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_180853.2	878	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
Argonaute 10	XP_023756609.1	971	<i>L. sativa</i> (Salinas)	NP_180853.2	878	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HASTY	LSA30214	1141	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AAO34666.1	1202	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HASTY	XP_023761228.1	1141	<i>L. sativa</i> (Stem)	AAO34666.1	1202	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HASTY	XP_023761229.1	1179	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AAO34666.1	1202	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0
HASTY	XP_023761230.1	1032	<i>L. sativa</i> (Salinas)	AAO34666.1	1202	<i>Arabidopsis thaliana</i>	0

APÊNDICE B - Tabela complementar 2

Famil y	Id sequence	Len	Precursor Name	Mature Name	Precursor Orthology name	E-value	Identity Stem-loop %	Len mature miRNA	Number of matches with Orthology miRNA	mature miRNA ortholog	mature miRNA	Start position	End position
miR156	>Salinas_000001_1_30327651..30327830	179	Isa-MIR156a	Isa-miR156a	far-MIR156a	2.4e-6	72.84	20	20	UGACAGAAGAGAGA GAGCAC	UGACAGAAGAGAGA GAGCAC	54	73
	>Salinas_000002_1_88819421..88819510	89	Isa-MIR156b	Isa-miR156b-5p	csi-MIR156b	1.9e-7	78.16	20	20	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	3	22
	>Salinas_R00184_584892_585034	143	Isa-MIR156c	Isa-miR156c-5p	aly-MIR156e	1.2e-18	78.79	20	20	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	25	44
			Isa-MIR156c	Isa-miR156c-3p	aly-MIR156e	6.2e-4	56.80	21	19	GCUCACCCUCUCUC UGUCAGC	GCUCACCCUCUAUC UGUCACC	102	122
	>Salinas_000001_1_31047605..31047702	97	Isa-MIR156d	Isa-miR156d-5p	htu-MIR156a	1.2e-21	94.74	20	20	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	7	26
	>Salinas_000001_1_175902877..175903028	151	Isa-MIR156e	Isa-miR156e-5p	aly-MIR156e	2.6e-14	72.03	20	20	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	31	50
			Isa-MIR156	Isa-miR156e-3p	ata-MIR156e	1.8e-4	62.18	21	19	GCUCACCCUCUCUC UGUCAGC	GCUCACCCUCUGUC UGUCACC	102	122
	>Salinas_R00001_391529_391622	94	Isa-MIR156f	Isa-miR156f-5p	htu-MIR156a	1.4e-17	90.00	20	20	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	6	25
	>Salinas_R00152_1982143_1982242	100	Isa-MIR156g	Isa-miR156g	aly-MIR156c	5.00E-04	68.09	20	19	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	UGACAGAAGAGAGU GAGCAU	12	31
			Isa-MIR156h	Isa-miR156h-5p	aly-MIR156e	3.8e-14	62.91	20	20	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	31	50
miR157	>Salinas_R00184_585079_585261	183	Isa-MIR156h	Isa-miR156h-3p	zma-MIR156b	2.3e-8	55.71	21	20	GCUCACCCUCUAUC UGUCAGU	GCUCACCCUCUAUC UGUCACU	136	156
			Isa-MIR156i	Isa-miR156i-5p	aly-MIR156a	4.7e-11	73.20	20	20	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	15	34
	>Salinas_N00063_132208_132319	112	Isa-MIR156i	Isa-miR156i-3p	aly-MIR156a	4.7e-11	73.20	22	20	GCUCACUGCUCUUU CUGUCAGA	GCUCACUGCUCUAU CUGUCACC	80	101
			Isa-MIR156j	Isa-miR156j	ath-MIR156b	3.1e-8	70.65	20	19	UGACAGAAGAGAGU GAGCAC	UGACAGAAGAGAGU GAGCAU	6	25
	>Salinas_N00258_1895051_1895187	137	Isa-MIR157a	Isa-miR157a	cca-MIR156c	1.8e-18	88.66	21	21	UUGACAGAAGAUAG AGAGCAC	UUGACAGAAGAUAG AGAGCAC	26	46
	>Salinas_000002_1_307184683..307184822	139	Isa-MIR157b	Isa-miR157b	cca-MIR156c	8.5e-18	88.54	21	21	UUGACAGAAGAUAG AGAGCAC	UUGACAGAAGAUAG AGAGCAC	27	47
			Isa-MIR157c	Isa-miR157c-5p	aly-MIR157b	7.7e-9	73.68	21	21	UUGACAGAAGAUAG AGAGCAC	UUGACAGAAGAUAG AGAGCAC	5	25
	>Salinas_000001_1_113207198..113207288	90	Isa-MIR157c	Isa-miR157c-3p	aly-MIR157b	7.7e-9	73.68	22	20	GCUCUCUAAGCUUC UGUCAUCA	GCUCUCUAAGCUUC UGUCAUUA	68	89
			Isa-MIR157d	Isa-miR157d-5p	ath-MIR157a	1.00E-11	81.25	21	20	UUGACAGAAGAUAG AGAGCAC	CUGACAGAAGAUAG AGAGCAC	27	47
	>Salinas_000002_1_13858469..13858606	137	Isa-MIR157d	Isa-miR157d-3p	ath-MIR157a	1.00E-11	81.25	22	19	GCUCUCUAGCCUUC UGUCAUCA	GCUCUCUAGCCUUC UGUCAUUA	92	113
miR159	>Salinas_N00258_1894687_1894789	103	Isa-MIR157e	Isa-miR157e-5p	cca-MIR156c	1.2e-18	88.66	21	21	UUGACAGAAGAUAG AGAGCAC	UUGACAGAAGAUAG AGAGCAC	9	29
			Isa-MIR157e	Isa-miR157e-3p	mtr-MIR156h	4.1e-8	75.28	21	19	GCUCUUUAUUCUUC UGUCAUC	GCUCUUUAUACUUC UGUCAUU	76	96
	>Salinas_N00085_1236576_1236771	196	Isa-MIR159	Isa-miR159-5p	aly-MIR159a	2.5e-17	64.32	21	18	GAGCUCCUUGAAGU UCAAACG	GAGCUCCUUGAAGU CCAAUAG	19	29
			Isa-MIR159	Isa-miR159-3p	aly-MIR159a	2.5e-17	64.32	21	21	UUUGGAUUGAAGGG AGCUCUA	UUUGGAUUGAAGGG AGCUCUA	161	181
	>Salinas_000001_1_87894867..87894952	85	Isa-MIR160a	Isa-miR160a-5p	aly-MIR160a	3.6e-15	90.48	21	21	UGCCUGGCUCCUG UAUGCCA	UGCCUGGCUCCUG UAUGCCA	4	24
			Isa-MIR160a	Isa-miR160a-3p	aly-MIR160a	3.6e-15	90.48	21	20	GCGUAUGAGGAGCC AUGCAUA	GCGUAUGAGGAGCC AAGCAUA	65	85
	>Salinas_000002_1_192332440..192332526	86	Isa-MIR160b	Isa-miR160b-5p	ptc-MIR160c	2.7e-16	91.76	21	21	UGCCUGGCUCCUG UAUGCCA	UGCCUGGCUCCUG UAUGCCA	4	24
			Isa-MIR160b	Isa-miR160b-3p	ptc-MIR160c	2.7e-16	91.76	21	20	GCGUAUGAGGAGCC AUGCAUA	GCGUAUGAGGAGCC AAGCAUA	66	86
	>Salinas_R00010_1283202_1283310	109	Isa-MIR160c	Isa-miR160c	aau-MIR160	3.3e-10	79.01	21	21	UGGCAUACAGGGAG CCAGGCA	UGGCAUACAGGGAG CCAGGCA	74	94
	>Salinas_R00163_256439_	141	Isa-MIR160d	Isa-miR160d	aau-MIR160	2.5e-8	76.83	21	21	UGGCAUACAGGGAG	UGGCAUACAGGGAG	88	108

Famil y	Id sequence	Len	Precursor Name	Mature Name	Precursor Orthology name	E-value	Identity Stem-loop %	Len mature miRNA	Number of matches with Orthology miRNA	mature miRNA ortholog	mature miRNA	Start position	End position
	256579									CCAGGCA	CCAGGCA		
	>Salinas_000001_1_245495230..245495316	86	Isa-MIR160e	Isa-miR160e	cca-MIR160a	1.9e-15	87.21	21	21	UGCCUGGCUCCUG GAUGCCA	UGCCUGGCUCCUG GAUGCCA	2	22
miR162	>Salinas_R00126_294393_294654	262	Isa-MIR162	Isa-miR162	htu-MIR162a	1.00E-06	68.83	21	21	UCGAUAAACCUCUG CAUCCAG	UCGAUAAACCUCUG CAUCCAG	88	108
miR164	>Salinas_R00163_1203929_1204042	114	Isa-MIR164a	Isa-miR164a	cca-MIR164	2.3e-9	76.19	21	21	UGGAGAAGCAGGGU ACGUGCA	UGGAGAAGCAGGGU ACGUGCA	21	41
	>Salinas_000001_1_81853178..81853266	88	Isa-MIR164b	Isa-miR164b-5p	fve-MIR164a	5.9e-9	72.94	21	20	UGGAGAAGCAGGGC ACGUGCA	UGGAGAAGCAGGGU ACGUGCA	10	30
			Isa-MIR164b	Isa-miR164b-3p	fve-MIR164a	5.9e-9	72.94	21	21	CACGUGCUCUUU CUCAC	CACGUGCUCUUU CUCAC	61	81
	>Salinas_000001_1_81853183..81853259	76	Isa-MIR164d	Isa-miR164d	cpa-MIR164d	6.8e-6	76.00	21	21	UGGAGAAGGGGAGC ACGUGCA	UGGAGAAGGGGAGC ACGUGCA	5	25
	>Salinas_000001_1_44003147..44003253	106	Isa-MIR164c	Isa-miR164c	ppe-MIR164d	1.3e-11	74.29	21	20	UGGAGAAGCAGGGC ACAUGCU	UGGAGAAGCAGGGU ACAUGCU	20	40
	>Salinas_R00219_33853_34002	150	Isa-MIR164e	Isa-miR164e	rgl-MIR164	4.3e-13	67.11	21	19	UGGGGAAGAAGAGC ACAUGAA	UGGGGAAGAUGGGC ACAUGAA	19	39
	>Salinas_000002_1_158112560..158112747	187	Isa-MIR164f	Isa-miR164f-5p	csi-MIR164a	2.6e-13	57.43	21	20	UGGAGAAGCAGGGC ACGUGCA	UGGAGAAGCAGGGC ACGUGUA	22	42
			Isa-MIR164f	Isa-miR164f-3p	csi-MIR164a	2.6e-13	57.43	21	20	CAUGUGCCUUCU CCAUC	CAUGUGCCUUCU CCAUC	117	137
miR166	>Salinas_R00210_1517541_1517668	128	Isa-MIR166a	Isa-miR166a-3p	aly-MIR166a	3.2e-7	57.24	21	21	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	101	121
			Isa-MIR166a	Isa-miR166a-5p	aly-MIR166a	3.2e-7	57.24	21	19	GGAUGUUGUCUGG CUCGAGG	GGAUGUUGUCCGG CUCGAUG	10	30
	>Salinas_N00117_89311_89406	96	Isa-MIR166b	Isa-miR166b	mdm-MIR166c	2.00E-09	73.63	21	21	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	70	90
	>Salinas_R00234_1478914_1479096	183	Isa-MIR166c	Isa-miR166c-3p	csi-MIR166a	2.9e-9	58.76	21	21	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	156	176
			Isa-MIR166c	Isa-miR166c-5p	csi-MIR166a	2.9e-9	58.76	21	21	GGAUGUUGUCUGG CUCGAGG	GGAUGUUGUCUGG CUCGAGG	10	40
	>Salinas_N00003_332510_332724	215	Isa-MIR166d	Isa-miR166d-5p	eun-MIR166	4.00E-10	55.14	21	20	GGAUGUUGUCUGG CUCGAGG	GGAUGUUGUCUGG CUCGAGG	20	40
			Isa-MIR166d	Isa-miR166d-3p	eun-MIR166	4e-10	55.14	21	21	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	188	208
	>Salinas_000001_1_209673202..209673298	96	Isa-MIR166e	Isa-miR166e	tcc-MIR166d	3.00E-07	67.05	21	21	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	71	91
	>Salinas_R00190_885231_885352	122	Isa-MIR166f	Isa-miR166f-5p	sly-MIR166c	2.1e-6	53.46	21	19	GGAUGUUGUCUGG CUCGACA	GGAUGUUGGCUUG CUCGAUG	13	33
			Isa-MIR166f	Isa-miR166f-3p	sly-MIR166c	2.1e-6	53.46	21	21	UCGGACCAGGCUUC AUUCCUC	UCGGACCAGGCUUC AUUCCUC	92	112
	>Salinas_N00014_249200_249287	88	Isa-MIR166g	Isa-miR166g	aof-MIR166a	3.00E-08	69.70	21	20	UCUCGGACCAGGCU CAUUCU	UCUCGGACCAGGCU CAUUCU	57	77
	>Salinas_N00055_1012811_1012962	152	Isa-MIR166h	Isa-miR166h	dpr-MIR166a	1.4e-11	65.08	21	20	UCGGACCAGGCUUC AUUCCUC	UCGGACCAGGCUUC AUUCCUU	112	132
	>Salinas_R00011_1564052_1564149	98	Isa-MIR166i	Isa-miR166i-5p	aly-MIR166g	6.5e-3	60.42	21	16	GGAUGUUGUUUGG CUCGAGG	GGAUGUUGCAUGG CUCUAGA	17	37
			Isa-MIR166i	Isa-miR166i-3p	lus-MIR166c	1.2e-5	66.27	21	19	UCGGACCAGGCUUC AUUCCCC	UCGGACCAGGCUUC AUUCCUU	65	85
	>Salinas_000001_1_192076551..192076658	107	Isa-MIR166j	Isa-miR166j	dpr-MIR166a	1.9e-13	75.93	21	20	UCGGACCAGGCUUC AUUCCUC	UCGGACCAGGCUUC AUUCCUU	76	96
miR167	>Salinas_000001_1_9994167..9994299	132	Isa-MIR167a	Isa-miR167a-5p	sly-MIR167a	2.3e-13	70.49	21	21	UGAAGCUGCCAGCA UGAUCUA	UGAAGCUGCCAGCA UGAUCUA	20	40
			Isa-MIR167a	Isa-miR167a-3p	ahy-MIR167	7.8e-7	59.83	21	19	AGAUAUGUGGCAG UUUCACC	AGAUAUGUGGCAU CUUCACC	95	115
	>Salinas_R00013_1458994_1459187	188	Isa-MIR167b	Isa-miR167b	nta-MIR167c	5.4e-7	56.05	22	22	UGAAGCUGCCAGCA UGAUCUGG	UGAAGCUGCCAGCA UGAUCUGG	10	31
	>Salinas_000002_1_134015082..134015338	256	Isa-MIR167c	Isa-miR167c	cca-MIR167	8.2e-12	64.00	22	22	UGAAGCUGCCAGCA UGAUCUGG	UGAAGCUGCCAGCA UGAUCUGG	18	39
	>Salinas_N00078_1560612_1560758	147	Isa-MIR167d	Isa-miR167d	ppe-MIR167a	1.3e-6	67.50	21	21	UGAAGCUGCCAGCA UGAUCUA	UGAAGCUGCCAGCA UGAUCUA	28	48

Famil y	Id sequence	Len	Precursor Name	Mature Name	Precursor Orthology name	E-value	Identity Stem-loop %	Len mature miRNA	Number of matches with Orthology miRNA	mature miRNA ortholog	mature miRNA	Start position	End position
miR168	>Salinas_R00222_1765664_1765835	172	Isa-MIR168a	Isa-miR168a-5p	ath-MIR168	2.00E-11	64.91	21	21	UCGCUUGGUGCAGGUCGGGAA	UCGCUUGGUGCAGGUCGGGAA	22	42
			Isa-MIR168a	Isa-miR168a-3p	sly-MIR168b	1.2e-9	57.95	21	21	CCCGCCUUGCAUCAACUGAAU	CCCGCCUUGCAUCAACUGAAU	176	196
	>Salinas_R00186_569677_569839	163	Isa-MIR168b	Isa-miR168b-5p	ppe-MIR168	1.6e-10	62.87	21	20	UCGCUUGGUGCAGGUCGGGAA	UCGCUUGGUACAGGUCGGGAA	22	42
			Isa-MIR168b	Isa-miR168b-3p	sly-MIR168b	3.9e-9	61.78	21	20	CCCGCCUUGCAUCAACUGAAU	CCCGCCUUGUAUCAACUGAAU	125	145
miR169	>Salinas_R00070_1798409_1798585	177	Isa-MIR169a	Isa-miR169a	ppe-MIR169i	2.7e-18	71.26	22	20	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUGC	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUAA	46	66
	>Salinas_R00070_1812780_1812983	204	Isa-MIR169b	Isa-miR169b	ppe-MIR169i	5.7e-20	72.47	22	20	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUGC	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUAA	60	80
	>Salinas_R00070_1779857_1779932	136	Isa-MIR169c	Isa-miR169c	cca-MIR169b	1.3e-11	79.38	21	20	UAGCCAAGGAUGACUUGCAC	UAGCCAAGGAUGACUUGCCAC	27	47
	>Salinas_R00070_1665957_1666130	174	Isa-MIR169d	Isa-miR169d	ppe-MIR169i	1.4e-16	68.05	21	20	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUGC	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUAA	44	65
	>Salinas_R00199_25362_25491	130	Isa-MIR169e	Isa-miR169e	tcc-MIR169c	3.6e-6	60.83	21	18	CAGCCAAGGAUGACUUGCCGA	UAGCCAAGGACAACUUGCCGA	19	39
	>Salinas_N00051_1071060_1071218	159	Isa-MIR169f	Isa-miR169f	ppe-MIR169c	2.6e-17	68.36	21	21	CAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	CAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	46	66
	>Salinas_N00012_985594_985822	229	Isa-MIR169g	Isa-miR169g	mdm-MIR169m	5.8e-11	59.90	21	20	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUG	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUA	62	82
	>Salinas_000002_1_291125047.291125202	155	Isa-MIR169h	Isa-miR169h-5p	csi-MIR169c	1.1e-14	67.10	20	20	UAGCCAAGGAUGACUUGCCU	UAGCCAAGGAUGACUUGCCU	31	50
			Isa-MIR169h	Isa-miR169h-3p	csi-MIR169l	1.6e-14	68.55	20	19	AGGCAGUCUCCUUGGCUAAC	AGGCAGUCUCUUUGGCUAAC	112	131
	>Salinas_000002_1_134250170.134250344	174	Isa-MIR169i	Isa-miR169i	atr-MIR169a	6.8e-11	66.87	20	20	UAGCCAAGGAUGACUUGCCU	UAGCCAAGGAUGACUUGCCU	36	56
	>Salinas_R00070_1767251_1767427	177	Isa-MIR169j	Isa-miR169j	ppe-MIR169i	3.00E-19	72.46	22	20	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUGC	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUAA	46	66
	>Salinas_000002_1_51772648..51772796	148	Isa-MIR169k	Isa-miR169k-5p	ath-MIR169	1.5e-9	62.25	21	21	CAGCCAAGGAUGACUUGCCGA	CAGCCAAGGAUGACUUGCCGA	37	57
			Isa-MIR169k	Isa-miR169k-3p	aly-MIR169d	2.5e-4	54.62	21	17	GCAAGUUGACCUUGGCUUGU	GCAAGUUGUCCUUGGCUACAU	111	131
	>Salinas_R00070_1741976_1742152	177	Isa-MIR169l	Isa-miR169l	ppe-MIR169h	1.3e-13	65.00	22	19	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUGC	UAGCCAAGGAUGACUUGCCACA	46	67
	>Salinas_R00179_953482_953657	176	Isa-MIR169m	Isa-miR169m-5p	lus-MIR169c	6.7e-17	69.78	21	21	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUG	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUG	41	61
			Isa-MIR169m	Isa-miR169m-3p	csi-MIR169l	1.4e-14	68.15	20	19	AGGCAGUCUCCUUGGCUAAC	AGGCAGUCUCCUUGGCUAAC	116	135
	>Salinas_N00156_214609_214806	198	Isa-MIR169n	Isa-miR169n-5p	ppe-MIR169g	3.4e-20	64.62	21	21	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUGC	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUGC	44	64
			Isa-MIR169n	Isa-miR169n-3p	csi-MIR169d	3.6e-15	64.74	21	19	CAGGCAGUCUCCUUGGCUAAG	CAGGCAGUUUCCUUGGCUAAC	135	155
	>Salinas_N00006_904618_904790	173	Isa-MIR169o	Isa-miR169o-5p	ppe-MIR169i	6.3e-17	67.66	22	17	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUGC	UUGCCAUGAUGACUUGCCUCC	37	58
			Isa-MIR169o	Isa-miR169o-3p	csi-MIR169d	2.4e-13	65.19	21	19	CAGGCAGUCUCCUUGGCUAAG	CAGGCAGUCUCCUUGGCUAAU	118	138
	>Salinas_R00070_1747387_1747590	204	Isa-MIR169p	Isa-miR169p	ghb-MIR169a	1.2e-14	65.75	21	19	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUGC	UAGCCAAGGAUGACUUGCCAC	61	81
	>Salinas_N00180_1490401_1490542	142	Isa-MIR169q	Isa-miR169q	ppe-MIR169l	3.8e-13	69.18	21	20	GAGCCAAGGAUGAAUUGCCGG	AAGCCAAGGAUGAAUUGCCGG	36	56
	>Salinas_R00097_44697_44857	161	Isa-MIR169r	Isa-miR169r	ppe-MIR169i	6.2e-11	64.46	21	19	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUG	UAGCCAAGGAUGAAUUGCCUA	40	60
	>Salinas_000001_1_71814010..71814166	156	Isa-MIR169s	Isa-miR169s	csi-MIR169l	5.7e-14	71.34	22	20	UAGCCAAGGAUGACUUGCCUGA	UAGCCAAGGAUGGCUUGCCUGA	33	54
	>Salinas_R00034_560508_560644	137	Isa-MIR169t	Isa-miR169t	csi-MIR169j	7.4e-7	60.99	20	19	UAGCCAAGGAUGACUUGCCU	UAGCCAAGGAUGACUUGCCG	31	50
miR171	>Salinas_N00127_990745_990860	116	Isa-MIR171g	Isa-miR171g	mes-MIR171a	6.6e-4	65.18	21	18	UUGAGCCGCGUCAAUUUCUC	UUGAGCCGCAUCAAUUUCUCU	80	99
	>Salinas_R00178_1292086_1292234	149	Isa-MIR171i	Isa-miR171i	vvi-MIR171e	5.00E-14	84.95	21	21	UUGAGCCGCGCCAAUAUCACU	UUGAGCCGCGCCAAUAUCACU	95	115

Famil y	Id sequence	Len	Precursor Name	Mature Name	Precursor Orthology name	E-value	Identity Stem-loop %	Len mature miRNA	Number of matches with Orthology miRNA	mature miRNA ortholog	mature miRNA	Start position	End position
	>Salinas_000001_1_155735793..155735886	93	Isa-MIR171c	Isa-miR171c-3p	htu-MIR171a	6.2e-18	89.01	20	20	UGAUUGAGCCGUGC CAAUAU	UGAUUGAGCCGUGC CAAUAU	66	85
			Isa-MIR171c	Isa-miR171c-5p	ath-MIR171c	2.9e-7	71.91	21	19	AGAUUUGGUGCGG UUCAUUC	AGAUUUGGUUCGG UUCAUAU	7	27
	>Salinas_R00058_123319_123434	116	Isa-MIR171d	Isa-miR171d	csi-MIR171c	1.8e-5	66.30	21	21	UGAUUGAGCCGUGC CAAUAUC	UGAUUGAGCCGUGC CAAUAUC	77	97
	>Salinas_N00030_1398307_1398398	92	Isa-MIR171e	Isa-miR171e-3p	ath-MIR171	2.3e-12	80.46	21	21	UGAUUGAGCCGUGC CAAUAUC	UGAUUGAGCCGUGC CAAUAUC	67	87
			Isa-MIR171e	Isa-miR171e-5p	csi-MIR171c	3.1e-11	81.18	21	20	UGUUGGAACGGCUC AAUCAA	UGUUGGAUUGGCUC AAUCAA	8	28
	>Salinas_R00032_835096_835204	109	Isa-MIR171f	Isa-miR171f-3p	tcc-MIR171h	5.4e-12	70.08	21	20	UGAUUGAGCCGUGC CAAUAUC	UGAUUGAGCCGUGC CAAUAUU	71	91
			Isa-MIR171f	Isa-miR171f-5p	csi-MIR171f	6.3e-10	63.91	21	21	UAUUGGCCUGGUUC ACUCAGA	UAUUGGCCUGGUUC ACUCAGA	22	42
	>Salinas_000002_1_92479231..92479329	98	Isa-MIR171a	Isa-miR171a-3p	csi-MIR171i	4.7e-13	78.49	21	21	UGAUUGAGCCGUGC CAAUAUC	UGAUUGAGCCGUGC CAAUAUC	74	94
			Isa-MIR171a	Isa-miR171a-5p	mtr-MIR171e	6.6e-6	70.79	21	19	CGAUGUUGGUGAGG UUCAUUC	AGAUGUUGGUGCGG UUCAUUC	8	28
	>Salinas_N00170_87777_87927	151	Isa-MIR171h	Isa-miR171h	ppe-MIR171e	1.7e-10	76.84	21	20	UUAUUGAACCGGAC CAAUAUC	UUAUUGAACCGAAC CAAUAUC	96	116
miR172	>Salinas_000002_1_84951468..84951569	101	Isa-MIR171b	Isa-miR171b-5p	lja-MIR171d	5.6e-14	81.72	21	21	CGAUGUUGGUGAGG UUCAUUC	CGAUGUUGGUGAGG UUCAUUC	11	31
			Isa-MIR171b	Isa-miR171b-3p	lja-MIR171d	5.6e-14	81.72	21	20	UUGAGCCGCGCCAA UAUCACU	UUGAGCCGUGCCAA UAUCACU	71	91
	>Salinas_N00066_1375453_1375575	123	Isa-MIR171j	Isa-miR171j	csi-MIR171b	1.6e-7	65.60	21	19	CGAGCCGAAUCAU AUCAUCUC	UGAGCCGAACCAAU AUCAUCUC	85	105
	>Salinas_N00074_5486_5600	115	Isa-MIR172a	Isa-miR172a-3p	cca-MIR172	2.3e-16	91.67	21	21	AGAAUCUUGAUGAU GCUGCAU	AGAAUCUUGAUGAU GCUGCAU	76	96
			Isa-MIR172a	Isa-miR172a-5p	aly-MIR172a	4.2e-10	66.39	21	20	GUGGCAUCAUCAAG AUUCACA	GUGGCAUCAUCAAG AUUCACG	22	42
	>Salinas_R00059_1360189_1360337	149	Isa-MIR172b	Isa-miR172b	mtr-MIR172d	1.4e-7	56.55	20	20	AGAAUCUUGAUGAU GCUGCA	AGAAUCUUGAUGAU GCUGCA	120	139
	>Salinas_N00074_215599_215747	149	Isa-MIR172c	Isa-miR172c-3p	ppe-MIR172b	3.9e-7	60.84	21	18	AGAAUCUUGAUGAU GCUGCAU	UGAAUCUUGAAGAU GCUCCAG	120	140
			Isa-MIR172c	Isa-miR172c-5p	lus-MIR172j	3.6e-8	58.54	21	20	GCAGCAUCAUCAAG AUUCCCA	GCAGCAUCAUCAAG AUUCUCA	12	32
	>Salinas_R00042_1009764_1009970	207	Isa-MIR172f	Isa-miR172f	aly-MIR172f	1.8e-6	52.04	21	21	GGAGCAUCAUCAAG AUUCACA	GGAGCAUCAUCAAG AUUCACA	22	42
	>Salinas_000002_1_24394831..24394932	101	Isa-MIR172e	Isa-miR172e	lja-MIR172c	7.1e-9	70.97	20	20	AGAAUCUUGAUGAU GCUGCA	AGAAUCUUGAUGAU GCUGCA	65	85
	>Salinas_N00055_177457_177581	125	Isa-MIR172d	Isa-miR172d	osa-MIR172d	9.6e-12	69.53	21	21	AGAAUCUUGAUGAU GCUGCAU	AGAAUCUUGAUGAU GCUGCAU	86	106
miR211	>Salinas_R00132_1870343_1870457	115	Isa-MIR172g	Isa-miR172g	mes-MIR172c	4.4e-12	63.57	21	20	UGAAUCUUGAUGAU GCUACGC	UGAAUCUUGAUGAU GCCACGC	77	97
	>Salinas_R00163_1698362_1698486	125	Isa-MIR172h	Isa-miR172h	mes-MIR172c	1.2e-7	57.25	21	17	UGAAUCUUGAUGAU GCCGCAC	UGAAUCUUGAAGAU GCCGCAC	87	107
	>Salinas_R00035_1048490_1048630	141	Isa-MIR2111	Isa-miR2111-5p	mdm-MIR2111b	2.00E-10	64.57	21	21	UAAUCUGCAUCCUG AGGUUUA	UAAUCUGCAUCCUG AGGUUUA	25	45
			Isa-MIR2111	Isa-miR2111-3p	gma-MIR2111d	1.4e-7	63.11	21	20	GUCUUGGGAUGCA GAUUACG	GUCUUGGGAUGCA GAUUACU	95	115
	>Salinas_N00016_302267_302372	106	Isa-MIR2275	Isa-miR2275	csi-MIR2275a	6.9e-5	67.96	21	20	UUUAGUUUCCUCCA AUAUCUA	UUUAGUUUCCUCCA AUAUCUA	66	87
	>Salinas_000002_1_145897923..145898100	177	Isa-MIR319a	Isa-miR319a-3p	vvv-MIR319f	4.8e-36	87.43	21	21	UUGGACUGAAGGGA GCUCCCU	UUGGACUGAAGGGA GCUCCCU	156	176
			Isa-MIR319a	Isa-miR319a-5p	mtr-MIR319a	5.8e-30	82.86	21	20	AGAGCUUCCUUCAG UCCACUC	GGAGCUUCCUUCAG UCCACUC	4	24
	>Salinas_000002_1_13536219..13536387	168	Isa-MIR319b	Isa-miR319b-3p	ptc-MIR319a	2.3e-29	81.07	21	21	UUGGACUGAAGGGA GCUCCC	UUGGACUGAAGGGA GCUCCC	149	169
			Isa-MIR319b	Isa-miR319b-5p	mdm-MIR319b	2.3e-29	80.84	20	19	GAGCUUUCUUCAGU CCACUC	GAGCUUUCUUCAGU UCAUUC	4	24
	>Salinas_000002_1_141873431..141873613	182	Isa-MIR319c	Isa-miR319c-3p	ptc-MIR319a	3.7e-36	86.29	21	21	UUGGACUGAAGGGA GCUCCC	UUGGACUGAAGGGA GCUCCC	160	180
miR319	>Salinas_000002_1_145897923..145898100	177	Isa-MIR319a	Isa-miR319a-3p	vvv-MIR319f	4.8e-36	87.43	21	21	UUGGACUGAAGGGA GCUCCCU	UUGGACUGAAGGGA GCUCCCU	156	176
			Isa-MIR319a	Isa-miR319a-5p	mtr-MIR319a	5.8e-30	82.86	21	20	AGAGCUUCCUUCAG UCCACUC	GGAGCUUCCUUCAG UCCACUC	4	24
	>Salinas_000002_1_13536219..13536387	168	Isa-MIR319b	Isa-miR319b-3p	ptc-MIR319a	2.3e-29	81.07	21	21	UUGGACUGAAGGGA GCUCCC	UUGGACUGAAGGGA GCUCCC	149	169
			Isa-MIR319b	Isa-miR319b-5p	mdm-MIR319b	2.3e-29	80.84	20	19	GAGCUUUCUUCAGU CCACUC	GAGCUUUCUUCAGU UCAUUC	4	24

Famil y	Id sequence	Len	Precursor Name	Mature Name	Precursor Orthology name	E-value	Identity Stem-loop %	Len mature miRNA	Number of matches with Orthology miRNA	mature miRNA ortholog	mature miRNA	Start position	End position
			Isa-MIR319c	Isa-miR319c-5p	mes-MIR319b	6.00E-35	86.93	20	20	GAGCUUUUCUUCAGUCCACUC	GAGCUUUUCUUCAGUCCACUC	12	32
	>Salinas_N00048_1474573_1474767	195	Isa-MIR319d	Isa-miR319d-3p	vvi-MIR319c	8.1e-32	83.63	21	21	UUGGACUGAAGGGA GCUCCCU	UUGGACUGAAGGGA GCUCCCU	159	179
			Isa-MIR319d	Isa-miR319d-5p	mdm-MIR319b	2.4e-29	80.00	20	18	GAGCUUUUCUUCAGUCCACUC	GAGCUUUUCUCAAUCCAUC	16	35
	>Salinas_N00018_1293041_1293237	197	Isa-MIR319e	Isa-miR319e-3p	vvi-MIR319b	3.00E-19	70.39	21	21	UUGGACUGAAGGGA GCUCCCU	UUGGACUGAAGGGA GCUCCCU	164	184
			Isa-MIR319e	Isa-miR319e-5p	mtr-MIR319d	1.8e-8	61.83	20	17	AGAGCUCUCUUCAGUCCACUC	GGAGCUCUCUUCAGUCCAGUC	15	34
	>Salinas_000002_1_206450934..206451119	185	Isa-MIR319f	Isa-miR319f	gma-MIR319e	2.3e-26	78.65	21	21	UUGGACUGAAGGGA GCUCCCU	UUGGACUGAAGGGA GCUCCCU	163	183
miR390	>Salinas_000001_1_19714489..19714597	108	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	mtr-MIR319a	5.00E-29	82.56	21	20	AGAGCUUCCUUCAGUCCACUC	GGAGCUUCCUUCAGUCCACUC	4	24
			Isa-MIR319g	Isa-miR319g-3p	ptc-MIR319c	1.9e-34	83.80	20	20	UUGGACUGAAGGGA GCUCCC	UUGGACUGAAGGGA GCUCCC	154	173
	>Salinas_N00150_581340_581444	105	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	cca-MIR390	2.5e-12	81.18	21	20	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGUC	AAGCUCAGGAGGGAUAGCAUC	17	37
			Isa-MIR319g	Isa-miR319g-3p	sly-MIR390a	5.7e-6	63.92	21	17	CGCUAUCCAUCUGAGUUUA	CGCUAUCCAUCUAAGCAUCA	73	93
	>Salinas_N00029_1282473_1282620	148	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	aly-MIR390a	3.6e-3	55.28	20	17	CGCUAUCCAUCUGAGUUUA	CGCUAUCCUCCUGAGCUUUA	105	124
			Isa-MIR319g	Isa-miR319g-3p	ghr-MIR390b	3.7e-9	68.10	21	21	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	21	41
miR393	>Salinas_000001_1_317416784..317416902	118	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	aly-MIR390a	1.3e-8	66.67	21	18	CGCUAUCCAUCUGAGUUUA	CGCUAUCCAUCUUGAGCCUCA	97	117
			Isa-MIR319g	Isa-miR319g-3p	csi-MIR393c	3.8e-12	71.30	21	20	UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUC	UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUC	42	62
	>Salinas_000002_1_18182752..18182275	123	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	csi-MIR393c	3.8e-12	71.30	21	20	AUCAUGCUAUCCCUUUGGAUU	AUCAUGCUAUCCUUUGGAUU	88	108
			Isa-MIR319g	Isa-miR319g-3p	mdm-MIR393f	7.1e-2	80.56	21	18	AUCAUGCGAUCCCUUCCGACG	AUCAUGCGAUCUCUUGGAAG	73	93
	>Salinas_N00126_271720_271812	93	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	gma-MIR393g	1.3e-5	64.71	22	22	UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUC	UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUC	4	25
			Isa-MIR319g	Isa-miR319g-3p	mtr-MIR393b	9.5e-5	58.12	21	17	UUUGGGAUCAUGCUAUCCCUU	AUUGGGGAUCAUGCAUCCUUU	66	86
miR394	>Salinas_000001_1_192294132..192294289	157	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	ppe-MIR394b	5.4e-14	65.81	20	20	UUGGCAUUCUGUCCACCUCC	UUGGCAUUCUGUCCACCUCC	34	53
	>Salinas_N00015_1515697_1515983	287	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	cca-MIR394	1.4e-18	66.37	20	20	UUGGCAUUCUGUCCACCUCC	UUGGCAUUCUGUCCACCUCC	49	68
			Isa-MIR319g	Isa-miR319g-3p	ptc-MIR394b	1.3e-8	91.38	20	19	CUGUUGGUCUCUCUUGUAA	CUGUUGGUAUCUCUUGUAA	245	265
miR395	>Salinas_R00244_1216359_1216458	100	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	vvi-MIR395j	1.6e-10	79.49	21	21	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	64	84
	>Salinas_R00244_1079460_1079559	100	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	vvi-MIR395j	3.9e-11	80.77	21	21	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	64	84
	>Salinas_R00244_1086851_1086950	100	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	vvi-MIR395j	1.1e-11	82.05	21	21	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	64	84
	>Salinas_N00052_744921_745030	110	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	mdm-MIR395f	2.4e-5	61.95	21	18	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UUGAAGUGUUUGAAGGAACUC	80	100
miR396	>Salinas_R00178_1373789_1373916	128	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	cca-MIR396b	6.5e-12	77.98	21	20	UCCACAGCUUUUAUGAACUG	UCCACAGCUUUUAUGAACCG	21	41
	>Salinas_000001_1_206731189..206731339	150	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	cca-MIR396c	9.9e-15	71.11	21	20	UUCAAGAAAGCUGUGGAAAA	UUCAAGAAAGUUGUGGAAAA	111	131
			Isa-MIR319g	Isa-miR319g-3p	cca-MIR396a	2.9e-13	70.54	21	21	UCCACAGCUUUUCUUGAACUU	UCCACAGCUUUUCUUGAACUU	11	31
	>Salinas_N00225_566896_566984	89	Isa-MIR319g	Isa-miR319g-5p	zma-MIR396g	1.7e-3	57.14	21	20	UCCACAGCUUUUAUGAACUG	UCCACAGCUUUUAUGAACCG	2	22

Famil y	Id sequence	Len	Precursor Name	Mature Name	Precursor Orthology name	E-value	Identity Stem-loop %	Len mature miRNA	Number of matches with Orthology miRNA	mature miRNA ortholog	mature miRNA	Start position	End position
	>Salinas_R00131_446709_446822	114	Isa-MIR396d	Isa-miR396d-5p	cca-MIR396b	2.9e-13	73.39	21	20	UCCACAGCUUUUAUUGAACUG	UCCACAGCUUUUAUUGAACAG	21	41
			Isa-MIR396d	Isa-miR396d-3p	vvi-MIR396b	7.2e-2	61.80	21	19	GUUCAAGAAAGCUGUGGAAGA	GUUCAAGAAAGCUGUGGAAGA	76	96
	>Salinas_000001_1_206672193..206672328	135	Isa-MIR396e	Isa-miR396e-3p	gma-MIR396a	2.7e-11	68.84	20	20	UUCAAUAAAGCUGUGGGAAG	UUCAAUAAAGCUGUGGGAAG	83	102
			Isa-MIR396e	Isa-miR396e-5p	amg-MIR396	1.1e-12	65.71	21	21	UCCACAGCUUUCUUGAACUG	UCCACAGCUUUCUUGAACUG	27	47
	>Salinas_000001_1_38334213..38334362	149	Isa-MIR396f	Isa-miR396f-5p	lus-MIR396b	1.3e-12	63.69	21	21	UCCACAGCUUUCUUGAACUU	UCCACAGCUUUCUUGAACUU	25	45
			Isa-MIR396f	Isa-miR396f-3p	gma-MIR396k	3.1e-10	66.67	21	20	GCUCAAGAAAGCUGUGGGAGA	GCUCAAGAAAGCUGUGGGAGG	110	130
	>Salinas_R00131_387681_387822	142	Isa-MIR396g	Isa-miR396g-5p	cca-MIR396a	2.4e-13	70.54	20	20	UCCACAGCUUUCUUGAACUU	UCCACAGCUUUCUUGAACUU	13	33
			Isa-MIR396g	Isa-miR396g-3p	cca-MIR396c	8.2e-15	71.11	21	20	UUCAAGAAAGCUGUGGAAAA	UUCAAGAAAGUUGUGGAAAA	113	133
	>Salinas_000001_1_61642007..61642162	155	Isa-MIR396h	Isa-miR396h	csi-MIR396b	1.3e-10	69.05	21	21	GUUCAAUAAAGCUGUGGGAAG	GUUCAAUAAAGCUGUGGGAAG	89	109
	>Salinas_R00123_1008933_1009059	127	Isa-MIR396i	Isa-miR396i-3p	gma-MIR396a	1.4e-10	65.67	21	21	UUCAAUAAAGCUGUGGGAAG	UUCAAUAAAGCUGUGGGAAG	89	109
			Isa-MIR396i	Isa-miR396i-5p	amg-MIR396	1.2e-11	65.49	21	21	UCCACAGCUUUCUUGAACUG	UCCACAGCUUUCUUGAACUG	16	36
miR397	>Salinas_N00005_1204552_1204651	100	Isa-MIR397a	Isa-miR397a	ppe-MIR397	1.5e-6	73.42	21	21	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAUG	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAUG	17	37
	>Salinas_R00133_1957528_1957627	100	Isa-MIR397b	Isa-miR397b-3p	eun-MIR397b	6.2e-5	55.93	21	20	UACACGCUGCACUCAUGAUG	UACACGCUGCACUCAUGAUG	66	86
			Isa-MIR397b	Isa-miR397b-5p	mdm-MIR397b	1.1e-4	61.39	21	19	UUGAGUGCAGCGUUGAUGAA	UUGAGUGCAGGGUUGACGAAA	20	40
miR398	>Salinas_R00043_1952575_1952653	79	Isa-MIR398a	Isa-miR398a	tcc-MIR398a	3.2e-6	68.13	21	21	UGUGUUCUCAGGUGCCCCUG	UGUGUUCUCAGGUGCCCCUG	56	76
	>Salinas_R00249_187820_188001	182	Isa-MIR398b	Isa-miR398b-3p	mdm-MIR398a	8.3e-6	50.30	21	21	UGUGUUCUCAGGUGACCCCUU	UGUGUUCUCAGGUGACCCCUU	145	165
			Isa-MIR398b	Isa-miR398b-5p	bdi-MIR398b	4.6e-3	43.87	21	18	CAGGAGUGUCACUGAGAACACA	UAGGAGUGACACUAGAACACA	22	42
miR399	>Salinas_N00174_685285_685406	122	Isa-MIR399a	Isa-miR399a-3p	mtr-MIR399a	1.4e-6	63.72	21	21	UGCCAAGGAGAUUUGCCCGAG	UGCCAAGGAGAUUUGCCCGAG	85	105
			Isa-MIR399a	Isa-miR399a-5p	aly-MIR399a	4.3e-5	61.16	22	19	GGGUAAGAUCUCUAUUGGCAGG	GGGUAAGAUCUCCUUGGAAGG	21	40
	>Salinas_N00038_1468795_1468954	160	Isa-MIR399b	Isa-miR399b	aly-MIR399b	1.8e-7	64.14	21	21	UGCCAAGGAGAGUUGCCCGUG	UGCCAAGGAGAGUUGCCCGUG	113	133
miR403	>Salinas_R00083_1831307_1831452	146	Isa-MIR403	Isa-miR403-3p	htu-MIR403d	6.1e-9	61.69	21	21	UUAGAUUCACGCACAACUCUG	UUAGAUUCACGCACAACUCUG	108	128
			Isa-MIR403	Isa-miR403-5p	sly-MIR403	6.5e-7	60.58	21	18	CGUUUGUGCGUGAAGCUAACG	UGUUUGUGCGUGAAGCUAACG	23	43
	>Salinas_N00026_104537_104703	167	Isa-MIR408	Isa-miR408	cca-MIR408	1.00E-14	79.41	21	21	UGCACUGCCUCUUCUUGGCGU	UGCACUGCCUCUUCUUGGCGU	108	128
miR477	>Salinas_000002_1_13961283..13961446	163	Isa-MIR477a	Isa-miR477a	mes-MIR477k	2.9e-5	57.56	21	18	CUCUCCCUCAAGAGCUUCUCA	CUCUCCCUCAAGGGCUUCUAG	20	40
	>Salinas_R00182_1029256_1029373	118	Isa-MIR477b	Isa-miR477b	cme-MIR477b	2.9e-3	61.05	20	19	CUCUCCCUCAAAGGCUUCUG	CUCUCCCUCAAAGACUUCUG	25	44
	>Salinas_R00193_1132955_1133097	143	Isa-MIR477c	Isa-miR477c	csi-MIR477b	1.8e-3	60.71	21	20	CUCUCCCUCAAGGGCUUCUCU	CUCUCCCUCAAGGGCUUCUCA	24	44
	>Salinas_R00182_1029090_1029216	127	Isa-MIR477d	Isa-miR477d	fve-MIR477a	1.6e-4	62.14	21	20	ACUCUCCCUCAAGGCUUCUCU	ACUCUCCCUCAAGGCUUCUCU	20	40
miR482	>Salinas_R00273_1700565_1700676	112	Isa-MIR482	Isa-MIR482	mdm-MIR482a	2.3e-3	55.56	22	18	AGGAAUGGGCUGUUGGGAAGA	UGGAAUGGGUGGUUGGGAAGA	25	46
miR530	>Salinas_R00206_678465_678594	130	Isa-MIR530a	Isa-miR530a	ppe-MIR530	1.4e-6	63.97	21	21	UCUGCAUUUGCACCUGCACCU	UCUGCAUUUGCACCUGCACCU	24	44
	>Salinas_R00028_1754142_1754381	240	Isa-MIR530b	Isa-miR530b	htu-MIR530	3.7e-8	57.69	20	20	UGCAUUUGCACCUGCACCU	UGCAUUUGCACCUGCACCU	43	62

Famil y	Id sequence	Len	Precursor Name	Mature Name	Precursor Orthology name	E-value	Identity Stem-loop %	Len mature miRNA	Number of matches with Orthology miRNA	mature miRNA ortholog	mature miRNA	Start position	End position
miR5 368	>Salinas_R00233_2014130_2014305	176	Isa-MIR5368	Isa-miR5368	gma-MIR5368	9.9e-39	90.00	19	19	GGACAGUCUCAGGU AGACA	GGACAGUCUCAGGU AGACA	153	171
miR5 532	>Salinas_N00185_1096769_1096927	159	Isa-MIR5532	Isa-miR5532	osa-MIR5532	9.7e-1	85.71	22	20	AUGGAAUUAUGAC AAAGGUGG	AUGGAAUUAUGAU AAAAGUGG	124	145
miR5 564	>Salinas_R00250_953971_954053	83	Isa-MIR5564	Isa-miR5564	sbi-MIR5564	3.9e-1	75.68	21	17	AAUUCGUCGAACAG CUGCAGC	AAUUCGUCGAACAG UUUGAGU	25	45
miR6 113	>Salinas_N00080_1116738_1116871	134	Isa-MIR6113	Isa-miR6113	cca-MIR6113	1.00E-04	63.04	22	21	UCUGAAACUCAAGA ACACGUUG	UCUGAAACUCAAGA ACACGUCG	26	47
miR6 275	>Salinas_R00083_690179_690318	140	Isa-MIR6275	Isa-miR6275	ppe-MIR6275	3.7e-7	71.11	22	20	AGUGGAAGUAGCAA GGGAAGC	AGUGGAAGUAGCAA CGAGAAGC	88	109
miR6 478	>Salinas_N00163_783536_783661	126	Isa-MIR6478	Isa-miR6478	ptc-MIR6478	1e-5	64.42	21	19	CCGACCUUAGCUCA GUUGGUG	CCGACCUUAGCUCA GUUGUUA	18	38
miR8 45	>Salinas_N00035_1837391_1837704	314	Isa-MIR845a	Isa-miR845a	aly-MIR845b	5.00E-01	70.49	21	19	UCAAUUGGUAUCAG AGCAACG	UCAAUUGGUAUCAG AGCAAGA	105	125
	>Salinas_R00087_1128044_1128164	121	Isa-MIR845b	Isa-miR845b	vvv-MIR845d	1.1e-1	80.49	21	19	UGGCUCUGAUACCA AUUGAUG	UGGCUCUGAUACCA AUUGUUG	106	126

APÊNDICE C - Tabela complementar 3

Family	Pré-miRNA	Scaffold	Start	End	Len	Strand	Posição	mature miRNA	Start mature position	End mature position				
miR156	Isa-MIR156a	ref NC_056631.3	31547336	31547514	179	-	Intergênico	UGACAGAAGAGAGAGA GCAC	54	73				
	Isa-MIR156b	ref NC_056630.3	96918683	96918771	89	+	Intergênico	UGACAGAAGAGAGUGA GCAC	3	22				
	Isa-MIR156c	ref NC_056629.3	93156983	93157125	143	-	Intergênico	UGACAGAAGAGAGUGA GCAC	25	44				
	Isa-MIR156d	ref NC_056625.3	32523165	32523261	97	-	Intergênico	UGACAGAAGAGAGUGA GCAC	7	26				
	Isa-MIR156e	ref NC_056627.3	198733545	198733695	151	-	Intergênico	UGACAGAAGAGAGUGA GCAC	31	50				
	Isa-MIR156f	ref NC_056625.3	32365233	32365326	94	-	Intergênico	UGACAGAAGAGAGUGA GCAC	6	25				
	Isa-MIR156g	ref NC_056627.3	301454048	301454147	100	-	Intergênico	UGACAGAAGAGAGUGA GCAU	12	31				
	Isa-MIR156h	ref NC_056629.3	93156756	93156938	183	-	Intergênico	UGACAGAAGAGAGUGA GCAC	31	50				
	Isa-MIR156i	ref NC_056628.3	137620697	137620808	112	-	Intergênico	UGACAGAAGAGAGUGA GCAC	15	34				
	Isa-MIR156j	ref NC_056627.3	226115552	226115646	95	-	Intergênico	UGACAGAAGAGAGUGA GCAU	6	25				
miR157	Isa-MIR157a	ref NC_056626.3	334457512	334457648	137	+	Intergênico	UUGACAGAAGAUAGAG AGCAC	26	46				
	Isa-MIR157b	ref NC_056626.3	334457864	334458002	139	+	Intergênico	UUGACAGAAGAUAGAG AGCAC	27	47				
	Isa-MIR157c	ref NC_056625.3	120874312	120874401	90	-	Intergênico	UUGACAGAAGAUAGAG AGCAC	5	25				
	Isa-MIR157d	ref NC_056631.3	61383789	61383925	137	-	Intergênico	CUGACAGAAGAUAGAG AGCAC	27	47				
	Isa-MIR157e	ref NC_056626.3	334457148	334457250	103	+	Intergênico	UUGACAGAAGAUAGAG AGCAC	9	29				
miR159	Isa-MIR159	ref NC_056630.3	163876	164071	196	+	Intergênico	GAGCUCCUUGAAGUCC AAUAG	19	29				
miR160	Isa-MIR160a	ref NC_056631.3	99883867	99883951	85	+	Intergênico	UGCCUGGCUCCUGUA UGCCA	4	24				
	Isa-MIR160b	ref NC_056624.3	209784525	209784610	86	-	Intergênico	UGCCUGGCUCCUGUA UGCCA	4	24				
	Isa-MIR160c	ref NC_056631.3	99883855	99883963	109	-	Intergênico	UGGCAUACAGGGAGCC AGGCA	74	94				
	Isa-MIR160d	ref NC_056624.3	209784500	209784640	141	+	Intergênico	UGGCAUACAGGGAGCC AGGCA	88	108				
	Isa-MIR160e	ref NC_056627.3	273255725	273255810	86	+	Intergênico	UGCCUGGCUCCUGGA UGCCA	2	22				
miR162	Isa-MIR162	ref NC_056623.3	19028860	19029121	262	-	Intergênico	UCGAUAAACCUCUGCA UCCAG	88	108				
miR164	Isa-MIR164a	ref NC_056624.3	208891584	208891697	114	-	Intergênico	UGGAGAAGCAGGGUAC GUGCA	21	41				
	Isa-MIR164b	ref NC_056631.3	228005916	228006003	88	-	Intergênico	UGGAGAAGCAGGGUAC GUGCA	10	30				
	Isa-MIR164c	ref NC_056623.3	46608372	46608477	106	+	Intergênico	UGGAGAAGCAGGGUAC AUGCU	20	40				
	Isa-MIR164d	ref NC_056631.3	228005921	228005996	76	+	Intergênico	UGGAGAAGGGGAGCAC GUGCA	5	25				
	Isa-MIR164e	ref NC_056630.3	169123842	169123991	150	-	Intergênico	UGGGGAAGAUGGGCAC AUGAA	19	39				
	Isa-MIR164f	ref NC_056630.3	169123839	169124025	187	+	Intergênico	UGGAGAAGCAGGGCAC GUGUA	22	42				
miR166	Isa-MIR166a	ref NC_056624.3	235011152	235011279	128	-	Intergênico	UCGGACCAGGCUUCAU UCCCC	101	121				
	Isa-MIR166b	ref NC_056627.3	362429877	362429972	96	+	Intergênico	UCGGACCAGGCUUCAU UCCCC	70	90				

Family	Pré-miRNA	Scaffold	Start	End	Len	Strand	Posição	mature miRNA	Start mature position	End mature position				
	Isa-MIR166c	ref NC_056628.3	146860031	146860213	183	-	Intergênico	UCGGACCAGGCUUCAU UCCCC	156	176				
	Isa-MIR166d	ref NC_056625.3	19625801	19626015	215	+	Intergênico	GGA AUGUUGUCUGGCU CAAGG	20	40				
	Isa-MIR166f	ref NC_056627.3	250836846	250836967	122	-	Intergênico	GGGAUGUUGGCUGGCU CGAUG	13	33				
	Isa-MIR166g	ref NC_056623.3	70098763	70098850	88	+	Intergênico	UCUCGGACCAGGCUUC AUUCU	57	77				
	Isa-MIR166h	ref NC_056629.3	140910425	140910576	152	+	Intergênico	UCGGACCAGGCUUCAU UCCUU	112	132				
	Isa-MIR166i	ref NC_056625.3	59572259	59572356	98	+	Intergênico	GGA AUGUUGCAUGGCU CUAGA	17	37				
	Isa-MIR166j	ref NC_056631.3	217111315	217111421	107	+	Intergênico	UCGGACCAGGCUUCAU UCCUU	76	96				
miR167	Isa-MIR167a	ref NC_056631.3	9650270	9650401	132	+	Intergênico	UGAAGCUGCCAGCAUG AUCUA	20	40				
	Isa-MIR167b	ref NC_056625.3	231797179	231797366	188	+	Intergênico	UGAAGCUGCCAGCAUG AUCUGG	10	31				
	Isa-MIR167c	ref NC_056624.3	148598787	148599042	256	+	Intergênico	UGAAGCUGCCAGCAUG AUCUGG	18	39				
	Isa-MIR167d	ref NC_056631.3	9410772	9410918	147	+	Intergênico	UGAAGCUGCCAGCAUG AUCUA	28	48				
miR168	Isa-MIR168a	ref NC_056625.3	28711235	28711406	172	-	Intergênico	UCGCUUGGUGCAGGUC GGGAA	22	42				
	Isa-MIR168b	ref NC_056628.3	134838692	134838854	163	-	Intergênico	UCGCUUGGUACAGGUC GGGAA	22	42				
miR169	Isa-MIR169a	ref NC_056623.3	76537183	76537359	177	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCUAA	46	66				
	Isa-MIR169b	ref NC_056623.3	76522584	76522787	204	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCUAA	60	80				
	Isa-MIR169c	ref NC_056623.3	76555906	76556041	136	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCAC	27	47				
	Isa-MIR169d	ref NC_056623.3	76675784	76675957	174	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCUAA	44	65				
	Isa-MIR169e	ref NC_056628.3	54195093	54195222	130	-	Intergênico	UAGCCAAGGACAACUU GCCGA	19	39				
	Isa-MIR169f	ref NC_056626.3	394554926	394555084	159	-	Intergênico	CAGCCAAGGAUGACUU GCCGG	46	66				
	Isa-MIR169g	ref NC_056626.3	143641534	143641762	229	+	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCUA	62	82				
	Isa-MIR169h	ref NC_056626.3	323830976	323831130	155	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCU	31	50				
	Isa-MIR169i	ref NC_056626.3	143648830	143649003	174	+	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCU	36	56				
	Isa-MIR169j	ref NC_056623.3	76568531	76568707	177	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCUAA	46	66				
	Isa-MIR169k	ref NC_056628.3	54195077	54195224	148	+	Intergênico	CAGCCAAGGAUGACUU GCCGA	37	57				
	Isa-MIR169l	ref NC_056623.3	76593816	76593992	177	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCACA	46	67				
	Isa-MIR169m	ref NC_056624.3	167083976	167084151	176	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCUG	41	61				
	Isa-MIR169n	ref NC_056626.3	323787865	323788062	198	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCUGC	44	64				
	Isa-MIR169o	ref NC_056625.3	7480966	7481138	173	+	Intergênico	UUGCCAAUGAUGACUU GCCUCC	37	58				
	Isa-MIR169p	ref NC_056623.3	76588336	76588539	204	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCAC	61	81				
	Isa-MIR169q	ref NC_056627.3	210279116	210279257	142	+	Intergênico	AAGCCAAGGAUGAAUU GCCGG	36	56				
	Isa-MIR169r	ref NC_056628.3	58518161	58518321	161	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGAAUU GCCUA	40	60				

Family	Pré-miRNA	Scaffold	Start	End	Len	Strand	Posição	mature miRNA	Start mature position	End mature position				
	Isa-MIR169s	ref NC_056623.3	76594048	76594203	156	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGGCUU GCCUCA	33	54				
	Isa-MIR169t	ref NC_056624.3	173022169	173022305	137	-	Intergênico	UAGCCAAGGAUGACUU GCCG	31	50				
miR17 1	Isa-MIR171a	ref NC_056626.3	99105035	99105132	98	+	Intergênico	UGAUUGAGCCGUGCCA AUAUC	74	94				
	Isa-MIR171b	ref NC_056630.3	91918733	91918833	101	+	Intergênico	CGAUUUGGUGAGGUU CAAUC	11	31				
	Isa-MIR171c	ref NC_056629.3	168131599	168131691	93	-	Intergênico	UGAUUGAGCCGUGCCA AUAU	66	85				
	Isa-MIR171d	ref NC_056631.3	197057462	197057577	116	+	Intergênico	UGAUUGAGCCGUGCCA AUAUC	77	97				
	Isa-MIR171e	ref NC_056627.3	27366572	27366663	92	-	Intergênico	UGAUUGAGCCGUGCCA AUAUC	67	87				
	Isa-MIR171f	ref NC_056626.3	306967947	306968055	109	-	Intergênico	UGAUUGAGCCGUGCCA AUAUU	71	91				
	Isa-MIR171g	ref NC_056631.3	197057462	197057577	116	-	Intergênico	UUGAGCCGCAUCAUA UCUCU	80	99				
	Isa-MIR171h	ref NC_056629.3	168131569	168131719	151	+	Intergênico	UUAUUGAACCGAACCA AUAUC	96	116				
	Isa-MIR171j	ref NC_056631.3	66446513	66446635	123	+	Intergênico	UGAGCCGAACCAUAU CACUC	85	105				
	Isa-MIR172a	ref NC_056623.3	80718421	80718535	115	+	Intergênico	AGAAUCUUGAUGAUGC UGCAU	76	96				
miR17 2	Isa-MIR172b	ref NC_056630.3	20624448	20624596	149	-	Intergênico	AGAAUCUUGAUGAUGC UGCA	120	139				
	Isa-MIR172c	ref NC_056630.3	20624448	20624596	149	+	Intergênico	UGAAUCUUGAAGAUGC UCCAG	120	140				
	Isa-MIR172d	ref NC_056624.3	208392679	208392803	125	+	Intergênico	AGAAUCUUGAUGAUGC UGCAU	86	106				
	Isa-MIR172e	ref NC_056630.3	27849545	27849645	101	-	Intergênico	AGAAUCUUGAUGAUGC UGCA	65	85				
	Isa-MIR172f	ref NC_056624.3	215593969	215594175	207	-	Intergênico	GGAGCAUCAUAAGAU UCACA	22	42				
	Isa-MIR172g	ref NC_056623.3	80718421	80718535	115	-	Intergênico	UGAAUCUUGAUGAUGC CAGGC	77	97				
	Isa-MIR172h	ref NC_056624.3	208392679	208392803	125	-	Intergênico	UGAAUCUUGAAGAUGC CGCAC	87	107				
	Isa-MIR2111	ref NC_056631.3	36286965	36287105	141	-	Intergênico	UAAUCUGCAUCCUGAG GUUUA	25	45				
miR22 75	Isa-MIR2275	ref NC_056631.3	205610898	205611003	106	+	Intergênico	UUUAGUUUCCUCCAUA AUCUCA	66	87				
miR31 9	Isa-MIR319a	ref NC_056630.3	155521954	155522130	177	-	Intergênico	UUGGACUGAAGGGAGC UCCCU	156	176				
	Isa-MIR319b	ref NC_056628.3	14062046	14062213	168	+	Intergênico	UUGGACUGAAGGGAGC UCCC	149	169				
	Isa-MIR319c	ref NC_056628.3	152620994	152621175	182	+	Intergênico	UUGGACUGAAGGGAGC UCCC	160	180				
	Isa-MIR319d	ref NC_056625.3	14500548	14500742	195	+	Intergênico	UUGGACUGAAGGGAGC UCCCU	159	179				
	Isa-MIR319e	ref NC_056630.3	63118870	63119066	197	+	Intergênico	UUGGACUGAAGGGAGC UCCCU	164	184				
	Isa-MIR319f	ref NC_056624.3	224896326	224896510	185	+	Intergênico	UUGGACUGAAGGGAGC UCCCU	163	183				
	Isa-MIR319g	ref NC_056630.3	155521956	155522128	173	-	Intergênico	GGAGCUUCCUUCAGUC CACUC	4	24				
miR39 0	Isa-MIR390a	ref NC_056631.3	19817194	19817301	108	-	Intergênico	AAGCUCAGGAGGGAUA GCGCC	17	37				
	Isa-MIR390b	ref NC_056627.3	312614004	312614108	105	+	Intergênico	AAGCUCAGGAGGGAUA GCAUC	17	37				
	Isa-MIR390c	ref NC_056631.3	19817164	19817311	148	+	Intergênico	CGCUAUCCCUCUGAG CUUUA	105	124				

Family	Pré-miRNA	Scaffold	Start	End	Len	Strand	Posição	mature miRNA	Start mature position	End mature position				
	Isa-MIR390d	ref NC_056627.3	349268505	349268622	118	+	Intergênico	AAGCUCAGGAGGGAUA GCGCC	21	41				
miR39 3	Isa-MIR393a	ref NC_056630.3	19193124	19193246	123	-	Intergênico	UCCAAAGGGAUCGCAU UGAUC	42	62				
miR39 4	Isa-MIR394a	ref NC_056631.3	216606562	216606718	157	-	Intergênico	UUGGCAUUCUGUCCAC CUCC	34	53				
	Isa-MIR394b	ref NC_056631.3	53044870	53045156	287	+	Intergênico	UUGGCAUUCUGUCCAC CUCC	49	68				
miR39 5	Isa-MIR395a	ref NC_056626.3	41943923	41944022	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395a	ref NC_056626.3	42054141	42054240	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42037653	42037752	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	41947890	41947989	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	41953498	41953597	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42182660	42182759	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42104554	42104653	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42075863	42075962	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42043235	42043334	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	41959108	41959207	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	41975941	41976040	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42009602	42009701	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	41970333	41970432	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42048845	42048944	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	41981550	41981649	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	41992764	41992863	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	41998373	41998472	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42003984	42004083	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	41964725	41964824	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42015214	42015313	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42020823	42020922	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42026431	42026530	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395b	ref NC_056626.3	42032042	42032141	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395c	ref NC_056626.3	42175227	42175326	100	-	Intergênico	CUGAAGUGUUUGGGGG AACUC	64	84				
	Isa-MIR395d	ref NC_056630.3	81740515	81740624	110	+	Intergênico	UUGAAGUGUUUGAAGG AACUC	80	100				
miR39 6	Isa-MIR396a	ref NC_056629.3	64207211	64207338	128	+	Intergênico	UCCACAGCUUUAUUG AACCG	21	41				
	Isa-MIR396b	ref NC_056627.3	232162349	232162498	150	-	Intergênico	UUCAAGAAAGUUGUGG GAAAA	111	131				

Family	Pré-miRNA	Scaffold	Start	End	Len	Strand	Posição	mature miRNA	Start mature position	End mature position				
	Isa-MIR396c	ref NC_056630.3	92455463	92455551	89	+	Intergênico	UCCACAGCUUUUUUUG AACCG	2	22				
	Isa-MIR396d	ref NC_056627.3	232103132	232103245	114	-	Intergênico	UCCACAGCUUUUUUUG AACAG	21	41				
	Isa-MIR396e	ref NC_056627.3	232103126	232103260	135	+	Intergênico	UUCAAUAAAGCUGUGG GAAG	83	102				
	Isa-MIR396f	ref NC_056623.3	40504455	40504603	149	-	Intergênico	UCCACAGCUUUUUUUG AACUU	25	45				
	Isa-MIR396g	ref NC_056627.3	232162359	232162500	142	-	Intergênico	UCCACAGCUUUUUUUG AACUU	13	33				
	Isa-MIR396h	ref NC_056629.3	64207183	64207337	155	-	Intergênico	GUUCAUAAAGCUGUG GGAAG	89	109				
	Isa-MIR396i	ref NC_056630.3	92455444	92455570	127	-	Intergênico	UUCAUAAAGCUGUGG GAAG	89	109				
miR397	Isa-MIR397a	ref NC_056631.3	172282764	172282863	100	+	Intergênico	UCAUUGAGUGCAGCGU UGAUG	17	37				
	Isa-MIR397b	ref NC_056631.3	172282764	172282863	100	-	Intergênico	UACACGUCACUCAAA UGACG	66	86				
miR398	Isa-MIR398a	ref NC_056627.3	107760943	107761021	79	-	Intergênico	UGUGUUCUCAGGUCGC CCCUG	56	76				
	Isa-MIR398b	ref NC_056626.3	19322421	19322602	182	-	Intergênico	UGUGUUCUCAGGUCAC CCCUU	145	165				
miR399	Isa-MIR399a	ref NC_056623.3	184287757	184287878	122	+	Intergênico	UGCCAAAGGAGAUUUG CCCAG	85	105				
	Isa-MIR399b	ref NC_056628.3	156019318	156019477	160	+	Intergênico	UGCCAAAGGAGAGUUG CCCUG	113	133				
	Isa-MIR399c	ref NC_056624.3	228892741	228892869	129	-	Intergênico	UGCCAAAGGAGAGUUG CCCUG	100	120				
miR403	Isa-MIR403	ref NC_056631.3	2853444	2853589	146	-	Intergênico	UUAGAUUCACGCACAA ACUCG	108	128				
miR408	Isa-MIR408	ref NC_056623.3	152750903	152751069	167	+	Intergênico	UGCACUGCCUCUCC UGGCU	108	128				
miR477	Isa-MIR477a	ref NC_056628.3	13621858	13622020	163	-	Intergênico	CUCUCCCUAAGGGCU UCUAG	20	40				
	Isa-MIR477b	ref NC_056629.3	2705479	2705596	118	-	Intergênico	CUCUCCCUCAAAGACU UCUG	25	44				
	Isa-MIR477c	ref NC_056625.3	317498043	317498185	143	+	Intergênico	CUCUCCCUAAGGGCU UCUCA	24	44				
	Isa-MIR477d	ref NC_056629.3	2705636	2705762	127	-	Intergênico	ACUCUCCCUAAGGGC UUCUU	20	40				
miR482	Isa-MIR482a	ref NC_056625.3	77766450	77766561	112	-	Intergênico	UGGAAUGGGUGGUUUG GAAAGA	25	46				
miR530	Isa-MIR530a	ref NC_056624.3	203040798	203040672	130	-	Intergênico	UCUGCAUUUGCACCUG CACCU	24	44				
	Isa-MIR530b	ref NC_056623.3	78697626	78697865	240	-	Intergênico	UGCAUUUGCACCUGCA CCUU	43	62				
miR5368	Isa-MIR5368	ref NC_056631.3	225845956	225846131	176	+	Intergênico	GGACAGUCAGGUAG ACA	153	171				
	Isa-MIR5368	ref NC_056629.3	155907148	155907323	176	-	Intergênico	GGACAGUCAGGUAG ACA	153	171				
	Isa-MIR5368	ref NC_007578.1	130504	130679	176	-	Intergênico	GGACAGUCAGGUAG ACA	153	171				
	Isa-MIR5368	ref NC_007578.1	106190	106365	176	+	Intergênico	GGACAGUCAGGUAG ACA	153	171				
	Isa-MIR5368	ref NC_056625.3	182236707	182236882	176	-	Intergênico	GGACAGUCAGGUAG ACA	153	171				
miR5532	Isa-MIR5532	ref NC_007578.1	93570	93728	159	+	Intergênico	AUGGAUAUAUGAUAAA AGUGG	124	145				
	Isa-MIR5532	ref NC_056627.3	82183620	82183778	159	+	Intergênico	AUGGAUAUAUGAUAAA AGUGG	124	145				
	Isa-MIR5532	ref NC_056631.3	76055305	76055463	159	+	Intergênico	AUGGAUAUAUGAUAAA AGUGG	124	145				

Family	Pré-miRNA	Scaffold	Start	End	Len	Strand	Posição	mature miRNA	Start mature position	End mature position				
	Isa-MIR5532	ref NC_056627.3	82104088	82104246	159	-	Intergênico	AUGGAAUUAUGAUAAA AGUGG	124	145				
	Isa-MIR5532	ref NC_056626.3	88606333	88606491	159	+	Intergênico	AUGGAAUUAUGAUAAA AGUGG	124	145				
	Isa-MIR5532	ref NC_056625.3	261182195	261182353	159	+	Intergênico	AUGGAAUUAUGAUAAA AGUGG	124	145				
	Isa-MIR5532	ref NC_007578.1	143141	143299	159	-	Intergênico	AUGGAAUUAUGAUAAA AGUGG	124	145				
	Isa-MIR5532	ref NC_056627.3	82163481	82163639	159	-	Intergênico	AUGGAAUUAUGAUAAA AGUGG	124	145				
miR5564	Isa-MIR5564	ref NC_056627.3	279275861	279275943	83	-	Intergênico	AAUUCGUCGAACAGUU UGAGU	25	45				
miR6113	Isa-MIR6113	ref NC_056631.3	33066743	33066876	134	+	Intergênico	UCUGAAACUCAAGAACA CGUCG	26	47				
miR6275	Isa-MIR6275	ref NC_056625.3	8553812	8553951	140	-	Intergênico	AGUGGAAGUAGCAACG AGAAGC	88	109				
miR6478	Isa-MIR6478	ref NC_056628.3	94203020	94203145	126	+	Intergênico	CCGACCUUAGCUCAGU UGUUA	18	38				
miR845	Isa-MIR845a	ref NC_056626.3	133782259	133782572	314	+	Intergênico	UCAAUUGGUAUCAGAG CAAGA	105	125				
	Isa-MIR845b	ref NC_056630.3	147614965	147615085	121	-	Intergênico	UGGCUCUGAUACCAAU UGUUG	106	126				

APÊNDICE D - Tabela complementar 4

Family	premiRNA	Sequence	Len	G	A	C	U	GC	AU	UA-ratio	GC-ratio	MFE	MFE-ensemble	frequency	diversity	AMFE	MFEI
miR156	>Salinas_000001 - 1_30327651..30327830	UUGAUUAUAGUACUCAUGGCUCAGGG AUUGGUUCCUUGAGCCAGUAUGAGU GAUUUGACAGAAAGAGAGAGACACA GUUGGAGUCCUUGAGGACUCCAUUA AAACACCCUCCUGUGGAGCAUAAG GAGGUGGAUUAUCCAGGUUGCUUU GCCAUGGAAGCGGUGGGAACUUUU CUCGGGC	179	29.050 279329 6089	25.139 664804 4693	19.553 072625 6983	26.256 983240 2235	48.6033519553073	51.3966480446927	1.044444444444444	1.48571428571429	-68	-64.3	0.00123978	26.61	- 37.98882681 56425	- 0.78160 91540 2298
	>Salinas_000002_1_88819421..88819510	UCUGACAGAAGAGAGUGAGCACACG CAGAGGCAAUUGUAUAGAGAGACUA UAUUGGACUUAUUGCGUGUGCUCAC UUCUCUUGCUGUCAG	89	26.966 292134 8315	26.966 292134 8315	19.101 123595 5056	26.966 292134 8315	46.0674157303371	53.9325842696629	1	1.41176470588235	-49.1	-48.7	0.105566	5.98	- 55.16853932 58427	- 1.19756 097560 975
	>Salinas_R00184_584892_585034	GGAAGAUAGAAAGGUAAAGGUGGU GACAGAAGAGAGUGAGCACCCAUUG UCUUUCUUGCAAAUAUCAGUUUAG UAUCAUAUAGCUUUGAAGCUAUGUG UGCUCACCCUUAUCUGUCACCCCU UCUCUCUCUUUAUCUAAU	143	20.979 020979 021	27.272 727272 7273	20.279 720279 7203	31.468 531468 5315	41.2587412587413	58.7412587412587	1.15384615384615	1.03448275862069	-59.3	-59.3	0.0793554	9.52	- 41.46853146 85315	- 1.00508 474576 271
	>Salinas_000001 - 1_31047605..31047702	UAGAGCUGACAGAAGAGAGUGAGCA CACAAAGGCAAUUGUACCAACUG UCCUGUAUGAUUGUUUGGUGUCU CAUGAUCUAUCUGUCAGUUCUU	97	23.711 340206 1856	27.835 051546 3918	18.556 701030 9278	29.896 907216 4948	42.2680412371134	57.7319587628866	1.07407407407407	1.27777777777778	-42.7	-42.2	0.0212939	9.45	- 44.02061855 6701	- 1.04146 341463 414
	>Salinas_000001 - 1_175902877..175903028	GCGGCAUUCUUAJAAAGGUGAAGGGU GGUGGUGACAGAAGAGAGUGAGCA CCCAUGGUCUUUCUGCAAAUJAGUG CCCUUUCUUGUCUUUGAAGCUUAG CGUGCUCACCCUCUGUCUGUACCC CCUGCUAUGUUUUUUCUCCAUCUA UCCA	151	24.503 311258 2781	21.192 052980 1325	24.503 311258 2781	29.801 324503 3113	49.0066225165563	50.9933774834437	1.40625	1	-55.5	-50.8	0.012417	25.14	- 36.75496688 74172	- 0.74999 999999 9999
	>Salinas_R00001_391529_391622	CCGGCUGACAGAAGAGAGUGAGCAC ACAAAGGCAAAUUGUAJAAAAUAGA CGUGUAUGAUUUUUUGUGUGCUC AUGAUCUAUCUGUCAGCUCUC	94	23.404 255319 1489	29.787 234042 5532	17.021 276595 7447	29.787 234042 5532	40.4255319148936	59.5744680851064	1	1.375	-46.2	-46.2	0.279788	2.33	- 49.14893617 02128	- 1.21578 947368 421
	>Salinas_R00152_1982143_1982242	UAUAAUAAGCUGACAGAAGAGAGU GAGCAUCCAUAUUCUCGCAUGAAA GAAAUCAUGCUAUAUAGUAUGCUU CUCUCUAUCUGUCAGCUUUUUUUU	100	17	29	18	36	35	65	1.24137931034483	0.9444444444444444 4	-46.4	-45.7	0.180526	3.36	- 46.4	- 1.32571 428571 428
	>Salinas_R00184_585079_585261	UUAAGAGCGAGAGUGUAAGGGAAG GAGAAGUGACAGAAGAGAGUGAGCA CAGAUGGGCUUUUCUUGCAUGAUU GAGAGAAAGAGAAAGAGAGAGAGCU UAUAUAACAAGGAGUCAUAUGCUUG AAGCUAUGUGUGUCACCCUCUAUC UGUCACUCACCAUCUUAACCCUCU UGCUCUAGU	183	26.229 508196 7213	31.693 989071 0383	17.486 338797 8142	24.590 163934 4262	43.7158469945355	56.2841530054645	0.77586206896551 7	1.5	-77	-68.58	0.00244336	24.27	- 42.07650273 22404	- -0.9625
	>Salinas_N00063_132208_132319	GAGAGAAUAGAGCUGACAGAAGAG AGUGAGCACACAAGGCUAAUUGUA CCGAAGUUAUUGUAUGAUUGUUUJ GGGUGCUCACUGCUCUAUCUGUCA CCUUCAUUUUU	112	23.214 285714 2857	27.678 571428 5714	17.857 142857 1429	31.25	41.0714285714286	58.9285714285714	1.12903225806452	1.3	-43.8	-43.4	0.0105214	10.92	- 39.10714285 71429	- 0.95217 391304 3477
	>Salinas_000001 - 1_201000802..207000897	GAAGCUGACAGAAGAGAGUGAGCAU AUGCAAGCAAUUGUAUAGAGAGGUA UACACUUGUUUCUAUGCGUGUGCU CACUUCUCUUGCUGUCAGCUC	95	25.263 157894 7368	26.315 789473 6842	18.947 368421 0526	29.473 684210 5263	44.2105263157895	55.7894736842105	1.12	1.333333333333333	-53.8	-53.8	0.221777	3.03	- 56.63157894 73684	- 1.28095 238095 238
miR157	>Salinas_N00258_1895051_1895187	ACUAGAGAUAGAGAUUCCUGGAUG UUGACAGAAGAUAGAGAGCACAGAG AGGACAUAGAAGCGCACAAAUACGUA GCACAUCAUUCUUUGUGCUCUUUA UACUUCUGUCAUAUCCUAAAUU CUCAUUCUUA	137	18.978 102189 781	32.116 788321 1679	19.708 029197 0803	29.197 080291 9708	38.6861313868613	61.3138686131387	0.909090909090909 9	0.96296296296296 3	-72.7	-68.5	0.117756	9.62	- 53.06569343 06569	- 1.37169 811320 754
	>Salinas_000002_1_307184683..307184822	AAAUAGAGAAGGUAAUCCGUAGAU GUUGACAGAAGAUAGAGAGCACAGA GAGGACAUAGAAGUGGAUAGAUACAU AACACAUCAUUCUUUGUGCUCUUU AUGCUUCUGUCAUAUCCUAAUUGG UUUCCUCUCAUGUA	139	20.863 308352 518	32.374 100719 4245	16.546 762589 9281	30.215 827338 1295	37.410071942446	62.589928057554	0.933333333333333 3	1.26086956521739	-58	-57.9	0.0615193	7.45	- 41.72661870 5036	- 1.11538 461538 461
	>Salinas_000001 - 1_113207198..113207288	GAUGUUGACAGAAGAUAGAGAGCAC AAAGAAGAAUAGUUGUUUAGAAU ACUUAUACUCCUUGCUGCUCUA UGCUCUGUCAUUAAC	90	20	30	20	30	40	60	1	1	-38.3	-35.7	0.101529	7.31	- 42.55555555 55556	- 1.06388 888888 888
	>Salinas_000002_1_13858469..13858606	AGAGGAUAGAAGGUGUGGUGAUGA UGCUGACAGAAGAUAGAGAGCACAG AUGAUAGAAGUAGCAGUCAAUUGU GCACUUAUCUUCUUGUGCUCUCUA UGCUCUGUCAUUAUAGUAUCUU CUUUCUUCUUU	137	23.357 664233 5766	24.087 591240 8759	16.788 321167 8832	35.766 423357 6642	40.1459854014599	59.8540145985401	1.48484848484849	1.39130434782609	-69	-66.2	0.0720782	8.98	- 50.36496350 36496	- 1.25454 545454 545
	>Salinas_N00258_1894687_1894789	GACGGAUGUUAGCAGAAGAUAGAGA GCACAAAGAGGCAUGAAGUGAACA AAUAUAUACACAUCAUUCUUUGU	103	19.417 475728 1553	33.980 582524 2718	17.475 728155 3398	29.126 213592 233	36.8932038834951	63.1067961165049	0.85714285714285 7	1.111111111111111	-51	-48.6	0.298078	7.75	- 49.51456310 67961	- 1.34210 526315

Family	premiRNA	Sequence	Len	G	A	C	U	GC	AU	UA-ratio	GC-ratio	MFE	MFE-ensemble	frequency	diversity	AMFE	MFEI
	>Salinas_000002_1_158112560..158112747	GAAGAUGUGUGGUGAGCAAGAUGG AGAAAGGCGCACGUGUUAUAUA CUCAUCAUCGCAUCAACGAAAAU GUCGAACGCGAGACUUAUGGUUCU GGAAUUGAGUUGUGUCUUAUGUG CCCAUCUUCGCCCAUCUUGACCACA CACCUUAAUUUUUCUUCAGAUGAAC AGGUUCAUCAUUGCU	187	21.925 133689 8396	27.272 727272 7273	23.529 411764 7059	27.272 727272 7273	45.4545454545455	54.5454545454545	1	0.93181818181818 2	-75.2	-73.3	0.0516415	14.78	-40.21390374 33155	-0.88470 588235 294
	>Salinas_R00210_1517541_1517668	UUUUUGUGGGGAUGUUGUCCGGC UCGAUGUCUACAACCUACAUAUC AUACAUAACAACCAUCGUUAUUU AUAAGUGUGAUGUUGUCUAAUGUC GUCGGACCAGGCUUCAUCCCCUCA AUUU	128	18.75	22.656 25	21.875	36.718 75	40.625	59.375	1.62068965517241	0.85714285714285 7	-48.5	-48.5	0.377208	2.47	-37.890625	-0.93269 230769 2307
	>Salinas_N00117_89311_89406	UGCUAAGGUGAAUGUUGUCUGGCC CAAAAUUCUUAUGAAGAAUCAAU UCAAAUUGAAUUGAAGAAUUCGGA CCAGGCUUCAUCCCCUAAACU	96	17.708 333333 3333	30.208 333333 3333	19.791 666666 6667	32.291 666666 6667	37.5	62.5	1.06896551724138	0.89473684210526 3	-37.7	-37.7	0.512252	3	-39.27083333 33333	-1.04722 222222 222
	>Salinas_R00079_181635_181730	AGUUAAAGGGGAUGAAGCCUGGUC CGAAAUUCUUAUUAUUAUUGAA UCUUGAAUUUCAUGAAAGAUUUUGG CCAGACAACAUUACCCUUAAGCA	96	19.791 666666 6667	32.291 666666 6667	17.708 333333 3333	30.208 333333 3333	37.5	62.5	0.93548387096774 2	1.11764705882353	-43.9	-43.4	0.504137	4.32	-45.72916666 66667	-1.21944 444444 444
	>Salinas_R00234_1478914_1479096	CUUUUGCGGGGAUGUUGUCUGGC UCGAGGCCACUAGAAAACCUCAU AUUAUAUAUAGUGUGUUAUCA UCAUAGUCAACGCAUUGGUUAU UGUUCAUUGUCUUCGUUGACUAGC CACGGUGAUAUAUUAUUCUUAUCU GGUGUCGUCGACGACGCUUCAU CCCCCAACUG	183	21.311 475409 8361	22.950 819672 1311	22.404 371584 6995	33.333 333333 3333	43.7158469945355	56.2841530054645	1.45238095238095	0.95121951219512 2	-71.3	-68.9	0.00792919	15.22	-38.96174863 38798	-0.89125
	>Salinas_N00003_332510_332724	CUUUUGAGGGGAUGUUGUCUGGC UCAAGGCCACAAGAAAGCUCGAAUC UAUCUUUCUUAUUAUACGUAUA CAUGUGUGAUAAGAUAUCCAGUU UUUGAAUGGAUUGAGCCUCAAAUG UCUCUGAUGAUUAGUGAUAUUAUG UAGUGUCAAAACCAUUCUUGAUC GGUUCUGGUGUCGUCGACGAGGC UUCAUCCCCUCAAUUG	215	21.395 348837 2093	25.581 395348 8372	19.534 883720 9302	33.488 372093 0233	40.9302325581395	59.0697674418605	1.30909090909091	1.0952380952381	-74.1	-59.2	0.00270287	48.11	-34.46511627 90698	-0.84204 545454 5455
miR166	>Salinas_000001_1_209673202..209673298	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN NNUGCUGUUGGUCGGAUAUCGU UUGAAUUGAAUUAUUAUUAUCGCG ACCAGGCUUCAUCCCCUAAAC	96	13.541 666666 6667	13.541 666666 6667	18.75	26.041 666666 6667	32.2916666666667	39.5833333333333	1.92307692307692	0.72222222222222 2	-24.1	-24.1	0.332177	2.33	-25.10416666 66667	-0.77741 935483 8708
	>Salinas_R00190_885231_885352	AGUGGUUUGUGGGGAUGUUGGCU GGCUGGAUGCAUUAUUAUUAUUGA UUAUUAUGAAUUGCAGCAAUUUCU CGUAUAAGAUGACAACUCCGACCA GGCUUCAUCCUCUCAAACCCCC	122	22.131 147540 9836	22.131 147540 9836	22.950 819672 1311	32.786 885245 9016	45.0819672131148	54.9180327868852	1.48148148148148	0.96428571428571 4	-46.6	-43.2	0.118469	5.59	-38.19672131 14754	-0.84727 272727 2726
	>Salinas_N00014_249200_249287	UGGAGUUGUUGGAAUGAAGUUUG UUCCAAAGAUUUUUUUGGGUGUUA AGAGGGAUUCGCGACGAGGCUUCA UUCUUGACAAUCGUC	88	27.272 727272 7273	20.454 545454 5455	15.909 090909 0909	36.363 636363 6364	43.1818181818182	56.8181818181818	1.77777777777778	1.71428571428571	-44.8	-44.8	0.673314	1.36	-50.90909090 90909	-1.17894 736842 105
	>Salinas_N00055_1012811_1012962	AAGAUACAAGCAGUGGUUUGUGGG GGAUGUUGGUGGUCUGCAUGCAU CACUUGCAGGAGAAAAACUCCGCU CACUUUCACUAUAAAUUUCUGCAGA AAUUGUGACGGCAUCGCGACGAGCU UCAUUCUUUCAAAACCCUUGCUA UAAU	152	22.368 421052 6316	26.973 684210 5263	22.368 421052 6316	28.289 473684 2105	44.7368421052632	55.2631578947368	1.04878048780488	1	-55.1	-51.7	0.0185218	15.08	-36.25	-0.81029 411764 7058
	>Salinas_R00011_1564052_1564149	AGACAAUAAGAAGGAAGGAUUGU CAUGGUCUAGAGCUUGCAAAUUAAC UACUUGCAGACUUCGCGACGAGCG UUCAUUCUUCAACUUUUGCUU	98	20.408 163265 3061	28.571 428571 4286	20.408 163265 3061	30.612 244897 9592	40.8163265306122	59.1836734693878	1.07142857142857	1	-36.5	-35.8	0.149584	5.21	-37.24489795 91837	-0.91250 000000 0001
	>Salinas_000001_1_192076551..192076658	AGUGGUUUGUGAGGGGAUGUUGGCU GGCUGGUGCAUUAUUAUUAUUAU CGAUUUCGCUAAAGGUGAUGGCG AUCGCGACGAGGCUUCAUCCUUUCA AAUCCUUU	107	26.168 224299 0654	20.560 747663 5514	18.691 588785 0467	34.579 439252 3364	44.8598130841121	55.1401869158879	1.68181818181818	1.4	-52.4	-48.3	0.055383	6.22	-48.97196261 68224	-1.09166 666666 666
miR167	>Salinas_R00071_1359864_1359999	GCCCGUGAGGCACAUAACAGGUGA AGAUGCCACAUGAUCUGAUCUUUUC UUUGAUUUUUGAUUAUAGAUUAUAA UUUGAUUUCAAGAAAGUUUAGAU CAUCUGGACGCUUCAUUAUUAU GCUUACCGAUU	136	18.382 352941 1765	28.676 470588 2353	17.647 058823 5294	35.294 117647 0588	36.0294117647059	63.9705882352941	1.23076923076923	1.04166666666667	-64	-64	0.0660954	5.23	-47.05882352 94118	-1.30612 244897 959
	>Salinas_R00071_1601421_1601567	UUUUGUUGAUUCAAAAUAAGUAA AAAGUGAAGCCGACCGCAUGACCUA GCCACGGAUUCUUUAACUUUAUGA GUUAAGUCAUCAAAAGAGUGGCU AGAUCAGUCUGGACGCUUACCUUU UCCUUCAGUUUGAUCACCAUGU	147	19.047 619047 619	29.931 972789 1156	19.727 891156 4626	31.292 517006 8027	38.7755102040816	61.2244897959184	1.04545454545455	0.96551724137931	-49.3	-47.6	0.0504991	11.22	-33.53741496 59864	-0.86491 228070 1755
	>Salinas_000001_1_9994167..9994299	AUCGUGAAGCAAUUAUGAUGAAGC UGCCAGCAUGAUCUAAACUUUUCU GAAUUCGAAUUAGAUUCUAAUUA	132	16.666 666666 6667	35.606 060606 0606	18.181 818181 8182	29.545 454545 4545	34.8484848484848	65.1515151515152	0.82978723404255 3	0.91666666666666 6	-49.3	-49.3	0.0723029	6.41	-37.34848484 84849	-1.07173 913043

Family	premiRNA	Sequence	Len	G	A	C	U	GC	AU	UA-ratio	GC-ratio	MFE	MFE-ensemble	frequency	diversity	AMFE	MFEI
		CAAAAUCAAAGAAAAGAUCAAGAUCAU GUGCAUCUUCACCCUGUUAUUGUG CCUCAG															478
	>Salinas_R00013_1458994_1459181	CUAAGAGAUUGAAGCUGCCAGCAUG AUCUGGUAUCUUAACCAUUCCAUA UGUUCUUUAUGUUAUUGAGUAU UCUGUCUGGUGUAUUCUGUAU AUGAGUAUAUAUACAUAAGAU GACUACACUUAUUAAGAUAGA UAUGGUUAUACAGUACUUGCAG CUUCAUACUCAU	188	18.617 021276 5957	29.255 319148 9362	14.893 617021 2766	37.234 042553 1915	33.5106382978723	66.4893617021277	1.27272727272727	1.25	-66.4	-62.1	0.00224989	24.79	-35.31914893 61702	-1.05396 825396 825
	>Salinas_000002_1_134015082..134015338	AUGUUGGUUUGAGAGAUUGAAGCU GCCAGCAUGAUCUGGAAGUGCCAAA CCGUGUCUCUUUUUGUGCUUGUG CUAUAUAUAUAGAUAUUAUAGGC UAGAUAUAUAUAGUUCAGUUGUCU UUUUGUGGGUUAUUAACUGUUGU UAAUAUAUAUGUUAUAGGGUAGG GUAAGGGGAGGAUAUUAACAGGUC AUCCUUGCAGCUUCAUACUCAUG CCCAACAAUUUUAUACAGAGGAA ACAUGAAGA	256	23.828 125	26.562 5	14.062 5	35.546 875	37.890625	62.109375	1.33823529411765	1.69444444444444	-75.1	-60.29	9.84E-05	58.17	-29.3359375	-0.77422 680412 3711
	>Salinas_N00078_1560612_1560758	ACAUGGUGAUCAAAACUGAAGGAAAA GGUAGAGCUGCCAGCAUGAUCUAG CCACUUAUUUGAUCUGCAUUAACU AUAAGGUUAAAAGAACCGUGGCUA GGUCAUGCGGUCGGCUACUUUU UACUUUAUUUUGAAUUCACAAAA	147	19.727 891156 4626	31.292 517006 8027	19.047 619047 619	29.931 972789 1156	38.7755102040816	61.2244897959184	0.95652173913043 5	1.03571428571429	-65.9	-63.2	0.0648489	10.19	-44.82993197 27891	-1.15614 035087 719
miR168	>Salinas_R00222_1765664_1765835	UCGUUACGGCGGUUUUCUGAUUUG CUUGGUGCAGGUGCGGAACGGUUAU CGCGCGCGGAUCGUUUUUGCGCG UUGUACUCUACGGAGUACUCCGAAA UGUUGUGAGGGAGAAUUAUUCGG UGAACCGCGGUCGCCGUUGCAUC AACUGAAUCGGAACCGUCGUGAAU GU	172	30.813 953488 3721	18.023 255813 9535	23.255 813953 4884	27.906 976744 186	54.0697674418605	45.9302325581395	1.54838709677419	1.325	-84.8	-80.8	0.00415889	16.65	-49.30232558 13954	-0.91182 795698 9246
	>Salinas_R00186_569677_569839	UUCUCACGGCGGUUUUCUGAUUUG CUUGGUACAGGUGCGGAACGGCUU CGCGCGCGAUCUGAUGUUAUUCG UUUUUGCAUCUCAGUCGAAGGUGAA AUCAAUCGUUAUUCGGUUAUACCG AUCCCGCUUGUAUACACUGAAUUG GAAACCGCUGUGAAUU	163	25.153 374233 1288	19.018 404907 9755	23.312 883435 5828	32.515 337423 3129	48.4662576687116	51.5337423312884	1.70967741935484	1.07894736842105	-75.2	-73.8	0.0148682	14.92	-46.13496932 51534	-0.95189 873417 7216
miR169	>Salinas_R00070_1798409_1798585	UAUGAAGAGAGGUUCUUACAUGGAG AGAAGAGUACUCUUGUUGGUAGCC AAGCAUGACUUGCCUAAAAUACCU CAAUUAGGUUUGGAAAGUAACACC UUAUUUGGUUUAUACAGGCAGUCACU CCAUGGCUAACUAGACAGACUUCU UUCUCAUGUUAAGGUACUCUUCUCC UC	177	20.903 954802 2599	26.553 672316 3842	20.903 954802 2599	31.638 418079 096	41.8079096045198	58.1920903954802	1.19148936170213	1	-73.4	-71.8	0.00568928	11.7	-41.46892655 36723	-0.99189 189189 1891
	>Salinas_R00070_1812780_1812983	AUUUGAUAGAGAAUAUGAAGAGAG GUUCUUAUUGGAGAGAAAGAUACC CUUGUUGGUAGCCAAAGGAUACU UGCCUAAAAUACCUCAAUUAGGUG UUGGAAAGUAACACCUUAUUGGUU CAUCAGGCAGUCACUCCAUGGCUAA CUUGACAGACUCUUCUUGCUCAUGC UAGAUCAUUCUUCUACUUCUAAU CAGGA	204	21.078 431372 549	29.411 764705 8824	19.117 647058 8235	30.392 156862 7451	40.1960784313725	59.8039215686275	1.03333333333333	1.1025641025641	-77.5	-70.1	0.00317573	15.1	-37.99019607 84314	-0.94512 195121 9513
	>Salinas_R00070_1779857_1779992	AUGAAGAGAAUAGCACUUUGUUUUG GUAGCCAAGGAUGACUUGCCACAAG CCAUAUGAUUGGUAGCAAGGAAUG CCGGUUUGCUUGGUUAUUGGCA GUCACGCCUUGGCUAACCAACAUG CUCUUCUUUCUC	136	25	24.264 705882 3529	21.323 529411 7647	29.411 764705 8824	46.3235294117647	53.6764705882353	1.21212121212121	1.17241379310345	-53.6	-48.6	0.00444899	17.5	-39.41176470 58824	-0.85079 365079 365
	>Salinas_R00070_1665957_1666130	UAUCAAGAGAGGUUCUACAUGGAA AAGAGUACUUAUGUUUGUAAGCAAA GGAUGACUUGCCUUAUACACACCUCA AUUAGGUGUUGGAAAGUAACACCUUC CUUUGGUUAUACAGGUGUACAUCC UUGGCUAACCGACAGGCUUCUUCU UCUCAUGUUAAGGUACUUCUUCUUC	174	20.689 655172 4138	23.563 218390 8046	21.839 080459 7701	33.908 045977 0115	42.5287356321839	57.4712643678161	1.4390243902439	0.94736842105263 2	-70	-64	0.00764154	20.55	-40.22988505 74713	-0.94594 594594 5946
	>Salinas_R00199_25362_25491	GAAGCAGAAAGGAUGUAGCCAA GGCAACUUGCCGAUUGGAUUAUCC AUGCAUUGGCAUUGCAUUGCAUAG GUCAUUAUUGGUGUCGCGCAAGUCA UCCUUGGCGUCAUCCCAUUUUUCU GCGGC	130	26.153 846153 8462	26.923 076923 0769	23.076 923076 9231	23.846 153846 1538	49.2307692307692	50.7692307692308	0.88571428571428 6	1.13333333333333	-63.4	-50.52	0.0230012	22.71	-48.76923076 92308	-0.99062 5
	>Salinas_N00051_1071060_1071218	GUUUAUCUAAAAUUCUGCAUGUGG GAAUGAGGUUUUACGUGGUCCAGC CAAGGAGUACUUGCCGGAACCAUCUG UACUUAUUUGGUGGCGGCAUAGC GGCAAGUCCUUUUCGGCUAGACU ACUUCUCUAUUUCUCAUGCUAGAU UUUUGAUAUA	159	23.270 440251 5723	22.641 509433 9623	18.867 924528 3019	35.220 125786 1635	42.1383647798742	57.8616352201258	1.55555555555556	1.23333333333333	-75.4	-75.4	0.27286	4.22	-47.42138364 77987	-1.12537 313432 835

Family	premiRNA	Sequence	Len	G	A	C	U	GC	AU	UA-ratio	GC-ratio	MFE	MFE-ensemble	frequency	diversity	AMFE	MFEI
	>Salinas_N00012_985594_985822	AUGAGGGAUGGAAAAACUUAAGGAA GAAAGGUCUUCUUAUGAAGAUUUAAG AGCUAUUUUGGAUAGCCAAGGAUGAC UUGCCUAAAAUCCAUAAAAUAAUAG AUUUAUUGAUUUGACUUAUAGCAAUU AACAAACCUAUUAAUAGGUUCUCUAG GAAGUCGCUUUUGGCUCUUAUUGAAA CGCUCUUAUCUUUUAUGCGAGAUAU CUUCUCCAUUACUUAUUUUCCCCC UUAA	229	17.903 930131 0044	31.441 048034 9345	17.030 567685 5895	33.624 454148 4716	34.9344978165939	65.0655021834061	1.06944444444444	1.05128205128205	-82.2	-82.2	0.00300474	16.76	-35.89519650 65502	-1.02749 999999 999
	>Salinas_000002_1_291125047.. 291125202	GUCUUGCAUGAAGAAAAGUGUGUCG UUUGGUAGCCAAGGAUGACUUGCC UACAUUCUUCUUUUAAGGGUUUU UUGGUCUUUUCAAAGACCCUUUGUU UCGUCGGUUGUCAGGCAGUCUCUU UGGCUAACCUCACGGUCUCUUUUU CUCAUUGU	155	21.935 483870 9677	17.419 354838 7097	21.290 322580 6452	39.354 838709 6774	43.2258064516129	56.7741935483871	2.25925925925926	1.03030303030303	-64.7	-61.1	0.0114835	8.59	-41.74193548 3871	-0.96567 164179 1044
	>Salinas_000002_1_134250170.. 134250344	AGAGGUCUUGUAUGAAGAUUUAGA GUUUAUUUGGAUAGCCAAGGAUGACU UGCCUAAAAUCCAUAAAAUUAAGG UUGUUGAUUGUAUUUAAUACAUUUU ACAAUCUUUUUAAAGCGUUUUUUAAG AAGUCGUCUUUGGCUCAUUUUAAAC ACUCUUAUCUUUUAUGCUAGACAU	174	18.965 517241 3793	29.885 057471 2644	13.793 103448 2759	37.356 321839 0805	32.7586206896552	67.2413793103448	1.25	1.375	-66.8	-65.2	0.0132961	13.87	-38.39080459 77011	-1.17192 982456 14
	>Salinas_R00070_1767251_1767 427	UAUGAAGAGAGGUUCUUAACUUGGAG AGAAGAGUACUCUUGUUUGGUAGCC AAGGAUGACUUGCCUAAAAUACCU CAAUUAGGUUUUGGAAAGUAACGCC UUUUUUGGUUUAUCAGGCAGUCACU CCUUGGCUAACUUGACAGACUUCU UUCUCUUGUUAUGAUCAUCUUCUCC UC	177	20.903 954802 2599	25.988 700564 9718	21.468 926553 6723	31.638 418079 096	42.3728813559322	57.6271186440678	1.21739130434783	0.97368421052631 6	-73.9	-72.3	0.00428086	11.94	-41.75141242 93785	-0.98533 333333 3333
	>Salinas_000002_1_51772648..5 1772796	AUGGCCUAAACUUGGUGGCCGAGAA AAGUUGGGGAUGCAGCCAAGGAUGAC UUGCCGACAGCCAUUAAUAGCCUUA CAGUGCAUUGCAGCCAUGCAUGGAU AAUCCAUUCGGCAAGUUGUCCUUGG CUACAUCUUCUUCUGCUUCUC	148	23.648 648648 6486	23.648 648648 6486	25.675 675675 6757	27.027 027027 027	49.3243243243243	50.6756756756757	1.14285714285714	0.92105263157894 7	-68.1	-65.4	0.0198974	13.47	-46.01351351 35135	-0.93287 671232 8767
	>Salinas_R00070_1741976_1742 152	GAGGGAAGAGAUUCUUAACUUAAG AGAAUAGCACUUUGUUUUUGGUAGCC AAGGAUGACUUGCCCAAAGCCAUUG AAUGUGGUAGCAAGGAUUGCCCGAU UGUUUGGUUGAUUUGGCAGUCACG CCUUGGCUAACCAACAUAGCUCUUC UUUCUCUUGUUAAGACCUUCUUCUCC UGA	177	24.293 785310 7345	24.858 757062 1469	20.338 983050 8475	30.508 474576 2712	44.6327683615819	55.3672316384181	1.22727272727273	1.19444444444444	-78	-73.6	0.005183	10.69	-44.06779661 01695	-0.98734 177215 1899
	>Salinas_R00179_953482_95365 7	AAUGAAGAGGGACCUUAACUUAAGG GAACAAUGUUGUUGGUAGCCAAGGA UGACUUGCCUGUUGCUUUCUCUCAA AGGAUUUAUUUAUUAUACAGACCUU GUUAGACCGGUUAUCAGGCAGUCU UCUUGGCUAACUUGACAAUUUUCUUC CCUUCUUGUUAUGAUCAUUAUUUCU AA	176	19.886 363636 3636	25.568 181818 1818	18.75	35.795 454545 4545	38.6363636363636	61.3636363636364	1.4	1.06060606060606	-68.7	-68.4	0.00350485	12.53	-39.03409090 90909	-1.01029 111111 705
	>Salinas_N00156_214609_21480 6	GACAACAAGAGAGGUCUUGCAUGAA GAAAAGAGUGUCGUUUGGUAGCCAA GGAUGACUUGCCUGCUUCUUCUUU UCAAAAGGUUUCUUUAGCCUUUUUCA GAUGAAUGAUCAAGACCCUUGUUU GAUUUGUUAUCAGGCAGUUUCUU GGCUAACCUCAAAUCUUCUUUCUC UCAUGUCAAAACCUUUCUUGUUUGA	198	19.696 969696 9697	23.232 323232 3232	20.202 020202 0202	36.868 686868 6869	39.8989898989899	60.1010101010101	1.58695652173913	0.975	-73.7	-68.1	8.73E-05	23.66	-37.22222222 22222	-0.93291 139240 5063
	>Salinas_N00006_904618_90479 0	UGAAAGGUGUUGCAUGAAGAGAAGG GUUUUGUUGGUUGCCAAUGAUGA CUUGCCUCCAUUGCUUCUUCUUCUA AAAGGUUUUAUUUGUUUGCUUGUUU GUUUUGUUGGUUGGUCAUCAGGCA GUCUUCUUGGCUAUUCAGACAAUUCU CUUCUCUCUAGCCGACCCUUGUU	173	22.543 352601 1561	17.341 040462 4277	19.075 144508 6705	41.040 462427 7457	41.6184971098266	58.3815028901734	2.36666666666667	1.18181818181818	-62.9	-59.17	0.0170228	15.65	-36.35838150 28902	-0.87361 111111 1111
	>Salinas_R00070_1747387_1747 590	AAGCAUUAUUAAGAAGAUAGAAGAU AGUUCUUAACUUAAGAGAAGAGCAU UCUUUUUUGGUAGCCAAGGAUGACU UGCCCAUUAACAUUGAAUGUGGAU UGCAAGGAUUGCCUUAUUGUUUGG UUGAUUUGGCAGUCACCCUUGGC UAACCCGACAUAGCUCUUCUUUCUA UGUUAAGCCUUUCUUCUUAUGAU GUGAUC	204	21.078 431372 549	27.450 980392 1569	18.137 254901 9608	33.333 333333 3333	39.2156862745098	60.7843137254902	1.21428571428571	1.16216216216216	-70.4	-63.3	0.000252758	37.39	-34.50980392 15686	-0.88
	>Salinas_N00180_1490401_1490 542	AUUGGCAUUGCCUGAGGAAGAAAGA GAGUUCACCAAGCCAAGGAUGAAU UGCCGGCAUUAUGUUUAUGAGAU CUGAAUJAGCAUUGAUCGGCAAUUA CACUUGGCUAUGUGGACUCUUAU CUUUUCAUGAAUGCCUUU	142	23.943 661971 831	26.760 563380 2817	17.605 633802 8169	31.690 140845 0704	41.5492957746479	58.4507042253521	1.18421052631579	1.36	-68.4	-68.4	0.0311652	7.33	-48.16901408 4507	-1.15932 203389 83
	>Salinas_R00097_44697_44857	GAGAGGAUCACACAUAGAGAGAAGA GUGUUCUUAUAGGUAGCCAAGGAU	161	20.496 894409	27.950 310559	19.875 776397	31.677 018633	40.3726708074534	59.6273291925466	1.13333333333333	1.03125	-60.7	-60.6	0.0210717	8.25	-37.70186335	-0.93384

Family	premiRNA	Sequence	Len	G	A	C	U	GC	AU	UA-ratio	GC-ratio	MFE	MFE-ensem ble	frequency	diversity	AMFE	MFEI
		GAUUUGCCUAGUGGCAACUCAAGCC GCUAAAAAUGACUCCUUGUUUGGU UCAUUAGGCAUUCUUUCUUGGCCA ACUUAAGCCCUUUUCAUAUCUG UUAGACCUUUU		9379	0062	5155	5404									40373	615384 6154
	>Salinas_000001 - 1_71814010..718T4166	UCUUAUCAUGAAAAGAAGUACUCU UGUUUGGUAGCCCAAGGAGUCCUUG CCUCAUCACACUJUCAAGGUGUUAAC UUGGAAAAAUAACACCCUUGUUUGG UUCAGUAGGCAGUCAGUCCUAGGC UAACUUGACAUGCUCUUCUUUCUCA UGUUAGCG	156	21.153 846153 8462	26.923 076923 0769	20.512 820512 8205	31.410 256410 2564	41.6666666666667	58.3333333333333	1.16666666666667	1.03125	-60.7	-59.5	0.00460487	11.28	-38.91025641 02564	-0.93384 615384 6153
	>Salinas_R00034_560508_56064 4	GUUUACGAUGAAGAAAAGAGUCUGU UUUAGUAGCCAAGGAGUACUUGCCG CUGGCUUUUAUAUACAGCAUUAUAGC AUUAACAGCAAGCAGCAAGCGUCCU UGUCUAAUUGCGCGAGUCUUAUCU CCCAUCGUAGGA	137	23.357 664233 5766	28.467 153284 6715	19.708 029197 0803	28.467 153284 6715	43.0656934306569	56.9343065693431	1	1.18518518518519	-57.5	-57.5	0.0849175	4.18	-41.97080291 9708	-0.97457 627118 6441
	>Salinas_N00127_990745_99086 0	CAAUAUGUACAAAAGGAGAGAUUU GGCACGGGCUCAAUAAAAUCACUAA GGUAAUUAAUGGUUAAUUGUGUU UAGAUUGAGCCGCACAUAUCUCUU UCAUUUCAUAUACCU	116	16.379 310344 8276	34.482 758620 6897	17.241 379310 3448	31.896 551724 1379	33.6206896551724	66.3793103448276	0.925	0.95	-38.9	-38.4	0.015222	12.74	-33.53448275 86207	-0.99743 589743 5897
	>Salinas_R00178_1292086_1292 234	GAUUUGAUGAAUUGGAGGAAGCAAA UAAGAAAGCGAUGUUGGUUAGGUUC AAUCUGAAGUAGGAUUUACCAAAAGA UGUAAAGACAAUUCAGCUUGAGC CGCGCCAAUAUCACUUUCGUUGUAU CUUGUUUUUCCUUAUUCAUCAUGN	149	21.476 510067 1141	31.543 624161 0738	15.436 241610 7383	30.872 483221 4765	36.9127516778523	62.4161073825503	0.97872340425531 9	1.39130434782609	-52.2	-51.1	0.00447138	15.03	-35.03355704 69799	-0.94909 090909 091
	>Salinas_000001 - 1_155735793..155735886	UGAACGAGAUUUGGUUCGGUUCAA UAAGAACACAAGUUCAGAUUGUAU GUUGAAGUUGCUUUCUGAUUGAG CCGUGCCAAUAUCAUGUAC	93	23.655 913978 4946	27.956 989247 3118	15.053 763440 8602	33.333 333333 3333	38.7096774193548	61.2903225806452	1.19230769230769	1.57142857142857	-40.9	-40.9	0.400791	1.95	-43.97849462 36559	-1.13611 111111 111
	>Salinas_R00058_123319_12343 4	AGGUUUUUGAAAUGAAAGAGAUUU UGUGCGGCGUCAAUCAAACACAAAG UUAACCAUUAUUAUACCUUAGUGAUU UUGAUUGAGCCGUGCCAAUAUCUCU CCUUUUGUACAUAUUG	116	17.241 379310 3448	31.896 551724 1379	16.379 310344 8276	34.482 758620 6897	33.6206896551724	66.3793103448276	1.08108108108108	1.05263157894737	-39.4	-38.8	0.0209786	11.34	-33.96551724 13793	-1.01025 641025 641
	>Salinas_N00030_1398307_1398 398	GUGAUGAUGUUGGAAUUGGCUCAAU CAAAUCAGAUUCCCGGAUGAAUUC AACAGGGUGUUUUAUUGUUAUGA GCCGUGCCAAUAUCAUGAA	92	28.260 869565 2174	17.391 304347 8261	29.347 826086 9565	42.3913043478261	57.6086956521739	1.03846153846154	1.4375	-42.4	-39.9	0.137493	7.93	-46.08695652 17391	-1.08717 948717 948	
miR171	>Salinas_R00032_835096_83520 4	AGCAUGAAAGUGCAGCUAUGAUUU GGCCUGGUUCACUCAGAUUCUGAA ACCCUUUUGAUUUUUGAUUCUAAU GAGCCGUGCCAAUAUUUAGUUCGCC UUUCAUUUU	109	19.266 055045 8716	22.935 779816 5138	20.183 486238 5321	37.614 678899 0826	39.4495412844037	60.5504587155963	1.64	0.95454545454545 4	-41.8	-39.5	0.118053	6.78	-38.34862385 3211	-0.97209 302325 5813
	>Salinas_000002_1_92479231..9 2479329	UAAUACGAGAUUUGGUGCGGUUUC AAUCCGAAAGCAUUGCUCGUUUUUA GGGUUACAAGAGCCUCGUUUUUGA UUGAGCCGUGCCAAUAUCAUGAUG	98	25.510 204081 6327	23.469 387755 102	18.367 346938 7755	32.653 061224 4898	43.8775510204082	56.1224489795918	1.39130434782609	1.38888888888889	-47.6	-47.6	0.773211	0.67	-48.57142857 14286	-1.10697 674418 604
	>Salinas_N00170_87777_87927	UUUUAUUUGUAGCAGAUUAGAAAGC ACAAUGUACAUAGAUUUUGGCACGGC UCAAUCAGAAAGCAACAUUCAACAU ACCAUCUGAACAUUGUGUUCUUAUU GAACCGAACCACAUUCUCGUUUCAC UGCUCAUUCACAAUCUAAAAUCA G	151	14.569 536423 8411	33.774 834437 0861	21.854 304635 7616	29.801 324503 3113	36.4238410596027	63.5761589403973	0.88235294117647 1	0.66666666666666 7	-39.6	-39.6	0.0760221	6.4	-26.22516556 29139	-0.71999 999999 9999
	>Salinas_000002_1_84951468..8 4951569	UAUAAGGAAGCGAUUUGGUGAGG UUCAAUCUGAAACGAAUUUUAAUG GUUGUGAAAAUACGAUCUUGGAUUGA GCCGUGCCAAUAUCACUCCAUUAC AG	101	23.762 376237 6238	30.693 069306 9307	14.851 485148 5149	30.693 069306 9307	38.6138613861386	61.3861386138614	1	1.6	-41.6	-41.6	0.277259	8.27	-41.18811881 18812	-1.06666 666666 666
	>Salinas_N00066_1375453_1375 575	UAACACAGAAAAUAGACACGACGUGG UAUUGGUACGGUUCUACAACCUUAA CUACUUUGUUAUGCAGCAAGUUAU CACUUGAGGUGAGCCGAACCAUAU CACUCUUGUGUUUUCUUUGAAG	123	20.325 203252 0325	29.268 292682 9268	18.699 186991 8699	31.707 317073 1707	39.0243902439024	60.9756097560976	1.08333333333333	1.08695652173913	-49.1	-49.1	0.440814	3.42	-39.91869918 69919	-1.02291 666666 666
	>Salinas_N00074_5486_5600	UAAAGUCGUUUUUUCCGGCGUGG CAUCAUCAAAGAUUCACGUACAAAAG CAAAAGCAAAAGCUUUUUGAGGAGU GAGAUCUUGAUGAUGCUGCAUCG GCAUAAAAUUGCGUGUG	115	24.347 826086 9565	32.173 913043 4783	16.521 739130 4348	26.956 521739 1304	40.8695652173913	59.1304347826087	0.83783783783783 8	1.47368421052632	-50.9	-50	0.338071	3.44	-44.26086956 52174	-1.08297 872340 425
miR172	>Salinas_N00123_865992_86616 0	UGUAGCAUCAUCAGGAUUCUAAAA CACUGAUCAGCAGAUUGGAACCCUUG GAUCAGUAUAUAUAUAUUAAGCAAUA UUAUGAAAAUUGAGAUUGAUCGUUU AAAGAUUAUAUACGGGUCACCAU CUAAAGAUUUUGAUAUCUUAUUGU GAUUCUUGAUGAUGCUCCA	169	17.751 479289 9408	34.911 242603 5503	15.384 615384 6154	31.952 662721 8935	33.1360946745562	66.8639053254438	0.91525423728813 6	1.15384615384615	-50.6	-50.5	0.0145588	12.12	-29.94082840 23669	-0.90357 142857 1429
	>Salinas_R00059_1360189_1360 337	UUCUUGCUGCUGGAGCAUCUCAA GAUUCACAAAAGCUCCAUUUCUAGG	149	19.463 087248	28.859 060402	15.436 241610	36.241 610738	34.8993288590604	65.1006711409396	1.25581395348837	1.26086956521739	-55	-47.2	0.0208568	19.28	-36.91275167	-1.05769

Family	premiRNA	Sequence	Len	G	A	C	U	GC	AU	UA-ratio	GC-ratio	MFE	MFE-ensemble	frequency	diversity	AMFE	MFEI
		GUUUCAUAAAGUUUUUCUUUUUUUCU UAAAAAGAAAAAAGUGAUGUAU GGGUCCUCUUGAUGGUUUGAGAAU CUUGAUGAUGCUGCAGCUGCAAUA		3221	6846	7383	255									78523	23076923
	>Salinas_N00074_215599_215747	UAAUUGCAGCUGCAGCAUCAUCAAG AUUCUCAAAACCAUCAAGAGGCCCA UACAUCACUUUUUUUUUUUUUUUUA AGAAAAAGAAAAACUUUAUGAAACC CUAGAAAUGGAGCUUUUGAGAAUCU UGAAGAUUGCUCAGCAGCAAGAA	149	15.436 241610 7383	36.241 610738 255	19.463 087248 3221	28.859 060402 6846	34.8993288590604	65.1006711409396	0.796296296296296	0.793103448275862	-50.2	-50.2	0.138474	7.79	-33.6912751677852	-0.965384615384615
	>Salinas_R00042_1009764_1009970	UGCAGUCAUUUCUUGCUGUUGGAG CAUCAUCAAGAUUCACAAAAAGCUA UCAAAUUCUUUUGAUGGUGACCCG UAUAUAUAUUCUUUUAACGAUCGAU CUCAUUUUUCAUAAUAUUGCUAAUA UAUAUAUACUGAUCCAAAGGCUCCA UCUCGUGAUCAGUGUUUUGAGAAUC CUGAUGAUCUACAGCGGCCAUUAA UGGCUAUU	207	16.908 212560 3865	29.468 599033 8164	18.357 487922 7053	35.265 700483 0918	35.2657004830918	64.7342995169082	1.19672131147541	0.921052631578947	-65.5	-65.19	0.00698483	15.25	-31.6425120772947	-0.897260273972602
	>Salinas_000002_1_24394831..24394932	UUACAGGUGCGGCAUCACAAGAUU CACAUUGUUUCCCUAAUAUAUAUGUA AAUCUUUGGGAAUUGAGAAUCUUGA UGAUGCUGCAUCAGAAUCAAUUGA C	101	20.792 079207 9208	31.683 168316 8317	16.831 683168 3168	30.693 069306 9307	37.6237623762376	62.3762376237624	0.96875	1.23529411764706	-40.9	-40.9	0.478587	3.33	-40.4950495049505	-1.07631578947368
	>Salinas_N00055_177457_177581	GAAAGUCAUUGGUUACUGGUGCGG CAUCUUCAAGAUUCAUGGCCAAUA UUCAACUCUAGAAUAGUUUUUGGUU AAUGGGUAAUGAGAAUCUUGAUGAU GCUGCAUCAGAAUCAAUCGACUAC A	125	20.8	31.2	16.8	31.2	37.6	62.4	1	1.23809523809524	-53	-49.7	0.0271065	13.96	-42.4	-1.12765957446808
	>Salinas_R00132_1870343_1870457	CACAGCCAUUUUAUUGCCGAUGCAG CAUCAUCAAGAUUCUCAUCCUCAA AAGCUUUUGCUUUUUGCUUUUGUAC GUGAAUCUUGAUGAUGCCACGCCG GAAAAACACGACUUUA	115	16.521 739130 4348	26.956 521739 1304	24.347 826086 9565	32.173 913043 4783	40.8695652173913	59.1304347826087	1.19354838709677	0.678571428571428	-35.7	-35.7	0.168191	5.78	-31.0434782608696	-0.759574468085106
	>Salinas_R00163_1698362_1698486	UGUAGUCGAUUGAUUUUCUGAUGCA GCAUCAUCAAGAUUCACAUUACCCA UUAACCAAAACUUUAUCUAGAGUUG AAUAUUGGCAUGUGAAUCUUGAAGA UGCCGCACCAUAACCAUAGACUUU C	125	16.8	31.2	20.8	31.2	37.6	62.4	1	0.807692307692308	-40.2	-39.8	0.041729	6.55	-32.16	-0.85531914893617
miR2111	>Salinas_R00035_1048490_1048630	UUGAUUAUUGGGCUAGGGUCAAG UAAUCUGCAUCUGAGGGUUUAGUUA CAAAAAUUCUGAGGUUUAGUUAACA AAAUUCGAUUGGUUAACUAGUCU UGGGAUGCAGAUUACUUCUCCUCA ACUCCAAUCCAUUUUC	141	18.439 716312 0567	27.659 574468 0851	17.730 496453 9007	36.170 212765 9575	36.1702127659574	63.8297872340426	1.30769230769231	1.04	-47.3	-43.4	0.00297125	16.81	-33.5460992907801	-0.927450980392158
miR2118	>Salinas_R00273_1700565_1700676	AAAGGAUGAUCUGUAAGUAAGUGU GGAUUGGGUGGUUUGGAAAGAAUG GAAUUAAGCUUCUCCUCUUUCCAAU UCCACCCAUGCCGCUUAUUAUCUUGU GGAUUCUCCCUU	112	22.321 428571 4286	24.107 142857 1429	18.75	34.821 428571 4286	41.0714285714286	58.9285714285714	1.44444444444444	1.19047619047619	-52.3	-52.3	0.0662596	7.06	-46.6964285714286	-1.13695652173912
miR2275	>Salinas_N00016_302267_302372	AGUGUUUAACUUGGAAGUGAGAAU GAAGAAAAACUAAACAAUCCUGUUU UAAUGUAUGAAUUGUUUAGUUUCC UCCAAUAUCUCAUCUCCGAUUUGUA AACGAG	106	16.981 132075 4717	33.018 867924 5283	14.150 943396 2264	35.849 056603 7736	31.1320754716981	68.8679245283019	1.08571428571429	1.2	-31.5	-29.9	0.0291087	8.13	-29.7169811320755	-0.9545454545454
	>Salinas_000002_1_145897923..145898100	AAAGGGAGCUCCUUCAGUCCACUC AUAGGUGGGUAGAGGGUACGGAAU UGCUGCCGACUCAUUAUCAUCAAACA CAAUAAGAAACAUUGUGGUUAGCC UAUUUGUAAUGUGUAGAAUGACG GGAGACAAAUUUAUCCUUUUUCUUC UCUGUGCUUGGACUGAAGGGAGCU CCCUU	177	25.423 728813 5593	25.988 700564 9718	19.209 039548 0226	29.378 531073 4463	44.6327683615819	55.3672316384181	1.1304347826087	1.32352941176471	-91.9	-91.9	0.117067	8.47	-51.9209039548023	-1.1632911392405
miR319	>Salinas_000002_1_13536219..13536387	UGAGAGCUUUUCUUCAGUUAUCAU GAGUUGUUUAAAUAUCAAUUAACU CGUGACUCAUUCACUAAUAUCUAA GUUAAGAGCACCUGUUUAUUUAGUA AAUGAAUGAAUGAAGCGGGAGACAA AUUGGAUCUUAAGCUUCUUGCAUUU GGACUGAAGGGAGCUCC	168	20.238 095238 0952	30.357 142857 1429	16.666 666666 6667	32.738 095238 0952	36.9047619047619	63.0952380952381	1.07843137254902	1.21428571428571	-59.9	-59.4	0.0300145	9.16	-35.6547619047619	-0.966129032258064
	>Salinas_000002_1_141873431..141873613	AAAAAGAAAGAGAGCUUUCUUCAGU CCACUCAUGGGUGGCAUAAAGAUUC AAUUAGCUGCCGACUUAUCAUCCA AAUACUAAAGUCAAAAAACCGUUGU AGUACUUAAGUAAUAGAGUAAUGAU CGGGGAGACAAAUUGAAUCUUAUGU UUCUGUACUUGGACUGAAGGGAG CUCCCUU	182	20.329 670329 6703	32.417 582417 5824	18.681 318681 3187	28.571 428571 4286	39.010989010989	60.989010989011	0.88135593220339	1.08823529411765	-76.4	-72.8	0.0774752	7.03	-41.978021978022	-1.07605633802816
	>Salinas_N00048_1474573_1474767	UUUAAGAAAGUAAGAGAGCUUUUCU CAAUCCAUUCUUGGGUUAUGGUAA AUUCCAAUUGAGCUGCCGACUUAUC AUCCAAUUAUAGCAGCAAGAGCAUG	195	20	30.769 230769 2308	17.948 717948 7179	31.282 051282 0513	37.9487179487179	62.0512820512821	1.01666666666667	1.11428571428571	-71.9	-70	0.0125102	10.57	-36.8717948717949	-0.971621621621623

Family	premiRNA	Sequence	Len	G	A	C	U	GC	AU	UA-ratio	GC-ratio	MFE	MFE-ensemble	frequency	diversity	AMFE	MFEI
miR395	>Salinas_R00244_1216359_1216458	AGCCAAAGUGUCCUCAGAGAUCUUC CGAACACUACAUUGGGAUGCUUUAU UAAUGAUUUCUACUGAAGUGUUUG GGGGAACUCCAAGGGCUACUUGACA	100	23	26	23	28	46	54	1.07692307692308	1	-45.9	-45.9	0.461097	2.26	-45.9	-0.99782 608695 6521
	>Salinas_R00244_1079460_1079559	AGCCAAGUGUCCUCAGAGAUCUUC CGAACACUUCUACUUGGGAUGCUUUAU UAAUGAUUUCUACUGAAGUGUUUG GGGGAACUCCAAGGGCUACUUGACA	100	23	25	23	29	46	54	1.16	1	-50.4	-50.4	0.481117	2.14	-50.4	-1.09565 217391 304
	>Salinas_R00244_1086851_1086950	AGCCAAGUGUCCUCAGAGAUCUUC CGAACACUUCACUGGGAUGCUUUAU UAAUGAUUUCUACUGAAGUGUUUG GGGGAACUCCAAGGGCUACUUGACA	100	23	25	24	28	47	53	1.12	0.9583333333333333	-50.4	-50.4	0.481117	2.14	-50.4	-1.07234 042553 191
	>Salinas_N00052_744921_745030	CGAACCCCAAGUUCUCCCAACUC UUCAGUAGAAAUUAUGUACAUGAUU ACAAGUCAAACCCUUCGACAGAAU UCUUAUGAAGUGUUUAGGAACUC UGGAGUAAC	110	18.181 818181 8182	32.727 272727 2727	22.727 272727 2727	26.363 636363 6364	40.9090909090909	59.0909090909091	0.8055555555555555	0.8	-41.3	-41.1	0.191044	5.4	-37.54545454 54545	-0.91777 777777 7778
miR396	>Salinas_N00050_1470246_1470351	CUCCACAGCUUUCUUGAGCUUUUCU AAUAGCAUCGCAAGAAUAGAUUC GGAAGUGUCGAGUACAUAUGUACG UAGAUUGAAAAAGUUAAGAAAGCUG UGGAAA	106	21.698 113207 5472	33.962 264150 9434	18.867 924528 3019	25.471 698113 2075	40.5660377358491	59.4339622641509	0.75	1.15	-40.6	-37.9	0.171818	8.63	-38.30188679 24528	-0.94418 604651 1627
	>Salinas_R00178_1373789_1373916	UAUUGAUGUUCUCUUAUCUUCCCA CAGCUUUUAUUGAACCGCAAAGAUUU GAUUAUAAACCAAAGUACGAGUAGA UCAAAACCCUACGAGUUAAGAAAG CCGUGGAAGAAUAGAAAGAGCACC UUU	128	17.187 5	36.718 75	20.312 5	25.781 25	37.5	62.5	0.702127659574468	0.846153846153846	-39.1	-37.5	0.0130322	12.66	-30.546875	-0.81458 333333 3333
	>Salinas_N00103_1931219_1931360	AUUGUCAUAUUUCCCAACAUUUC UUGAACUUCGUUUAAUUAUCUGAAU UCUCAAAAGGAUCCAAAGAAAAA UUCACGAAAAAUGAGAAUUCUUGAG AACUAUGAAAGUUAAGAAAGCUGU GGAGAAUAUGACUCU	142	14.788 732394 3662	40.140 845070 4225	15.492 957746 4789	29.577 464788 7324	30.2816901408451	69.7183098591549	0.736842105263158	0.9545454545454545	-44.5	-43.9	0.0389622	10.53	-31.33802816 90141	-1.03488 372093 023
	>Salinas_000001_1_206731189..206731339	AGUCAUAUUCUUCACAGCUUUCU GAACUUCUUAUGUUCUACAAGAUUUC UCAUUUUUCGUAUUUUUCUUUUUG GAUUCUUUUUUGAGAAUUCAGAUAA UUAAACGAAGUUCAGAAAGUUGUG GGAAAAUAUGACAUAUCUACGGGAU	150	16	28.666 666666 6667	15.333 333333 3333	40	31.3333333333333	68.6666666666667	1.3953488372093	1.04347826086957	-54.7	-54.3	0.121655	14.37	-36.46666666 66667	-1.16382 978723 404
	>Salinas_N00225_566896_566984	UUCCACAGCUUUAUUGAACCGCAA GAUUGAACUCAAUAGACAGAGAUUC UAAAGAUAAACCAUAGCAGUUAAC GAAAGCUGUGGAAG	89	19.101 123595 5056	40.449 438202 2472	20.224 719101 1236	20.224 719101 1236	39.3258426966292	60.6741573033708	0.5	0.9444444444444444	-27.6	-27.6	0.164528	6.85	-31.01123595 50562	-0.78857 142857 1428
	>Salinas_000001_1_38334221..38334355	AAGUCCUUGCCAUGUUUUCACAG CUUUCUUGAACUUUAUUAUCUACGU ACAUAUGUACUCGACACUUCGGAU CUAUUUUCUUGUGCGAUGCUAUUAGA AAGCUCAGAAAGCUGUGGGAGGAC AUGUCGAUU	134	19.402 985074 6269	24.626 865671 6418	21.641 791044 7761	34.328 358208 9552	41.044776119403	58.955223880597	1.393939393939393	0.896551724137931	-51.2	-51.2	0.0998032	11.66	-38.20895522 38806	-0.93090 909090 909
	>Salinas_R00131_446709_446822	GGUUGAUCCUCUCUUAUCUCCCA CAGCUUUUAUUGAACGCAAGAAUUC GAAUAGAUCAAUUGUAGCAACGAUC GUUCAAGAAAGCUGUGGAAGAACAG AAAGAGCACCAUUC	114	19.298 245614 0351	33.333 333333 3333	21.929 824561 4035	25.438 596491 2281	41.2280701754386	58.7719298245614	0.763157894736842	0.88	-39.3	-38.4	0.0113683	8.45	-34.47368421 05263	-0.83617 021276 5957
	>Salinas_000001_1_206672193..206672328	UUGAAUGAUGGUCUCUUCUUGU UCUCCACAGCUUUCUUGAACUGCA UGGUUCAAUUAUGAUUAUUCGAU CUUUGCUGUUCAAUAAAGCUGUGG GAAGAUAGAGAGAGGAUCAACCCAG AAAAUUAAACAC	135	20	29.629 629629 6296	18.518 518518 5185	31.851 851851 8519	38.5185185185185	61.4814814814815	1.075	1.08	-53.7	-53.7	0.185434	7.32	-39.77777777 77778	-1.03269 230769 23
	>Salinas_000001_1_38334213..38334362	AGUAUACAAGUCCUUGCCAUGUUUU UCCACAGCUUUCUUGAACUUAUCAA UCUACGUACAUUUGGAAUUCUUAU UCCGGAUCUUAUUCUUGUGCGAUG CUAUUAGAAGCUCAGAAAGCUGU GGGAGACAUUCGUAUUCUGGACU	149	19.463 287248 3221	24.832 214765 1007	21.476 510067 1141	34.228 187919 4631	40.9395973154362	59.0604026845638	1.37837837837838	0.90625	-56.2	-56.2	0.119021	10.3	-37.71812080 53691	-0.92131 147540 9836
	>Salinas_R00131_387681_387822	AGAGUCAUAUUCUCCACAGCUUUC UUGAACUUUCAUAGUUCUACAAGAUU UCUCAUUUUUCUGUAUUUCUUAU UGGAUUCUUUUUGAGAAUUCAGAU AAUUAACGAAGUUAAGAAAGUUG UGGGAAAAUAUGACAUAU	142	15.492 957746 4789	29.577 464788 7324	14.788 732394 3662	40.140 845070 4225	30.2816901408451	69.7183098591549	1.35714285714286	1.04761904761905	-53.8	-53.4	0.199573	12.78	-37.88732394 3662	-1.25116 279069 767
	>Salinas_000001_1_61642007..61642162	AAUGGUGCUCUUCUUAUUCUCCAC GGCUUUUCUUGAACUGCAUGGGUUU UGAUCUACUCGAUCUUUGGUUUUAU AUCAAAUCUUUGCGGUUCAAAUAA CUGUGGAGACAUAGAGACACAUGA AUACCAAGAAAGCUUGUUAUGUUU GUUUUG	155	21.935 483870 9677	24.516 129032 2581	16.129 032258 0645	37.419 354838 7097	38.0645161290323	61.9354838709677	1.52631578947368	1.36	-62	-55.5	0.00196763	22.62	-40	-1.05084 745762 711
	>Salinas_R00123_1008933_1009	GACUGGUGCUUUUCUGUUCUUC	127	22.047	21.259	19.685	37.007	41.7322834645669	58.2677165354331	1.74074074074074	1.12	-56.9	-56.5	0.106366	11.85	-	-

Family	premiRNA	Sequence	Len	G	A	C	U	GC	AU	UA-ratio	GC-ratio	MFE	MFE-ensemble	frequency	diversity	AMFE	MFEI
	059	ACAGCUUUUCUUAACUGCUUAUGGU UAUCUUUUAGAUCUCUGUCUAUUUG AGUUCGAUCUUGCGGUUCAUAAAG CUGUGGGAAGACAGAGAAAGGAUCA CCC		244094 4882	842519 685	039370 0787	874015 748									44.80314960 62992	1.07358 490566 037
miR397	>Salinas_N00005_1204552_1204651	CAGAGAACUUAACGCUAUGAGU GCAGCGUUGAUGAAUCUCAGCUGUA AAUCACGGUGUUUCGUCACCCUGC ACUCAUUUAGUUUUGAGUUCUUU	100	20	26	20	34	40	60	1.30769230769231	1	-52.6	-52.6	0.411627	1.86	-52.6	-1.31499 999999 999
	>Salinas_R00133_1957528_1957627	AAAAGAACUCAAAACUAUUUGAGU GCAGGGUUGACGAAACACCGUGAUU UACAGCUGAGAUUCAACACGCUGC ACUCAAGACGUUUUUAAGUUCUCUG	100	20	34	20	26	40	60	0.76470588235294 1	1	-38.9	-38.3	0.276784	3.97	-38.9	-0.97249 999999 9999
miR398	>Salinas_N00019_366388_366466	CUGCAGGGGGCGACCGUGAGAACACAU GCCGAAUGUGAUUUUGUUGCACA UUUAAAGUUGUUCUCCAUUGUCGCACC UUUG	79	27.848 101265 8228	21.518 987341 7722	22.784 810126 5823	27.848 101265 8228	50.6329113924051	49.3670886075949	1.29411764705882	1.22222222222222	-39.5	-39.5	0.64835	1.05	-50	-0.98749 999999 9999
	>Salinas_R00043_1952575_1952653	CAACAGGUGCGACAUGGGAACACAU GUUAAAUGUGCAACAAUACACAUUC GCCCAUGUGUUCUCAGGUCGCCCC UGCAG	79	22.784 810126 5823	27.848 101265 8228	27.848 101265 8228	21.518 987341 7722	50.6329113924051	49.3670886075949	0.77272727272727 3	0.81818181818181 8	-38	-37.8	0.312085	1.86	-48.10126582 27848	-0.94999 999999 9999
	>Salinas_R00249_187820_188001	CCCAACAAGGGCAUAACUCCAUAGG AGUGACACUAAGAACACAUUAGGUU GAAUUGCUAUCUCCACUGCAUAUUC AUUUGUUGUACAGUACAAUUUUCG AUGCAUAUACAGUUGUUUGAGAC AUUGUGUGAACCAUCCAUUUGUGU CUCAGGUCACCCCUUGUGGACACC UGUUUCC	182	18.681 318681 3187	26.923 076923 0769	23.626 373626 3736	30.769 230769 2308	42.3076923076923	57.6923076923077	1.14285714285714	0.79069767441860 5	-57.5	-49.5	0.00461386	25.2	-31.59340659 34066	-0.74675 324675 3246
miR399	>Salinas_N00174_685285_685406	AAGCGUAUAGGUGAAUACUGGGUA AGAUCCUUUGGAAGCUUGGUUU CUUUUAAUUAUACUAGAUUGUAAUG GGAGUCACGUUGCCAAAGGAGAUUU GCCAGUGAUUCGUUAUACGUAC	122	24.590 163934 4262	26.229 508196 7213	14.754 098360 6557	34.426 229508 1967	39.344262295082	60.655737704918	1.3125	1.66666666666667	-57.2	-57.2	0.0241791	12.64	-46.88524590 16393	-1.19166 666666 666
	>Salinas_N00038_1468795_1468954	UAGUGAGUCAUAGCGAACUAUUG CAGGGCGUCUCUCCUUGCGAGAA AACCCUAUAUUAUUUCCCAUUGUC GAUUGAUUUUGGAUUAUUGGAAGU UUAGAACGCUAUUUGCCAAAGGAGA GUUGCCCGUAUUCUGGUUUUGCUUA AUCGAGUCAAGA	160		28.125	18.125	31.25	40.625	59.375	1.11111111111111	1.24137931034483	-69.2	-69.2	0.103934	7.56	-43.25	-1.06461 538461 538
	>Salinas_000002_1_209987372..209987501	UGAUGGAUCAUACAAGCGAAAU CAGUUAAGGACUACUUCUUAUUG CAUUAUUUAUUAAAUUAGUAUCC AUGAUUAUUGUCUUAUUUAUGAUU GCCAAAGGAGAGUUGCCCUUGUAACU GUUU	129	17.054 263565 8915	32.558 139534 8837	13.953 488372 093	36.434 108527 1318	31.0077519379845	68.9922480620155	1.11904761904762	1.22222222222222	-38.2	-37.8	0.0277088	7.87	-29.61240310 07752	-0.955
miR403	>Salinas_R00083_1831307_1831452	UUUUGAGAAGAGGCUUUUUUGUG UUUGUGCGUGAAGCUAACGAUGUAA CCAGUGGUUGAAGUGAUUCUAUUAU CUAUGAAUUAAGUGAUGCGCGAGG AUUUGUUCGUUAGAUUACGACGACAA ACUCGUUAUACGUCUUUUCACUU	146	23.972 602739 726	26.027 397260 274	15.753 424657 5342	34.246 575342 4658	39.7260273972603	60.2739726027397	1.31578947368421	1.52173913043478	-51.5	-47	0.0196219	15.79	-35.27397260 27397	-0.88793 103448 2758
miR408	>Salinas_N00026_104537_104703	UGUUAAGGUAAAUAUUGUGUAGA UGGAGAUUGAGGGUAGACAGGGA CGAGACGGAGCCGAAAAAGACUGA UGGAUACUUAUACAGUAUUAUAGU UUUUUUCGUGCACUGCCUUCUCC UGGCUAUCCUUGUUCUCUCUACAC AUGUGUUCUUUAUUUAU	167	22.754 491017 9641	26.946 107784 4311	16.167 664670 6587	34.131 736526 9461	38.9221556886228	61.0778443113772	1.26666666666667	1.40740740740741	-71.2	-71.2	0.0492661	7.49	-42.63473053 89222	-1.09538 461538 461
miR477	>Salinas_000002_1_13961283..13961446	CCAAGGCAUUGAUUGCUUGCUCUCC CUCAAAGGCUUCUAGCAUUGACCCU ACAUGUAUGAUAUGCCUUAUUCU UAUAUAAGACUACAGCAUGUGUUU GACGCUUUGCUAAGGCUUGCGA GUGAUAUAGAUUCAAUGUCUUG UUACAAGUCAAAAA	163	21.472 392638 0368	26.380 368098 1595	20.245 398773 0061	31.901 840490 7975	41.7177914110429	58.2822085889571	1.2093023255814	1.06060606060606	-62.7	-59.9	0.0372869	13.66	-38.46625766 87117	-0.92205 882352 9412
	>Salinas_R00182_1029256_1029373	GCUAUUUAGGCGAGCUUUUUGCCAUC UCUCCCUCAAGAGACUUCUGACAUUU UGAAUUGGCCAAAGUCUCUCAAUGU CUGGGGCUUUUGAGGAGGGAUGGC AAACCGUUGUCUUGAUUCUA	118	22.881 355932 2034	23.728 813559 322	22.033 898305 0847	31.355 932203 3898	44.9152542372881	55.0847457627119	1.32142857142857	1.03846153846154	-60	-60	0.0718564	7.18	-50.84745762 71186	-1.13207 547169 811
	>Salinas_R00193_1132955_1133097	UCACUUGAGGCAAAAGUUGUUAACU CUCCCUCAAGGCUUCUCAUUAUGCC UUCUUAUUUACACACAUAUUGGCGCU UGUGUGUGUAAUAUUGGCACAUA GAAGCUCUUCGAAAGGAGGACGACA AAUUUGGCUUAUAGAUU	143	21.678 321678 3217	25.174 825174 8252	19.580 419580 4196	33.566 433566 4336	41.2587412587413	58.7412587412587	1.33333333333333	1.10714285714286	-50.6	-50.3	0.0237085	9.64	-35.38461538 46154	-0.85762 711864 4066
	>Salinas_R00182_1029090_1029216	UGGAAGGCAUUGGUUGUUAACUCUC CCUCAAAGGCUUCUUGCCUUUUAG UUUUUUUAUUGUUUGUAGAUUAU GAAACAUAUAUGCAAGGAGGUCUUG GGGGGUUUUAAACAACAUGUCUU	127	25.196 850393 7008	22.834 645669 2913	13.385 826771 6535	38.582 677165 3543	38.5826771653543	61.4173228346457	1.68965517241379	1.88235294117647	-52.9	-52.9	0.148818	11.07	-41.65354330 70866	-1.07959 183673 469

Family	premiRNA	Sequence	Len	G	A	C	U	GC	AU	UA-ratio	GC-ratio	MFE	MFE-ensem ble	frequency	diversity	AMFE	MFEI
		UGU															
miR530	>Salinas_R00206_678465_678594	CUC AAGAU GUUCAGUUUUUAUCUG CAUUUGCACCUCGACCUUUACUACA UACACCCUUCUUGUCUUUUUCUCAG GGGUUUGAGAAUUACAAGGUGCAG GUGUAUCUCGACAGCAAUGCCAUC UUNNN	130	17.692 307692 3077	21.538 461538 4615	22.307 692307 6923	36.153 846153 8462	40	57.6923076923077	1.67857142857143	0.79310344827586 2	-50.1	-45.9	0.0314664	15.67	-38.53846153 84615	-0.96346 153846 1538
	>Salinas_N00147_1197349_1197478	NNNAAGAU GGCAUUUCGUCUGCAGA UACACCGCACC UUUGUAUUUCUCA AACCCUGAGAAAAAGACAAGAGG GUGUAUGAAGUAAAAGGUGCAGGUG CAAUUGCAUAUAAAAACUGAACAU CUUGAG	130	22.307 692307 6923	36.153 846153 8462	17.692 307692 3077	21.538 461538 4615	40	57.6923076923077	0.59574468085106 4	1.26086956521739	-48.1	-44.9	0.117034	11.16	-37	-0.925
	>Salinas_R00028_1754142_1754381	GGCGAAAGAU CUAGAU CUA AAAACCA AAGAU CGU CAUUUACCU GCAU UUUG CACCU GCA CUUUCUACU UUUUCUCC UCCUCCAUCU CAU UUUCGCCACCG ACCACCAUUGAC CACCACC CGUCC ACCAUCCACC CGCAUCACAUAAUC AU AUGGUGUGAGUGGAAUAAGAGAA GAAAGGUGUAGGGCAAGUGCAGGC UAAUGCAAUUUUGGGUUCAUUGUA UCAUUGAUUAUCUUU	240	17.916 666666 6667	27.5	26.25	28.333 333333 3333	44.166666666667	55.8333333333333	1.03030303030303	0.68253968253968 3	-74.5	-58.83	0.000616105	41.19	-31.04166666 66667	-0.70283 018867 9244
miR536	>Salinas_R00061_1921916_1922036	AAGCUUAAGAGGAUGUUUUUAGAC GCACACAAGUGUGGAACCAUAGAAU CAUACUACAU G CAGU CUUUAUGGUU AUGGUGCCACGCUGUGGCGUCUA AAGAUACACCGCUCUUAAGAGA	121	23.140 495867 7686	29.752 066115 7025	19.834 710743 8017	27.272 727272 7273	42.9752066115703	57.0247933884297	0.91666666666666 7	1.16666666666667	-56.5	-52.9	0.053323	7.64	-46.69421487 60331	-1.08653 846153 846
miR5368	>Salinas_R00233_2014130_2014305	UUCACU UUUCCU GGGAUUGGC UU UGGCUUUUUCUCCUGGAGCUUAG UGGAAGCGAAGAAAGCCUCCUUC CGGGGGGUGCCGAGCCAUCAGUGA GAUACCAUCUCGGAAGAGCUAGAAU UCUAAACCUUGUGACGAGGACGUACG GGCCAAGGGACAGUCUCAGGUAGA CAGUUUC	176	31.25	20.454 545454 5455	23.863 636363 6364	24.431 818181 8182	55.1136363636364	44.8863636363636	1.19444444444444	1.30952380952381	-68.5	-59	0.0119095	31.99	-38.92045454 54545	-0.70618 556701 0308
miR5532	>Salinas_N00185_1096769_1096927	AGGACUCGAACCUCCACGCUCUUUA GCACAAGAUUUUGAGUCUCGCGUG UCUACCAUUAUACCAACCAAGCAU UUGAAAGUGAAUCAUUAUCCAU GAA UAUGAUUAUCUAUGUGUGAUGUA UGGAAUAUAGUAAAAGUGGAGUG UUGGAGUAUU	159	20.754 716981 1321	29.559 748427 673	18.238 993710 6918	31.446 540880 5031	38.9937106918239	61.0062893081761	1.06382978723404	1.13793103448276	-43.5	-43.1	0.00792791	16.81	-27.35849056 60377	-0.70161 290322 5806
miR5564	>Salinas_R00250_953971_954053	UUUCUACCUCCA AUUCUGUGCAGCA AUUCGUCGAACAGUUUGAGUGCAAA CGACGAUAUUGUUCAUAGCAGUGGU AGGAGUUU	83	22.891 566265 0602	25.301 204819 2771	19.277 108433 7349	32.530 120481 9277	42.1686746987952	57.8313253012048	1.28571428571429	1.1875	-25.6	-24.8	0.0507109	13.5	-30.84337349 39759	-0.73142 857142 8571
miR6113	>Salinas_N00080_1116738_1116871	UUCAUUCUAAGCAU GUAUCACCC UCUGAAACUCAAGACACGUCGUCU UCGAAAGUCGAAUUCUCAAUUCUUUC UUUUGUUCAGUAAACGAUGUGCUCU AUUUUUCGAGUUUAUGACGUUGGU UAACAUAU	134	16.417 910447 7612	26.119 402985 0746	20.895 522388 0597	36.567 164179 1045	37.3134328358209	62.6865671641791	1.4	0.78571428571428 6	-43.3	-43.3	0.226247	5.21	-32.31343283 58209	-0.866
miR6275	>Salinas_R00083_690179_690318	UAUAUUAAGGGGGAAGAU GUUCUUC AGCUUCUUUUUGCUGCUUCCACUGA AAUUUGUUUGCGGAGAAGAACCUUGG CGAGGAAGUCUJAGUGGAAGUAGCA ACGAGAAGCUUGGAACAAUCAAAUA AUCCCCCAUUUUC	140	23.571 428571 4286	27.857 142857 1429	19.285 714285 7143	29.285 714285 7143	42.8571428571429	57.1428571428571	1.05128205128205	1.22222222222222	-63.7	-63	0.0840016	7.83	-45.5	-1.06166 666666 666
miR6478	>Salinas_N00163_783536_783661	GGUUUUAAAAUACAAUCCGAGCUU AGCUCAGUUGUAGAGCGGAGGAC UGUAGUAGGCAACAAGCCAAUGGCC AUCCUUGAGUCGUCUGUUUCGAUUC CGGCAGGUCGGAUUUAUUUUAAA UAU	126	24.603 174603 1746	28.571 428571 4286	19.047 619047 619	27.777 777777 7778	43.6507936507936	56.3492063492063	0.97222222222222 2	1.29166666666667	-43.2	-43.2	0.193118	12.18	-34.28571428 57143	-0.78545 454545 4546
miR845	>Salinas_N00035_1837391_1837704	UUUAUCAUUCGACAUACGUUUGAU UGAUUGUGUGUUCAGUGUUUGUU AGUCUUAUUGAUGUACCUGUUAAAG AUCUAAUCCGAUCUAAAGAGUUUUA ACUCUUAUUGGUUAUCAGAGCAAG AGACUGUGUAUCUUAUCGCAUCUC UUAUGUUGAAGAAAGGUUUUAGGGU UUUCCGCUAUUUCGUUUUCUGCUA GAACCUCAUUCUUAUUGAGCA UUCUUAAGACUUCGAUCAUACCUUA CUUUUUUUAUAGUCUGAUUCUUGAG CAGGUUUUCAAAACAAAUCAUCAUG UCUCUUGAAGAUUCGC	314	17.515 923566 879	25.796 178343 949	17.834 394904 4586	38.853 503184 7134	35.3503184713376	64.6496815286624	1.50617283950617	0.98214285714285 7	-79.1	-78.1	0.000108417	40.49	-25.19108280 25478	-0.71261 261261 2612
	>Salinas_R00087_1128044_1128164	UUGAAGUUUUUUUUAAGAAAUGAG CUUCAGUGGUAUJAGAAGGCCUUU GAAAUCAAGAUUCGUUUUUAUAAU AGCAACCAUUAUGGCUUCGAUACCA AUUGUUGAGAGAAAAACUUUGA	121	19.834 710743 8017	32.231 404958 6777	14.876 033057 8512	33.057 851239 6694	34.7107438016529	65.2892561983471	1.02564102564103	1.33333333333333	-30.1	-22.4	0.0029799	26.1	-24.87603305 78512	-0.71666 666666 6666
	>Salinas_R00199_1685184_1685	UUCAUAAACUCAUCAAUUGGUAUCA	88	20.454	29.545	17.045	32.954	37.5	62.5	1.11538461538462	1.2	-25.1	-25.1	0.150655	4.52	-	-

Family	premiRNA	Sequence	Len	G	A	C	U	GC	AU	UA-ratio	GC-ratio	MFE	MFE-ensem ble	frequency	diversity	AMFE	MFEI
	271	GAGCAGGAGGCUGUGUAAUUCUAUC ACAUUCUCUUCUGAAAGAAGUGAU UAGGGUUUAUUC		545454 5455	454545 4545	454545 4545	545454 5455									28.52272727 27273	0.76060 606060 606
	>Salinas_R00210_766531_76678 6	UUACUUUAUUGAUUUGCCUGUUUA AAGAUCUAAUCGAUCAAAGAGUUUU GCGAACUUUAUCAUUGGUAUCAGAG CAGGAGGCUGUGUAAUUCUAUCACA UCUCUUCUGUGAAAAGAGUGAUUAG GGUUUAUUCGCAUUAACUAAUUAU UAUUGAGCCGUCACUCCAUAAUUGA CGUAUCUCAUUAUUAUUAUUAUUG CCUAAUUAUACAUAUUAACAAGUCU GAUCUUUCAAAACAGGUAAACGAUC AAGCAU	256	15.625	30.468 75	17.187 5	36.718 75	32.8125	67.1875	1.20512820512821	0.9090909090909090	-60.7	-59.1	0.00333993	22.44	-23.7109375	- 0.72261 904761 9047
	>Salinas_N00109_79891_80216	GAAGGCCCCGGCGUGAUCGAUACA CACUGAAGAUUGUUUUUAUGAUCUU GGGAUUUUGAAUAUUGUAUUUGAC AGAAUACUUAACUACUUAUGCCUUG UUUUAAAUGGAAUUAUUUAUGUUUU AAAAAUGAAAAUUUGUUUGAAAAAU UUGAGUUGUUACA AUUGGUUAUCAGA GCCUUGGUUUGAGGGAUUCGGGUG CACCUCGGGGGUAACUGAACUCAA ACCGAGGAUUUGAGGAAACUUUUC AAUAAAGGCAUAAACUUUGUAAU GGUUUUGUGUAAGCAAGAAAGAAAG CAGUGUGUACGAUCAGUCAGCGCC CGA	326	23.619 631901 8405	30.981 595092 0245	12.883 435582 8221	32.515 337423 3129	36.5030674846626	63.4969325153374	1.04950495049505	1.8333333333333333	-96.9	-82.84	1.97E-05	71.91	- 29.72392638 03681	- 0.81428 571428 5713