

[illegible]

Novel miRNAs candidates conserved in at least one other vertebrate outside of birds

>CE9_1_76734

#CE9_1_76734

GGAUAUUCUGGGAGUUGUAGUCUUUCAAACAGAGCUUUGCAAGGACAUACCUGUAUUGGAACACUACAGCUCGCCUGAACUUC
 ((((((.....))))))))) (-32.60)

#aca_CE9_1_76734

GGAACAUUCUAGGAGUUGUAGUCUUUCAAACAGAGCUUUGCAAGUACAUACCUGUAUUGGAACACUACAGCUCAGGAACUUUC
 ((((((.....))))))))) (-32.50)

#tgu_CE9_1_76734_ti_1387890682

GGAGUUGUAGUCUUUCAAACAGAGCUCACAAGGACAUACCUGUAUUGGAACACUACAGCUC
 ((((((.....))))))))) (-24.03)

#Monodelphis domestica

AUUCUGGGAGUUGUAGCCUUUCAAACAGAGCUCUGCAUGUACACACCGUAUUGGAACACUACAGCUCGCCGAAC
 .(((.....))))))))) (-28.80)

>CE5_1_6191

#CE5_1_6191

UCUAUGGGUUGACAUCAUACUUGGGUUGUAGACACAAAGUCCCAAGCAGGCUGAUGUCAGGCCCAAGA
 ((((((.....))))))))) (-34.20)

#tgu_CE5_1_6191_ti_1230203209

AUGGGCUUGACAUCAUACUUGGGUUGUAGACACGAAGUCCCAAGCAGGCUGAUGUCAGGCCCAAGA
 .(((.....))))))))) (-37.40)

#Xenopus tropicalis

UCUCUGGGUUGACAUCAUACUUGGGUUGUAGACACAAAGUCCCAAGCAAGCUGAUGUAGGCCCAAGA
 ((((((.....))))))))) (-32.10)

>CE5_40_2300

#CE5_40_2300

UUGUAGAGAUACAGUGAUCACGUUACGAUGGAUUCUCAAGUAACAACCUCGUAGCUUGAUCACGAUAUCCCUAUGA
 ((((((.....))))))))) (-27.29)

#tgu_CE5_40_2300_ti_1422477101

UUGUAGAGAUACAGUGAUCAGGUUACGAUGGAUUCUCAAGUAACAACCUCGUAGCUUGAUCACGAUAUCCCUAUGA
 ((((((.....))))))))) (-31.19)

#Xenopus tropicalis

UUGUAGGGGUACAGUGAUCAGGUUACGAUGGAUUCUGAAGUAACGGCCUCGUAAUUGGUCACCAUUAUCCAUUGA
 ..(((.....))))))))) (-31.00)

#Monodelphis domestica

UUGUAGGGGUACAGUGAUCAGGUUUAUGAUGGAUUCUCAAGUAAGCACCUCGUAGCUUGGUCACGAUUAUCCAUUGA
 ..(((.....))))))))) (-28.59)

>CE5_1_188053

#CE5_1_188053

UUUUUAUACAUUGUUACAGGGCUCUUAUUGUGGUCUCAGCAAUUAGAGGAGCUCUGCAAGCAUGCAAUAAAA
 .(((.....))))))))) (-32.40)

#tgu_CE5_1_188053_ti_1397705699

UUUAUUAUACAUUGUUACAGGGCUCUUAUUGUGGUCUCAGCAAUUAGAGGAGCUCUGCAAUUAGCAAUAAAA
 ((((((.....))))))))) (-30.10)

#Monodelphis domestica

UUUUUAUUAUUGGUCUUAUUGUGGUCUCAGCAAUUAGAGGCCUGCAAGCAUGUAAUAAAA
 .(((.....))))))))) (-39.80)

[illegible]

```

>CE9_1_73248
#CE9_1_73248
GGACUUAGGGCAUGAUCAGAGCCCAUUGUAGUCAUUGGGAGUCUUUUUCCAUUGACUUCAGCGGGGUUUGGAUCAGGCCUUUACUUCG
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
((...((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
#tgu_CE9_1_73248_ti_1398951430
AGGGCAUGAUCAGAGCCCAUUGUAGUCAUUGGGAGACUUUUUCCAUUGACUUCAGCGGGGUUUGGAUCAGGCCUU
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
))))))))) (-49.10)

>CE7_1_15272
#CE7_1_15272
AAAGUAGGCUCCACUGUGUUAAUCCUCUUGGAAUGCAGCAUUUAUACCCUACCAUUAUAGGUGUUUAGUGCUGAAUUUCAAGGGAAUUAUCACUUUCCUCCUU
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
((...((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
#tgu_CE7_1_15272_ti_1255146497
UAAUCCUCUUGGAAUGCAGCAUUUAUACCCUACCGUAUAGGUGUUUAGUGCUGAAUUUCAAGGGAAUUA
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
))))))))) (-26.60)

>CE5_2_34022
#CE5_2_34022
UGCUUGAGCAGACUCACUCUGUACUGAACUGCAGUCUUCAGUUCAGGUGCUUUUUCUGUCUGCAAGAGUA
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
((...((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
#tgu_CE5_2_34022_ti_1230545891
GCAGACUCACUCUGUGCUGAACUGCAGCAUCAGUUCAGGUGCUUUUUCUGUCUGC
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
))))))))) (-19.72)

>CE7_1_32577
#CE7_1_32577
UGGGCCAGAAUCUCAGCUGGUGUAAGUCAGCAGAGCUCACUGACAUUAUUAUAGUGCUCAGUGAUUACACACCAGCUGUGAAUCUGGUCUA
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
((...((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
#tgu_CE7_1_32577_ti_1230601241
CAGCUGGUGUAAGUCAGCAGAGCUGCAGUGACAUUAUUAUAGUGCUCAGUGAUUACACACCAGCUG
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
))))))))) (-27.70)

>CE5_70_1466
#CE5_70_1466
GUGAAUUAGUUAUCUGGUUGAUCCAUGGAAGACUGAGCUUGAGGGUGAAAGAGGUAAACAGGCUUCUGUAGAUCAAGCCAGCUGACCUGAUUCAU
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
((...((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
#tgu_CE5_70_1466_ti_1239916890
UGAUCCAGUGGAAGACUGAGCCUGAGGGUGAAGGAGGUAAAUAGGUUCCUGUGGAUCA
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
))))))))) (-17.50)

>CE5_18_4177
#CE5_18_4177
CGAUGUGUGCAUUGCAUUGCGACGGGUUAUUAUCACUAAUUCGUAAACAUAGUUAACCCAAACGCAGCAUGAUUAAGCGUCG
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
((...((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
#tgu_CE5_18_4177_ti_1275948277
GAUGUGUGCAUUGCAUUGCGACGGGUUAUUAUCACUAGUUCUAACAUAGUUAACCCAAACGGCACCAUGAUUAAGCGUC
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
((...((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
))))))))) (-28.30)

>CE5_3_17773
#CE5_3_17773
GCAUAAAGAACUUCUGGUGCAAGGAGAGCUGCCAAUGCGCUUGCAGAAAUAGCAGCAGUAAUUUAUUCUUGC
..((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
((...((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
#tgu_CE5_3_17773_ti_1231342035
GUGUGGCGGAGGAGAGUGAGCUGCCAAUGCGCUUGCAGAAAUAGCAGCAGUAAU
((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((((
))))))))) (-17.14)

```

>CE7_1_28368

#CE7_1_28368

AGCUUCUCUGGAAUGUUUAUAGUGAGGCGUGAGCUUUUAUAGGUCUACCCUAUAAACAUUCUGAUGAAGCU
 ((((((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-28.10)
 #tgu_CE7_1_28368_ti_1230568561
 AGCUUUUCUGGAAUGUCUAUGGUGAGGCGUGAGCUUUUAUAAAGUUUGUCCUCAUAAACAUUCUGAUGAAGCU
 ((((((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-26.00)

>CE9_1_444

#CE9_1_444

CCAUGCACCCACAAGCACAAACCAAGCCAAAUGAAAGGUUUGGGUGUACUUGCGGAUGAAUGG
 ((((((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-24.60)
 #tgu_CE9_1_444_ti_1257646741
 AGAAUGCCACGCACCCACAAGCACAAACCAACUCAAAUGAAAGGUUUGGGUGUACUUGGGAUGAGUGGUGUCU
 ((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-32.40)

>CE9_1_1680

#CE9_1_1680

UGGACCAAUUUCUUGGGGCCCAUUCUGCUCUUAUUGAAUCAGUGAGAGUUCUGCCAUUGACUUAUAAUAGGAGCAGAAUUGGGACCUAAGAAGAGAUUCCA
 .(((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-49.50)
 #tgu_CE9_1_1680_ti_1247131027
 CCCAAUUCUGCUCUUAUUGAAUUCAGUGAGAGUCCUGCCAUUGACUUAUAAUUGGGAGCAGAAUUGGG
 ((((((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-32.80)

>CE9_1_54991

#CE9_1_54991

UGGGCCACAGUCACAGCUGGUGUAAAUCAGUGUGAGCUAAUGAAGUCAGUGGAGCUUCUCUGAUUUACACUAGCUGAGGUUAUGGCUCA
 .((((((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-45.90)
 #tgu_CE9_1_54991_ti_1402309860
 CAGCUGGUGUAAAUCAGUAAUAAACUAAUGAAGUCAUUGGAGCUGCUCUGAUUUUACACUAGCUG
 ((((((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-23.72)

>CE5_1_226537

#CE5_1_226537

UGCAAUUGGGCUUGAUCCAAAGCCUGUUUAAGUCAGUGGACUGAUUCCCAUUGACUUAUAAUGGGCUUUGGAUCACACCCUAAUUGCA
 .((((((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-47.60)
 #tgu_CE5_1_226537_ti_1424658476
 UGAUCUAAAGCCUGUUUAAUUCAGUGGACUGAUUCCCAUUGACUUAUAAUGGGCUUUGGAUUA
 ((((((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-24.60)

>CE9_1_79496

#CE9_1_79496

GGCUUUCAGAAAGAGCUCAGCAUUAAGCCUAAUUUUGCUCCAGUGGUUAUCGAAUGAGGCAGAAUUGAGGCUAGAGCUGAGCUUCUGAAAGCU
 ((((((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-47.40)
 #tgu_CE9_1_79496_ti_1286074992
 AGCUCAGCAUCAGCCUAAUUUUGCUCCAGUGGCAUUGAAUGAGGCAGAAUUGAGGCUGGAGCUGAGCU
 ((((((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-38.40)

>CE5_170_752

#CE5_170_752

UAGACUCCUUCGAUGCUUGUAUGCUACUCCCAAGAAUGCUAACAGGAGUUACAUGUAUGCAUCGAGCAGAGACUA
 (((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-25.34)
 #tgu_CE5_170_752_ti_1286163735
 UAGACUCCUUCGAUGCUUGUAUGCUACUCCCAAGAAUGCCAACAGGAGUCCAUGGAUGCAUCGAGCAGAGACUA
 (((...(((((((((((((((((...(((...))))))))))))))...)))))) (-27.90)

New mirtrons

```

>GAPDH.+ .chr1:80092526-80092605
GGGAGGUGCUGGGGAGUCUUUCUGGAAAAAUGACUGCCUUUUUACCUCAGUGCUCUUCUCCUAGACCACCGUCC
((.(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).))))) (-23.10)
>FTRIN.- .chr10:22271057-22271117
GGGUGCACGGGAGGACUGGGGACGUGGCACCAACCUUAACGGGUCCUUUCCUUGCAGGU
...(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).)))))... (-21.20)
>HBEGF.- .chr13:1419189-1419251
GGGAGCGGGCGAGGGAUGCGGUGCGUUCGUGCCAUUCACCGGCCUCUCUCCCGUAGUG
...(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).)))))... (-26.80)
>ANXA6.+ .chr13:13111744-13111815
GGACGGUGAGGGUUGGGGAAGGGCAGGGUAGAGUUAAGGGGAUCUCAGCUCUCCCGAGCCUGAAUUUCC
(((..(((.(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).))))) (-29.50)
>LHX6.- .chr17:9433952-9434042
GCUGCAGGUAGUGGGCUGGGCCAGGGCUGGGUGCGGUGUCAGCCACAACCGUACCCUCUCCUUGCCACCCACAGGUCAUGCA
...(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).)))))... (-36.70)
>CDK2.- .chr18:9051012-9051095
AGGCACAGGUAGUGGGAUGGCUAUGGGGUGGCAAGAGGGUGCCGGGGCUGGCUACCCACUGCCUUCUGCAGGUGGGCCA
.((((..(((.(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).)))))... (-38.20)
>WBSCR22.+ .chr19:73930-73992
CCUCCUGCAGGGAGCGCUGCGGCCGUGCGUGAGCCUGCGCUGCGCUCUCCUGCACAGAUG
..(((..(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).)))))... (-34.00)
>WBSCR27.- .chr19:662469-662546
GGUACGGGGCGGACGGGGCGGGGGAGAGCGGUGCUCCAUCCUCACGUCCGCCCGUCCGUGCCGUGCCGCGAGCU
(((.(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).))))) (-48.10)
>NFRKB.+ .chr24:1568451-1568512
UCUCAUAGUAGGUAAACACAGGAUGCUUACACGUUGCUUGUUGUUUCUUUCAUUUGAAGA
..((((..(((.(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).)))))... (-17.00)
>PIK3C2B.- .chr26:1586290-1586358
GGCAGGUAGGUGGGCUGGAGCGGGCCCAUUAUCCCUCCAUUGGCCUUCUGUCCUCCUGCUCUCC
((..(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).))))) (-30.46)
>PARC.- .chr3:4279292-4279380
AGCAGGUGGGAGCUGCGGCCAGCCGGGGCAGCGGCAUCAGGGAUGCAGACGGAGCUCAGGGUUGCGCUUCCUGCAGGGCG
.(((.(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).)))))... (-37.70)
>TNRC5.+ .chr3:16952470-16952545
CAGCAGGUGUGGGGAUGGGCUCAGGGCUUGCUGCCACGUGCUGGUGGCCAGGCUUGCCUCCUGCCAGUGCGA
..(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).)))))... (-29.90)
>TBE2A.- .chr4:16683254-16683323
GGGAGGCGGGCGCGGGGUGGUGGGCGCGCUGUAACGUGUGCUCUGCUUUCUCCCGCAGGCC
(((..(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).))))) (-34.90)
>CCNA2.+ .chr4:55473432-55473504
GCCAUUUGGGGCGGGGAGCUGUCAGGGCGGUGUCAGGCGCGCUGACGGACCGUCCCGCAGGCGG
(((..(((.((..(((((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).))))) (-40.50)
>Hspca.- .chr5:51983783-51983866
CAGAAAUUGCAUUGGAGGCACAUAAAGGCUUUGAGUUUCAGGAUAAACAUUAAUGGUCCUUUUUGCUUCUGCGCAGGCAUUG
.....((((..(((.(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).)))))... (-19.80)
>RRP12.+ .chr6:23780662-23780736
GCUGCUGCGGGAGGGGAUGAGGCUUGUCCUGCAUCUGACUGUGCGUGGGCUCUUUCUCCUAGCCCCGGC
(((..(((((((((((.((..((..(((((.....)))))).))..)).....)))))).))))) (-32.01)

```

>AP1S2.+.chr1:125276272-125276345
CGGUGAGCACCGCCGCGCGGGGACGGACUCGCCUCCUCAGAGCCUCCUGCCCCGCGCUGCGGGACCCGCGUC
(((((((.....((((((((((.....))))).))))).))))))..)))))) (-38.10)

>DHX30.-.chr2:625612-625684
CCUGAAGUGAGGUGGGUCUGAGGAUGGAUUAUUUGUGUAUCAAACUGUUCUCUCCAUAGCCGAGG
(((((((.....((((((((((.....((((((.....))))).)))))))).))))))..)))))) (-24.70)

>Ccn12.+.chr21:2197500-2197561
UAAGCUGUUGGAGGAGACGAGCUUCAAUUUGAGCAGAACCUCAGUCUCUUGCAAUUGCUUA
(((((((.....((((((((((.....))))).)))))))).))))))..)))))) (-22.20)

>Scmh1.+.chr23:1213445-1213505
UUGGGGAUGGGGAUGGUGCUGACUGCCAGCUCUGAUGGCGCUGCGCUUUCUCAUCCCGGC
.(((((((((((.....((((((.....))))).))))).)))))).. (-29.20)

>RPUSD4.-.chr24:315408-315471
UCCUGCUGGAUGUGCAAAGGGCUGUGGCAGCAUUGUGCAGACCUUUGCUUUUCCUUUGCAGGG
.(((((((.....((((((((((.....))))).)))))))).))))))..)))))) (-29.20)

>WNT3.+.chr27:1117229-1117291
GGUUGGGAAGGAACAAGCAUGGACUUGGCACAUAAACCACAUGGCUUCUGCUCCUCCAGCC
(((((((((((.....((((((((((.....))))).))))).))))))..)))))) (-29.10)

>ADAMTS10.-.chr28:1360196-1360279
CACUGGGGCUUGGGGACACCAUCAGAAACGCCACAGCUGUGCUGGAUUCUGUGGCACUGAUGUGUUCACAGGUCCUGUG
((((((((((((((((((((((((((((((((.....((((((((((.....))))).)))))))).))))))..)))))) (-37.40)

>HSD11B1L.+.chr28_random:35314-35410
GAGCGGGACGGAGGCGGGCGGGCUUCUCCUGCCGGACGUUCGGUGCCCCUCCUUCCUCCCGAGGGAAGAUACCCACCCCUUACCACCUC
(((((((.....((((((((((.....((((((((((.....))))).)))))))).))))))..)))))) (-47.60)

>NRXN1.+.chr3:6459627-6459716
AGGUAAAGCACCAUUAAGCUUAGCUUCCGCCACGCCCCCUUUGCGUAGUGGAGGGGACGGGUAGGAGGUCAGGCCUGCAUGGAGUUUAUCU
((((((((((((((((((((((((((((((((.....((((((((((.....))))).)))))))).))))))..)))))) (-37.50)

