

Supplementary Table 4 hsa-miR-133a-2 aligned reads

GGGAGCCAAATGCTTTGCTAGAGCTGGTAAATGGAACCAAATCGACTGTCCAATGGATTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGTGCATTGATGGCGCCG	Precursor miRBase 3p entry
TTTGGTCCCTTCAACCAGCTG	Sum counts
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCTGT.....	264,516
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGCTGT.....	192,568
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGCTG.....	21,061
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCTGTA.....	18,422
.....TGGTCCCTTCAACCAGCTGT.....	15,132
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAG.....	10,156
.....TTGGTCCCTTCAACCAG.....	9,365
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCTG.....	8,660
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGCTGTA.....	7,277
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGCT.....	4,116
.....TTTGGTCCCTTCAACCAG.....	3,790
.....TTTGGTCCCTTCAACCA.....	3,109
.....TGGTCCCTTCAACCAGCTGTA.....	1,891
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAG.....	1,858
.....TGGTCCCTTCAACCAGCTGTAG.....	1,489
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCT.....	1,478
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGC.....	1,352
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGC.....	1,081
.....TTGGTCCCTTCAACCAGC.....	822
.....TGGTCCCTTCAACCAGCTG.....	718
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGC.....	408
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCT.....	391
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCT.....	262
-----AGCTGGTAAATGGAACCAA-----	198
-----AGCTGGTAAATGGAACCAAAT-----	195
.....GGTCCCTTCAACCAGCTGT.....	180
.....TGGTCCCTTCAACCAGC.....	152
-----TCCCCTTCAACCAGCTGT-----	132
-----CCCCTTCAACCAGCTGTA-----	119
.....TGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGC.....	90
-----GTCCCCTTCAACCAGCTGT-----	89
.....TGGTCCCTTCAACCAGCT.....	64
-----AGCTGGTAAATGGAACCAA-----	57
-----CCCTTCAACCAGCTGTAGC-----	52
.....ATTGGTCCCTTCAACCAGCTGT.....	49
-----AGCTGGTAAATGGAACCAAATC-----	48
-----TCCCCTTCAACCAGCTGTA-----	30
-----CCTTCAACCAGCTGTAGC-----	28
-----AGCTGGTAAATGGAACC-----	25
.....GGTCCCTTCAACCAGCTGTAG.....	24
.....GGTCCCTTCAACCAGCTGTA.....	18
-----AGCTGGTAAATGGAACCA-----	16
.....GGTCCCTTCAACCAGCTG.....	16
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCTG.....	15
-----CCCTTCAACCAGCTGTAG-----	15
-----GCTGGTAAATGGAACCAAAT-----	14
-----GCTGGTAAATGGAACCAAATC-----	12
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGT.....	11
.....ATTGGTCCCTTCAACCAGCTG.....	10
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGTG.....	10
-----GAGCTGGTAAATGGAACCAA-----	9
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGT.....	9
.....TTTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGTGC.....	9
-----GTCCCCTTCAACCAGCTGTA-----	8
-----TCCCCTTCAACCAGCTGTAG-----	8
-----CCCCTTCAACCAGCTGTAG-----	8
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGTGC.....	7
.....TGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCT.....	7
-----GTCCCCTTCAACCAGCTG-----	7
-----GCTGGTAAATGGAACCAA-----	6
.....TTGGTCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGTG.....	6
-----GAGCTGGTAAATGGAACCAA-----	5
.....GATTGGTCCCTTCAACCAGCTGT.....	5

-----CCCCTTCAACCAGCTGTAGC-----	5
-----CTTCAACCAGCTGTAGCT-----	5
-----TGGTAAATGGAACCAATCGA-----	4
-----TGGATTGGTCCCCTTCAACCAGCTGT-----	4
.....ATTGGTCCCCTTCAACCAGCTGTAG.....	3
.....TTTGGTCCCCTTCAACCAGCTGTAGCTG.....	3
-----GTCCCCTTCAACCAGCTGTAG-----	3
.....GGTCCCCTTCAACCAGCT.....	3
-----TGGTAAATGGAACCAAA-----	2
-----ATGGATTGGTCCCCTTCAACCAGCTGT-----	2
.....TGGTCCCCTTCAACCAGCTGTAGCTG.....	2
.....TGGTCCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGT.....	2
.....GGTCCCCTTCAACCAGCTGTAGC.....	2
-----TCCCCTTCAACCAGCTGTAGCT-----	2
-----AGCTGTGCATTGATGGCGC-----	2
--GAGCCAAATGCTTTGCTAG--	1
--GAGCCAAATGCTTTGCTAGA--	1
-----GAGCTGGTAAATGGAAC-----	1
-----GAGCTGGTAAATGGAACC-----	1
-----GAGCTGGTAAATGGAACCA-----	1
-----GAGCTGGTAAATGGAACCAAAT-----	1
-----GCTGGTAAATGGAACCAATCG-----	1
-----CTGGTAAATGGAACCAA-----	1
-----TGGTAAATGGAACCAAATCGACTGT-----	1
-----TGGTAAATGGAACCAAATCGACTGTCC-----	1
-----CCAAATCGACTGTCCAATGGATT-----	1
-----CCAATGGATTGGTCCCCTTCAACCAGCTG-----	1
-----CAATGGATTGGTCCCCTTCAACCAGCTGT-----	1
.....GGATTGGTCCCCTTCAACCAGCT.....	1
.....GGATTGGTCCCCTTCAACCAGCTGT.....	1
.....GATTGGTCCCCTTCAACC.....	1
.....GATTGGTCCCCTTCAACCAGCTGTA.....	1
.....ATTGGTCCCCTTCAACCAG.....	1
.....ATTGGTCCCCTTCAACCAGC.....	1
.....ATTGGTCCCCTTCAACCAGCT.....	1
.....ATTGGTCCCCTTCAACCAGCTGTA.....	1
.....TTGGTCCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGTGCA.....	1
.....TTGGTCCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGTGCAT.....	1
.....TTGGTCCCCTTCAACCAGCTGTAGCTGTGCATTG.....	1
-----GTCCCCTTCAACCAGCTGTAGC-----	1
-----TAGCTGTGCATTGATGGCGC-----	1
-----AGCTGTGCATTGATGGCG-----	1