

A. ath-MIR398c

DR359082 TGGATCTCGACAGGGTTGATATGAGAACACACGAGCAATCAACGGCTATAACGACGCTAC
DR359083 TGGATCTCGACAGGGTTGATATGAGAACACACGAGCAATCAACGGCTATAACGACGCTAC
ath-MIR398c tggatctcgacagggttgatatgagaacacacgagcaatcaacggctataacgacgctac
Substitution

DR359082 GTCATTGTTACAGCTCTCATTTTCATGTGTTCTCAGGTCACCCCTGCTGAGCTCTT
DR359083 GTCATTGTTACAGCTCTCATTTCAAGTGTTCTCAGGTCACCCCTGCTGAGCTCTT
ath-MIR398c gtcattgttacagctctcgtttcaTGTGTTCTCAGGTCACCCCTGctgagctctt
Substitution * *

B. ath-MIR835

BX818094 TGCTCGATTCTTCAGAAAGAAATTCTGGTCATCTTTGTGTTTAGGCTTTTTCTTGCATGT
EG450195 TGCTCGATTCTTCAGATAGAAATTCTGGTCATCTTTGTGTTTAGGCTTTTTCTTGCATAT
EG476863 TGCTCGATTCTTCAGATAGAAATTCTGGTCATCTTTGTGTTTAGGCTTTTTCTTGCATAT
EG476865 TGCTCGATTCTTCAGATAGAAATTCTGGTCATCTTTGTGTTTAGGCTTTTTCTTGCATAT
EF183269 TGCTCGATTCTTCAGATAGAAATTCTGGTCATCTTTGTGTTTAGGCTTTTTCTTGCATAT
ath-MIR835 tgctcgattcttcagatagaaattctggtcacatctttgtgtttaggcttttTCTTGCATAT
Substitution * *

BX818094 GTTCTTTATCTCTATTGATTGATATTGTTCAATGAGCAACATACTTTTTCTTCTACCTG
EG450195 GTTCTTTATCTCTATTGATTGATATTGTTCAATGAGCAACATACTTTTTTTTTTACCTG
EG476863 GTTCTTTATCTCTATTGATTGATATTGTTCAATGAGCAACATACTTTTTCTTCTACCTG
EG476865 GTTCTTTATCTCTATTGATTGATATTGTTCAATGAGCAACATACTTTTTCTTCTACCTG
EF183269 GTTCTTTATCTCTATTGATTGATATTGTTCAATGAGCAACATACTTTTTCTTCTACCTG
ath-MIR835 GTTCTTTATCtctattgattgatattgttcaatgagcaacatacttttctctctacctg
Substitution * * *

BX818094 GATTTGTTTGATGGTTTTAAGAACTCTGTTCTTTTTGACGTTTTACCCAACAATATAACT
EG450195 GATTTGTTTGATGGTTTTAAGAACTCTGTTCTTTTTGACGTTTTACCCAACAATATAACT
EG476863 GATTTGTTTGATGGTTTTAAGAACTCTGTTCTTTTTGACGTTTTACCCAACAATATAACT
EG476865 GATTTGTTTGATGGTTTTAAGAACTCTGTTCTTTTTGACGTTTTACCCAACAATATAACT
EF183269 GATTTGTTTGATGGTTTTAAGAACTCTGTTCTTTTTGACGTTTTACCCAACAATATAACT
ath-MIR835 gatttgtttgatggTTTTAAGAACTCTGTTCTTTTTGACGTTTTACCCAACAATATAACT
Substitution

BX818094 TCTGTTGTAGTCATCTTCTGCTGCAACCCATCCACAAAGCTTTTCATGCAAGATTAACC
EG450195 TCTGTTGTAGTCATCTTTGCTGCAACCCATCCACAAAGCTTATCATGCAAGATTAACC
EG476863 TCTGTTGTAGTCATCTTTGCTGCAACCCATCCACAAAGCTTATCATGCAAGATTAACC
EG476865 TCTGTTGTAGTCATCTTCTGCTGCAACCCATCCACAAAGCTTATCATGCAAGATTAACC
EF183269 TCTGTTGTAGTCATCTTCTGCTGCAACCCATCCACAAAGCTTATCATGCAAGATTAACC
ath-MIR835 tctgttgtagtcacatcttctgctgcaacccatccacaaagcttattcatgcaagattaaacc
Substitution * *

BX818094 CTTTCTCGATGGGTTGCAAGAGAACATAACTAAAATAGAAGTAACATTGTTGGGGAAAAA
EG450195 CTTTCTCGATGGGTTGCAAGAGAACATCACTAAAATAGAAGTAACATTGTTGGGGAAAAA
EG476863 CTTTCTCGATGGGTTGCAAGAGAACATCACTAAAATAGAAGTAACATTGTTGGGGAAAAA
EG476865 CTTTCTCGATGGGTTGCAAGAGAACATCACTAAAATAGAAGTAACATTGTTGGGGAAAAA
EF183269 CTTTCTCGATGGGTTGCAAGAGAACATCACTAAAATAGAAGTAACATTGTTGGGGAAAAA
ath-MIR835 ctttctcgatgggTTGCAAGAGAACATCACTAAAATAGAAGTAACATTGTTGGGGAAAAA
Substitution *

BX818094	CGTCACAAATCCAGGTGTTAGAGAATAGGATGCTGATCGTTGAAAATTACTATCTATAAA
EG450195	CGTCACGAATCCAGGTATTAGAGAATAGGATGCTGATCGTTGAAAATAACTATCTATAAA
EG476863	CGTCACGAATCCAGGTATTAGAGAATAGGATGCTGATCGTTGAAAATAACTATCTATAAA
EG476865	CGTCACGAATCCAGGTATTAGAGAATAGGATGCTGATCGTTGAAAATAACTATCTATAAA
EF183269	CGTCACGAATCCAGGTATTAGAGAATAGGATGCTGATCGTTGAAAATAACTATCTATAAA
ath-MIR835	cgtcacaatccaggtattagagaataggatgctgatcgttgaaaataactatctataaa
Substitution	* * *

BX818094	GATGGAGAAGATACGCAAGAAAGAGTTGTATACACAAAGC
EG450195	GATGGAGAAGATACGCAAGAAAGAGTTGTAAACACAAAGC
EG476863	GATGGAGAAGATACGCAAGAAAGAGTTGTAAACACAAAGC
EG476865	GATGGAGAAGATACGCAAGAAAGAGTTGTAAACACAAAGC
EF183269	GATGGAGAAGATACGCAAGAAAGAGTTGTAAACACAAAGC
ath-MIR835	gaTGGAGAAGATACGCAAGAAAGagttgtaaacacaaagc
Substitution	*

C. ath-MIR860

AV785609 #####CTTGGGGA-ATTCAAGATATATAGTCCAATCTATTGAAGTACTAGTACACCAGCTC
BP647171 ATGTCTTGGTTAAATTCAATATATATAGTCCCATCTATTGAAGTACTAGTACACCAGCTC
BP596532 ATGTCTTGGTTAAATTCAATATATATAGTCCCATCTATTGAAGTACTAGTACACCAGCTC
AV439790 ATGTCTTGGTTAAATTCAATATATATAGTCCAATCTATTGAAGTACTAGTACGCCAGCTC
BP638182 ATGTCTTGGTTAAATTCAATATATATAGTCCAATCTATTGAAGTACTAGTACACCACCTC
AV542165 ATGTCTTGGTTAAATTCAATATATATAGTCCAATCTATTGAAGTACTAGTACACCAGCTC
AV544231 ATGTCTTGGTTAAATTCAATATATATAGTCCAATCTATTGAAGTACTAGTACACCAGCTC
ath-MIR860 atgtccttggttaaattcaatataatagtccttgaagtactagtacaccagctc
Substitution ** * * * *

AV785609 TAATAAGCTGATGTGGGTAAGTAGTTCAATAGATT-GACTATGTATATTAATTTGACTA
BP647171 TAATAAGCTGATGTGGGTAAGTAGTTCAATAGATTGGACTATGTATATTAATTTGACTA
BP596532 TAATAAGCTGATGTGGGTAAGTAGTTCAATAGATTGGACTATGTATATTAATTTGACTA
AV439790 TAATAAGCTGATGTGGGTAAGTAGTTCAATAGATTGGACTATGTATATTAAGTTGACTA
BP638182 TAATAAGCTGATGTGGGTAAGTAGTTCAATAGATTGGACTATGTATATTAATTTGACTA
AV542165 TAATAAGCTGATCTGGGTAAGTAGTTCACTAGATTGGACTATGTATATTAATTTGCCTA
AV544231 TAATAAGCTGATGTGGGTAATAGTTCAATAGATTGGACTATGTATATTAATTTGACTA
ath-MIR860 taataagctgatgtgggtaagtagtTCAATAGATTGGACTATGTATattaatTTGacta
Substitution * * * * *

AV785609 AGAGAT
BP647171 AGAGAT
BP596532 AGAGAT
AV439790 AGAGAT
BP638182 AGAGAT
AV542165 AGAGCT
AV544231 AGAGAT
ath-MIR860 agagat
Substitution *