

**Supplementary information, Table S4** Potential mammalian genes identified as MIR168a targets.

cDNA ID	Name	Binding site	Identical number	Score	cDNA length	Start	End
ENST00000375759	SPEN	1 TCGCTTGGTGCAGAT 15         3927 TCGCTTGGTGCAGAT 3913	15	0.714	12227	3913	3927
ENST00000322366	WDFY3	7 GGTGCAGATCGGGA 20         7838 GGTGCAGATCGGGA 7825	14	0.667	14264	7825	7838
ENST00000295888	WDFY3	7 GGTGCAGATCGGGA 20         7889 GGTGCAGATCGGGA 7876	14	0.667	14315	7876	7889
ENST00000380250	FRY	3 GCTTGGTGCAGATC 16         9431 GCTTGGTGCAGATC 9418	14	0.667	10717	9418	9431
ENST00000380257	FRY	3 GCTTGGTGCAGATC 16         9458 GCTTGGTGCAGATC 9445	14	0.667	10744	9445	9458
ENST00000380226	FRY	3 GCTTGGTGCAGATC 16         1783 GCTTGGTGCAGATC 1770	14	0.667	3043	1770	1783
ENST00000267067	FRY	3 GCTTGGTGCAGATC 16         8719 GCTTGGTGCAGATC 8706	14	0.667	10005	8706	8719
ENST00000380217	FRY	3 GCTTGGTGCAGATC 16         500 GCTTGGTGCAGATC 487	14	0.667	650	487	500
ENST00000361215	PPP1R3E	6 TGGTGCAGATCGGG 19         476 TGGTGCAGATCGGG 463	14	0.667	4495	463	476
ENST00000262316	RHBDF1	5 TTGGTGCAGATCGG 18         1838 TTGGTGCAGATCGG 1825	14	0.667	2953	1825	1838
ENST00000338527	RHBDF1	5 TTGGTGCAGATCGG 18         1923 TTGGTGCAGATCGG 1910	14	0.667	3038	1910	1923
ENST00000374338	LDLRAP1	2 CGCTTGGTGCAGA 14         566 CGCTTGGTGCAGA 554	13	0.619	2935	554	566
ENST00000263257	NOVA2	2 CGCTTGGTGCAGA 14         119 CGCTTGGTGCAGA 107	13	0.619	1857	107	119

ENST00000245816	CLPP	7 GGTGCAGATCGGG 19 	13	0.619	1151	546	558
		558 GGTGCAGATCGGG 546 3 GCTTGGTGCAGAT 15 					
ENST00000395045	MATK	960 GCTTGGTGCAGAT 948 3 GCTTGGTGCAGAT 15 	13	0.619	2078	948	960
ENST00000315548	MATK	622 GCTTGGTGCAGAT 610 3 GCTTGGTGCAGAT 15 	13	0.619	1740	610	622
ENST00000310132	MATK	1019 GCTTGGTGCAGAT 1007 3 GCTTGGTGCAGAT 15 	13	0.619	2137	1007	1019
ENST00000395040	MATK	796 GCTTGGTGCAGAT 784 4 CTTGGTGCAGATC 16 	13	0.619	1914	784	796
ENST00000325464	MED16	1909 CTTGGTGCAGATC 1897 4 CTTGGTGCAGATC 16 	13	0.619	2922	1897	1909
ENST00000395808	MED16	1891 CTTGGTGCAGATC 1879 4 CTTGGTGCAGATC 16 	13	0.619	3068	1879	1891
ENST00000312090	MED16	1891 CTTGGTGCAGATC 1879 4 CTTGGTGCAGATC 16 	13	0.619	3125	1879	1891
ENST00000269814	MED16	1891 CTTGGTGCAGATC 1879 3 GCTTGGTGCAGAT 15 	13	0.619	2875	1879	1891
ENST00000346473	DDIT	686 GCTTGGTGCAGAT 674 2 CGCTTGGTGCAGA 14 	13	0.619	909	674	686
ENST00000358637	ASTN2	1955 CGCTTGGTGCAGA 1943 2 CGCTTGGTGCAGA 14 	13	0.619	3411	1943	1955
ENST00000369682	PLXNA3	1053 CGCTTGGTGCAGA 1041 8 GTGCAGATCGGGA 20 	13	0.619	6745	1041	1053
ENST00000328831	ATP2B3	1243 GTGCAGATCGGGA 1231 8 GTGCAGATCGGGA 20 	13	0.619	3513	1231	1243
ENST00000393842	ATP2B3	1479 GTGCAGATCGGGA 1467 8 GTGCAGATCGGGA 20 	13	0.619	4064	1467	1479
ENST00000370186	ATP2B3		13	0.619	6742	1389	1401

		1401 GTGCAGATCGGGA	1389					
ENST00000359149	ATP2B3	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	6574	1231	1243
		1243 GTGCAGATCGGGA	1231					
ENST00000370181	ATP2B3	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	6532	1189	1201
		1201 GTGCAGATCGGGA	1189					
ENST00000349466	ATP2B3	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	4280	1431	1443
		1443 GTGCAGATCGGGA	1431					
ENST00000263519	ATP2B3	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	6420	1231	1243
		1243 GTGCAGATCGGGA	1231					
ENST00000316366	NAALADL2	5 TTGGTGCAGATCG	17	13	0.619	4795	304	316
		316 TTGGTGCAGATCG	304					
ENST00000254508	NUP210	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	7191	4380	4392
		4392 GTGCAGATCGGGA	4380					
ENST00000352432	ATP2B2	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	6669	1367	1379
		1379 GTGCAGATCGGGA	1367					
ENST00000343816	ATP2B2	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	6762	1460	1472
		1472 GTGCAGATCGGGA	1460					
ENST00000360273	ATP2B2	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	6804	1502	1514
		1514 GTGCAGATCGGGA	1502					
ENST00000383800	ATP2B2	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	8900	1560	1572
		1572 GTGCAGATCGGGA	1560					
ENST00000342354	ATP2B2	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	3916	1502	1514
		1514 GTGCAGATCGGGA	1502					
ENST00000397077	ATP2B2	8 GTGCAGATCGGGA	20	13	0.619	8964	1624	1636
		1636 GTGCAGATCGGGA	1624					
ENST00000401915	AP000281.1	3 GCTTGGTGCAGAT	15	13	0.619	316	84	96
		96 GCTTGGTGCAGAT	84					
ENST00000292211	UBE2Q1	4 CTTGGTGCAGATC	16	13	0.619	3223	1303	1315
		1315 CTTGGTGCAGATC	1303					

ENST00000402058	RP11-481A12.5	1 TCGCTGGTGCAG 13                     141 TCGCTGGTGCAG 129	13	0.619	2455	129	141
ENST00000402038	PARG	1 TCGCTGGTGCAG 13                     39 TCGCTGGTGCAG 27	13	0.619	3986	27	39
ENST00000399369	PARG	1 TCGCTGGTGCAG 13                     300 TCGCTGGTGCAG 288	13	0.619	2001	288	300

---